

MEJORA GENÉTICA DE *Pinus pinaster* AIT. PARA LA PRODUCCIÓN DE MIERA

W. TADESSE¹; F. AUÑÓN²; M.A. PRADA²; L. GIL²; R. ALÍA¹; J.A. PARDOS²

¹ Departamento de Mejora Genética y Biotecnología, INIA, apdo. 8111, 28080 Madrid.

² Unidad de Anatomía, Fisiología y Genética, ETSIM, Ciudad Universitaria s/n, 28040 Madrid.

RESUMEN

En 1994 se inició el programa de mejora genética de *Pinus pinaster* Ait. grandes productores de miera en los montes resineros de Segovia. Se establecieron 2 parcelas de progenies y un banco clonal. En la población de evaluación se llevaron a cabo diferentes estudios como la evaluación de la producción de miera, cruzamientos controlados y evaluación precoz (minirresinación).

Los datos obtenidos permiten definir dos estrategias de mejora para incrementar la producción de resina. En la primera se propone establecer un huerto semillero clonal con los 20 mejores árboles de la población de evaluación y con estos se obtendría una ganancia de 69 % manteniendo una alta diversidad genética (probabilidad de parentesco <2,5%).

La segunda estrategia, de uso a largo plazo, parte de los ensayos de progenies. Se propone elegir las 60 mejores familias y un árbol por familia. Con esta selección se estima obtener ganancias de 103 % y con alta diversidad genética (0,8 %). Estos árboles constituirán la *población de producción* del programa. Con esta población se establecerá un huerto semillero clonal y las semillas mejoradas serán destinadas a las repoblaciones.

P.C.: *Pinus pinaster*, ganancia, diversidad, estrategia.

SUMMARY

Genetic improvement of high resin yielders of *Pinus pinaster* started in 1994, in natural stands of Segovia province. Two progeny trials and a clonal bank were established. From the evaluation population controlled evaluations of high resin yielders, cross-pollination, early evaluation (micro-chipping) studies have been carried out.

The results allow defining two strategies to improve resin yield. A clonal seed orchard with the 20 best genotypes from the evaluation population is proposed as the first strategy, and is estimated to obtain 69% of genetic gain maintaining high genetic variability (parentage probability <2,5%).

The second strategy is prepared for the progeny test families, as part of long term breeding program. It is proposed to select the 60 best families and a single tree per family, estimating 103% of genetic gain with high genetic diversity (0,8%). These trees will constitute the *production population* of the program. Clonal seed orchard will be established from these populations and the improved seed could be used to reforestation programs.

K.W.: *Pinus pinaster*, gain, diversity, strategy.

INTRODUCCIÓN

En España, *Pinus pinaster* es la especie del género *Pinus* que ocupa mayor superficie forestal, distribuida en varias regiones del país, con más de 1 millón de hectáreas de las cuales, aproximadamente, el 60 % corresponde a pinares de repoblación. La especie presenta importante diversidad genética entre sus distintas poblaciones (Salvador *et al.*, 2000) y gran variabilidad entre las diferentes procedencias (Alía, 1989).

Desde la introducción de las técnicas de resinación en España en 1848, la producción de miera ha sido uno de los más valiosos aprovechamientos de *Pinus pinaster*, llegándose a resinar en 18 provincias y alcanzando producciones máximas en 1961 con 56.000 Tm. Posteriormente la producción fue descendiendo, registrándose un mínimo entre los años 1991 y 1993 con producciones inferiores a 2.000 Tm (Bordons, 1996). En las últimas campañas esta producción aumentó ligeramente, superándose las 3.000 Tm en los años 1996 y 1997, de las cuales el 97% se produjo en Castilla y León y correspondiendo el 68 % a los pinares negrales segovianos (MAPA, 1999).

