

VARIABILIDAD DE LA MORFOLOGÍA FOLIAR EN CINCO PROGENIES DEL GÉNERO *Ulmus*

M. BURÓN; D. LÓPEZ; A. SOLLA; S. GONZÁLEZ; J.C. LÓPEZ ALMANSA; L. GIL
(1) (1) (1) (2) (1) (1)

(1) Unidad de Anatomía, Fisiología y Mejora Genética. ETSI de Montes. UPM.

(2) CIFOR. INIA.

RESUMEN

En el programa de mejora del olmo frente a la grafiosis, no sólo se buscan individuos resistentes, si no que además, éstos deben reunir otras características como un crecimiento vigoroso y unos valores ornamentales propios del *Ulmus minor* Mill. Con el fin de conjugar estos caracteres se utilizan familias obtenidas de semillas de cruces controlados entre distintas especies del género *Ulmus* y sus híbridos. Interesa saber si conociendo los parentales se puede tener cierta garantía de que se heredarán las características buscadas en el ciclo de mejora. Para ello se han realizado mediciones relacionadas con la morfología foliar, crecimiento y valor ornamental en cuatro familias de polinización controlada y una de polinización abierta. Tras un análisis estadístico de los datos se obtiene que existe una alta variabilidad de los caracteres medidos dentro de cada familia, tanto en la de polinización abierta como en las de cruces controlados. Por tanto, aunque el valor medio de estos caracteres para una familia no supere los criterios de selección, pueden hallarse individuos de ella que sean escogidos por superar dicha media.

P.C.: *Ulmus*, mejora genética, biometría foliar, polinización controlada

SUMMARY

In the Spanish elm breeding program against Dutch Elm Disease, it's been looking for resistant individuals; besides, these ones must have got others characteristics like vigorous growth and ornamental values typical of *Ulmus minor* Mill. Families from seed obtained from controlled crosses between different species and hybrid of genus *Ulmus* are used in order to combine those characters. It's interesting to know if it's possible to have some guarantee that wanted characters will be inherited during the breeding cycle. So, measurements of leaf morphology, growth and ornamental value in four families from controlled crosses and one family from open pollination have been made. After the statistical analysis of the data, it's obtained that there is high variability in measured characters within the families, both in open and controlled pollination. Consequently, although the middle value of these characters in a family does not exceed selection criteria, it's possible to find selected individuals for exceeding this average.

K.W.: *Ulmus*, breeding, leaf measurement, controlled cross

INTRODUCCIÓN, MATERIAL Y MÉTODOS

Los caracteres más útiles para discriminar las diferentes especies de olmos son los aportados por las hojas, ya que otros elementos como el fruto o las flores no diferencian claramente las especies (RICHENS, 1983). La taxonomía numérica se ha utilizado en el ámbito forestal desde hace décadas, y en particular en los olmos. Estudios basados en la variación foliar en *Ulmus sp.* se han realizado en Inglaterra, norte de Francia y norte de España (RICHENS & JEFFERS, 1975, 1978, 1986). Además, IPINZA (1990) aplicó la metodología de RICHENS a los olmos ibéricos proponiendo un modelo de continuidad taxonómica.

En el programa de mejora del olmo frente a la grafiosis, fruto del convenio de colaboración entre la DGCONA (Ministerio de Medio Ambiente) y la ETSI de Montes (UPM), se buscan individuos resistentes a través de la inoculación artificial de progenies de polinización abierta y de cruces controlados (SOLLA *et al.* 1999). Los parentales utilizados en las polinizaciones controladas pertenecen a distintas especies del género *Ulmus*, por lo que se obtiene una gran variabilidad en cuanto a características morfológicas foliares y vigor de los individuos.

A la hora de seleccionar ejemplares se tienen en cuenta la resistencia frente a la enfermedad, las características ornamentales propias del *U. minor* y un crecimiento vigoroso. Interesa conocer si es útil la utilización de progenies de cruces controlados frente a las de polinización abierta como método para controlar las futuras características de cada familia. Por otra parte, conocer cuáles de estas características son las que se transmiten de una forma constante en cada familia nos dará una idea sobre qué cruces son más efectivos a la hora de obtener unos determinados caracteres.

En el presente trabajo se realizaron mediciones en 72 brinzales pertenecientes a cuatro familias obtenidas de semilla de polinización controlada y 18 brinzales de una familia de polinización abierta. El progenitor femenino, un ejemplar de *Ulmus minor* Mill., fue el mismo para las cinco familias, mientras que el masculino fue distinto en cada caso y perteneció a distintas especies o híbridos del género *Ulmus* L. (tabla1). Las familias se plantaron en una parcela diseñada con tres bloques al azar y línea borde localizada en el Centro de Mejora Genética Forestal Puerta de Hierro, Madrid (figura 1).