En el año 1994 se inició en España un programa de mejora genética de *Pinus pinaster*, basado en la existencia de pies grandes productores de miera en los montes resineros de Segovia (Prada *et al.*, 1996; Gil, 1998). Inicialmente se eligieron 2995 pinos en los que se suponían una elevada producción en el monte. De esta selección inicial, la población de mejora quedó formada por 143 árboles. Con ellos se establecieron 2 parcelas de progenies (con semillas de polinización abierta de 118 árboles), un banco clonal (59 clones con 225 ramets) y un huerto semillero. De la población de mejora se eligieron 54 árboles (población de evaluación) donde se centraron los diferentes estudios necesarios para la mejora, como son la evaluación de la producción de miera de los árboles grandes productores, cruzamientos controlados, evaluación precoz de su producción y estudio de la composición química de la miera (Tadesse *et al.*, 2001b).

EVALUACIÓN CONTROLADA DE LA PRODUCCIÓN DE LOS ÁRBOLES GRANDES PRODUCTORES DE MIERA

La evaluación controlada de la producción de miera se realizó en los 51 árboles de la población de evaluación en las campañas de resinación de 1998 y 1999 de los pinares de Segovia. Para cada uno de éstos árboles se eligieron como controles 10 árboles próximos, considerados como productores normales y con características de tamaño y forma similares a las del gran productor seleccionado. La superioridad de los árboles fue evaluada por la intensidad de selección.

En estas evaluaciones 3 árboles han obtenido intensidad de selección (promedio de los dos años) mayor de 4 (1 árbol elegido entre 10.000 árboles) y 28 árboles (55 %) tuvieron intensidad de selección mayor de 2. En términos de producción, y teniendo en cuenta que la producción media de los pinares segovianos es de 3,5-3,8 kg/árbol/año, 10 de los árboles evaluados (20 %) produjeron más de 10 kg de resina/año, de los cuales uno produjo 26,1 y 24,1 kg de resina en el primer y segundo año de evaluación respectivamente.

En 1999 y 2000 se ha realizado la evaluación precoz de la producción de miera por la minirresinación en árboles injertados (en 69 ramets y 17 clones) con el fin de evaluar la bondad de la selección fenotípica realizada en campo, así como estimar la heredabilidad clonal de la producción de miera.

En estas evaluaciones se ha obtenido alta correlación ($r=0,63$; $\alpha=0,05$) entre la superioridad del ortet (árbol seleccionado en monte) y la producción media de sus ramets (evaluados mediante minirresinación) y esto demuestra la eficacia de ambos métodos de evaluación en los programas de mejora de la especie *Pinus pinaster*. La heredabilidad clonal para la producción de resina se ha estimado en un valor de 0,5 (Tadesse *et al.*, 2001a).

ESTRATEGIA DE MEJORA PARA INCREMENTAR LA PRODUCCIÓN DE MIERA

Un programa de mejora genética busca el aumento u optimización de algunos caracteres de una población que tienen importancia económica, paisajista, etc. El desarrollo del programa se lleva a cabo siguiendo una estrategia de mejora, con el objetivo de maximizar las ganancias genéticas por

unidad de tiempo con gastos de ejecución razonables y manteniendo la diversidad genética en las siguientes generaciones.

En los diseños de estrategias avanzados en el campo de la mejora genética forestal se realizan comparaciones y optimizaciones con la ayuda de modelos matemáticos (Lindgren, 2000) y simulaciones (Mullin y Park, 1995). Con estos métodos se pueden estimar las ganancias y diversidad genéticas a partir de una población de mejora, y permiten seleccionar el número efectivo de individuos para la población de producción.

En nuestro caso, basándonos en los trabajos realizados y los resultados obtenidos durante el desarrollo del programa, se ha diseñado una estrategia de mejora a seguir para incrementar la producción de miera en los pinares resineros de Segovia. Se han preparado dos estrategias de mejora: una para la población de evaluación (estrategia a corto plazo) y otra para la población de ensayos de progenies (estrategia a largo plazo).

Estimación de ganancia y diversidad genética

La estimación de la ganancia genética se ha determinado a partir del programa realizado por Lindgren (2000) y queda simplificada por las siguientes formulas:

Para la estrategia I (selección clonal):

$$G = \frac{i \sigma_A}{\sqrt{\sigma_A^2 + \sigma_E^2 / n}}$$

Para estrategia II (selección familiar):

$$G = \left(\frac{i_f (0.25 + 0.75 / N) \sigma_A}{\sqrt{0.25 \sigma_A^2 + \frac{0.75 \sigma_A^2 + \sigma_E^2}{N}}} + \frac{i_w 0.75 (1 - 1 / N) \sigma_A}{\sqrt{0.75 (1 - 1 / N) \sigma_A^2 + \sigma_E^2}} \right)$$

Donde: i es la intensidad de selección (i_f entre y i_w dentro de la familia), σ_A es la desviación estándar, σ_A^2 es varianza aditiva, σ_E^2 es varianza ambiental, N es el número de individuos seleccionados y n número de ramets.

La estimación de la diversidad genética (promedio de parentesco) esta expresada por la probabilidad de que los genes tomados al azar de los parientes sean idénticos por la descendencia, y se ha determinado por la siguiente formula (Mullin y Park, 1995; Rosvall, 1999):

$$\Theta = 0,5 / N$$

Donde: N es el número de árboles efectivos elegidos.

Estrategia I (población de evaluación)

Se han realizado estimaciones de la ganancia y diversidad genética para los 51 árboles grandes productores evaluados en el monte. Para la estimación se han simulado diferentes niveles de selección entre 10 hasta 50 árboles como número efectivo de árboles para seleccionar y suponiendo 4 ramets por clon. Seleccionando los 20 mejores árboles por su superioridad en las evaluaciones en el monte se puede obtener una ganancia de 69 % con una probabilidad de encontrar descendencias emparentadas de 2,5 % (figura 1).

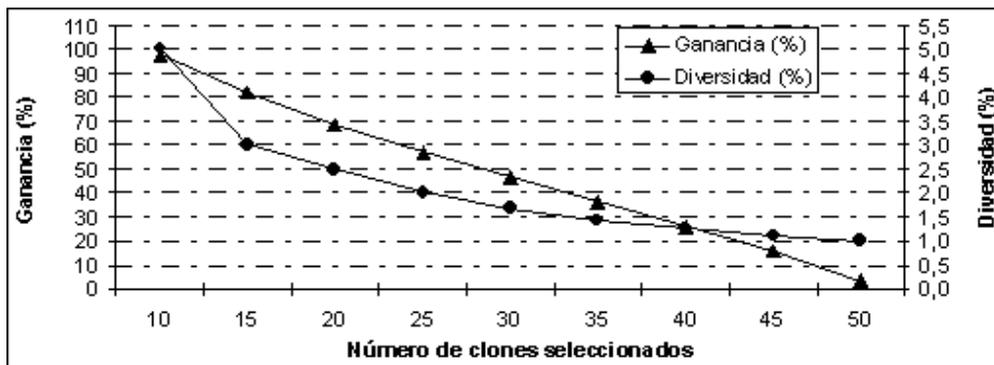


Figura 1. Estimación de ganancia y diversidad genética para las poblaciones de evaluación.

Las actividades que se van a realizar en esta estrategia con los 20 árboles seleccionados esta resumido en la figura 3.

Estrategia II (población de los ensayos de progenies)

La estimación de la ganancia y diversidad se ha realizado para las 118 familias y 32 individuos por familia y 1 árbol por familia (el mejor individuo entre la familia, selección familiar). La estimación se ha realizado para diferentes niveles de selección: entre 10 hasta 110 familias (figura 2).

Considerando una selección de las 60 mejores familias y un individuo por familia se pueden obtener ganancias de 103 % con alta diversidad genética (0,8 % de probabilidad de parentesco).

Figura 2. Estimación de ganancia y diversidad genética para las poblaciones de los ensayos de progenies.