De cada brinzal se recogieron cuatro brotes cortos de acuerdo a la metodología propuesta por RICHENS (1975, 1978, 1986). En cada brote corto se seleccionó como muestra la hoja subdistal, y en ella se midieron los caracteres señalados en la tabla 2. Las ocho primeras variables fueron medidas por RICHENS en su metodología, tal como se indica en la figura 2. El resto se añadieron por utilizarse para caracterizar los olmos del banco clonal del C.M.G.F. Puerta de Hierro, siguiendo las plantillas de las figuras 3, 4 y 5. Además, se realizaron otras tres mediciones sobre el árbol, de las cuales, el crecimiento y el valor ornamental, son determinantes a la hora de seleccionar individuos para el ciclo de mejora.

Para analizar los datos se realizó en primer lugar un análisis de componentes principales (ACP), exceptuando la anchura y longitud de la hoja, crecimiento anual y valor ornamental, con el objetivo de reducir las variables medidas fuertemente correlacionadas entre sí. Los tres primeros factores del ACP explicaron el 45,24% de la varianza explicada y se retuvieron para su posterior análisis. Los componentes más importantes del primer factor fueron el número total de dientes y el ápice apiculado; en el segundo factor, el número de pares de nervios secundarios y el margen doblemente aserrado, y en el tercero, el ancho del diente y la longitud del diente.

Posteriormente se llevó a cabo un análisis de varianza para diseños en bloques completos al azar para las variables longitud de hoja, anchura de hoja, crecimiento anual, valor ornamental y los tres factores obtenidos del ACP. Se realizaron contrastes ortogonales para detectar diferencias entre el cruce de polinización abierta y los cruces controlados, entre los cruces controlados con *U. pumila* y con *U. minor* como parentales masculinos, y entre éste último con el híbrido *U. minor x U. pumila*. Para el análisis estadístico se utilizó el paquete estadístico SAS.

Tabla 1. Especificaciones del material vegetal utilizado.

Número asignado	Denominación de la familia	Progenitor femenino	Progenitor masculino
1	ZA-VL1	<i>U. minor</i>	desconocido
2	ZA-VL1 x M-PD1	<i>U. minor</i>	<i>U. minor</i> x <i>U. glabra</i>
3	ZA-VL1 x M-TC6	<i>U. minor</i>	<i>U. minor</i>
4	ZA-VL1 x M-IN3	<i>U. minor</i>	<i>U. pumila</i>
5	ZA-VL1 x M-MVV5	<i>U. minor</i>	<i>U. minor</i> x <i>U. pumila</i>

	1	2	3	4	5	6	7
1	4	4	4	1	1	1	1
2	2	4
3	2	4
4	2	3	2	4	5	1	4
5	5	1
6	5	1
7	5	1
8	1	2
9	1	2

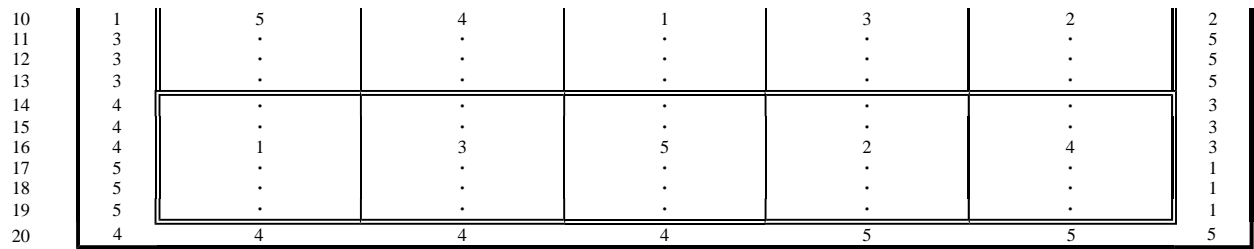


Figura 1. Esquema de la parcela. Los tres bloques se separan con doble línea. Los números dentro de los bloques indican unidades experimentales formadas por 6 plantas. Los números en la línea borde indican 1 planta. El esquema tiene orientación norte.