Los 60 árboles seleccionados constituirán la *POBLACIÓN DE PRODUCCIÓN*. Un número inicial de los 60 árboles en un huerto semillero, permite mantener alta variación genética, disminuir la endogamia y obtener suficiente polen en la época de la floración femenina y así poder obtener semillas todos los años (Lindgren, 1974). Las principales actividades que se van a realizar en esta estrategia están resumidas en la figura 3.

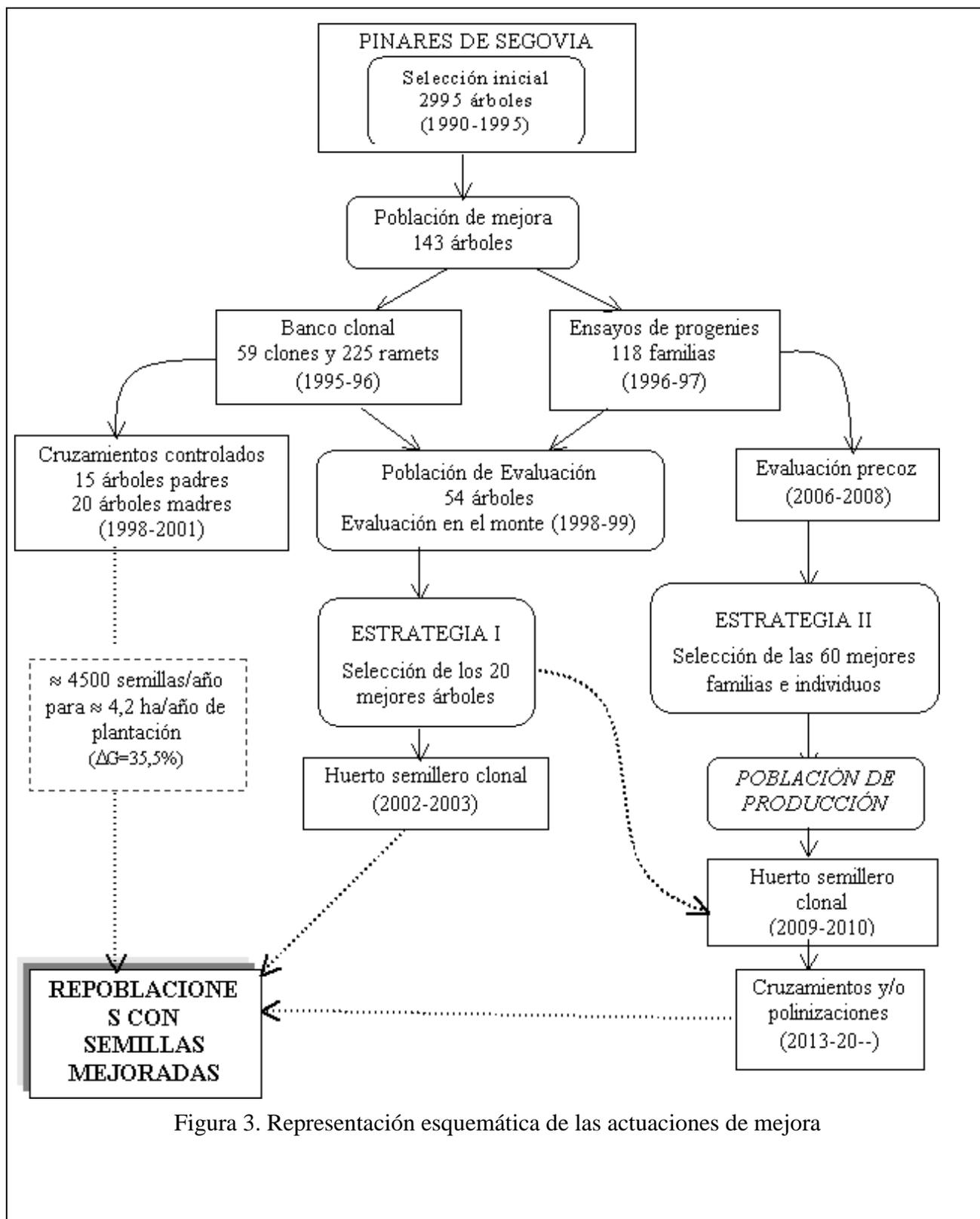


Figura 3. Representación esquemática de las actuaciones de mejora

CONCLUSIONES

En el presente trabajo, como en cualquier programa de mejora, se pretende obtener material forestal de reproducción mejorado para su empleo en las repoblaciones. La alta heredabilidad estimada y los altos valores de intensidad de selección permiten asegurar el éxito de la implementación de las técnicas de mejora para la obtención de genotipos superiores y aumentar en un futuro los rendimientos de producción de miera de los pinares de Segovia. Para ello se han diseñado dos estrategias de respuesta a corto y a largo plazo en las que se mantienen altos niveles de diversidad genética.

AGRADECIMIENTOS

Nuestro agradecimiento al Servicio de Medio Ambiente y O.T. de Segovia de la Junta de Castilla y León por las facilidades prestadas para llevar a cabo este trabajo, especialmente a Miguel Allué y Teresa Borregón y a los agentes forestales Julio Rubio, Antonio Peña, José Antonio García y Fidel García por su gran colaboración en los trabajos de campo. El trabajo se ha realizado dentro del proyecto INIA SC97-118 del Plan Sectorial del MAPA.

BIBLIOGRAFÍAS

- ALÍA, R.; (1989). *Mejora Genética de Pinus pinaster Ait.: Estudio de procedencias*. Tesis Doctoral, UPM 225pp. Escuela Técnica Superior de Ingenieros de Montes, Madrid.
- BORDONS, J. L.; (1996). *Aprovechamiento de resinas de los montes Españoles*. No publicado.
- GIL, L.; (1998). *Incremento de la producción de resina mediante la mejora genética*. 1er Simposio de aprovechamiento de resinas naturales. Actas científicas, pp. 39-49, Segovia.
- LINDGREN, D.; (1974). *Aspects of suitable number of clones in a seed orchard*. Proceedings, Joint IUFRO meetings S. 02.04.: 293-305.
- LINDGREN, D.; (2000). *Genetic predictions with cost, diversity and time estimates*. http://www.genfys.slu.se/staff/dagl/GeneticCalc/Gainpredictor/Gainpredictor_Menu.html.
- MAPA; (1999). *Estadísticas del Ministerio de Agricultura Pesca y Alimentación*. Anuario de estadística agroalimentaria.
- MULLIN, T. J., & PARK, Y. S.; (1995). *Stochastic simulation of forest tree breeding populations: a user guide for POPSIM version 2.0*. .
- PRADA, M. A., ALLUÉ, M., GIL, L., & PARDOS, J. A.; (1996). *Programa de mejora genética de Pinus pinaster Ait. grandes productores de miera en la provincia de Segovia*. Cuadernos de la SECF. 5, 67-71.
- ROSVALL, O.; (1999). *Enhancing gain from long-term forest tree breeding while conserving genetic diversity*. Tesis Doctoral. Swedish University of Agricultural Science, Umea.
- SALVADOR, L., ALÍA, R., AGÜNDEZ, D., & GIL, L.; (2000). *Genetic variation and migration pathways of maritime pine (Pinus pinaster Ait) in the Iberian peninsula*. Theor. Appl. Genet. 100, 89-95.
- TADESSE, W., AUÑON, F. J., PARDOS, J. A., GIL, L., & ALÍA, A.; (2001a). *Evaluación precoz de la producción de miera en Pinus pinaster Ait*. Investigaciones Agrarias: sistemas y recursos forestales. Aceptado.
- TADESSE, W., NANOS, N., AUÑON, F. J., ARRABAL, C., GARCÍA, C., GIL, L., ALÍA, R., & PARDOS, J. A.; (2001b). *Genetic improvement of resin yield from Maritime pine in Spain*. Forest Chemicals Review. Aceptado