Tabla 2. Caracteres medidos

	Longitud del peciolo	
	Asimetría basal	
	Longitud máx. de la lámina	
	Ancho máx. de la lámina	
	Ancho del diente primario	Variables cuantitativas de RICHENS
	Profundidad del diente primario	
	Longitud del diente primario	
	Número de pares de nervios secundarios	
	Número total de dientes (primarios + secundarios)	
Variables medidas sobre las hojas	Margen aserrado	Variables cualitativas utilizadas en el CMGF Puerta de Hierro
	Margen aserrado doble	
	Margen aserrado triple	
	Forma alargada	
	Forma lanceolada	
	Forma aovada	
	Forma trasovada	
	Forma orbicular	
	Aspereza en el haz	
	Aspereza en el envés	
	Ápice acuminado	
Ápice apuntado		
Ápice apiculado		
Lámina plegada		
Variables medidas sobre el árbol	Tejido suberoso	
	Crecimiento	
	Valoración estética	

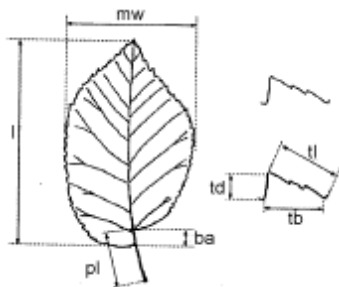


Figura 2. Variables cuantitativas utilizadas por RICHENS: **mw**, ancho máx. de la lámina; **l**, longitud máx. de la lámina; **ba**, asimetría basal; **pl**, longitud del peciolo; **td**, profundidad del diente primario; **tb**, ancho del diente primario y **tl**, longitud del diente primario.

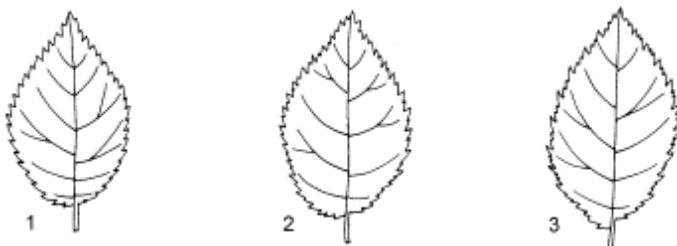


Figura 3. Tipos de margen. 1, aserrado, 2, aserrado doble y 3, aserrado triple.

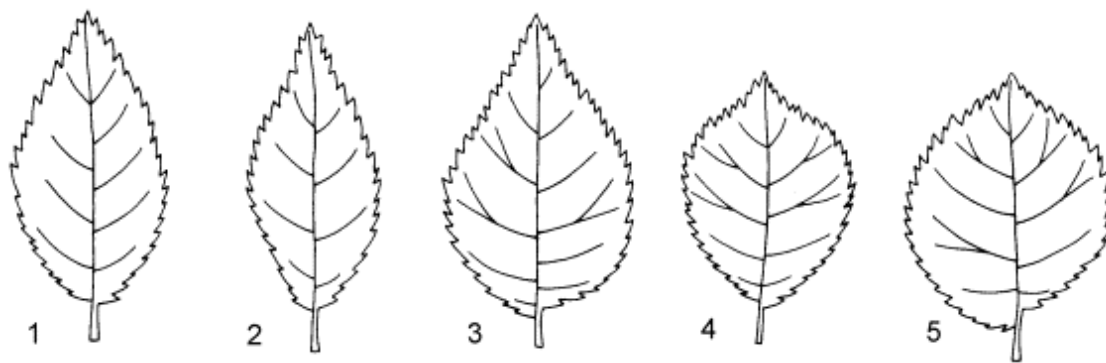


Figura 4. Formas de la hoja. 1, alargada; 2, lanceolada; 3, aovada; 4, trasovada y 5, orbicular.

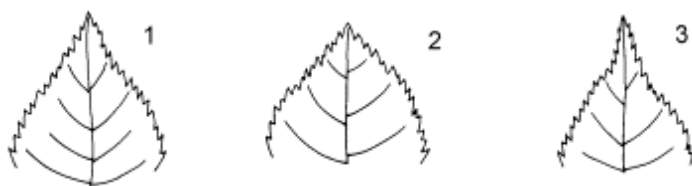


Figura 5. Tipos de ápice. 1, acuminado; 2, apuntado y 3, apiculado.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Representando en una gráfica el factor 1 y el factor 2 obtenidos en el análisis de componentes principales se observa una gran dispersión en los puntos, lo que indica una gran variabilidad de las características en todas las familias, tanto en la de polinización abierta como en los cruces controlados (figura 6). Tan sólo se puede apreciar una separación bastante clara entre las familias ZA-VL1 x M-VV5 (*U. minor* x (*U. minor* x *U. pumila*)) y ZA-VL1 x M-IN3 (*U. minor* x (*U. minor* x *U. glabra*)).

En los análisis de varianza realizados se hallan diferencias significativas para el factor 1 ($P = 0,02$) y el factor 2 ($P = 0,07$). En los contrastes ortogonales también se encontraron diferencias significativas para el factor 1 entre las familias ZA-VL1 x M-TC6 y ZA-VL1 x M-VV5 ($P = 0,04$); para el factor 2 entre la familia de polinización abierta y el resto ($P = 0,07$); para el factor 3 ($P = 0,06$) entre las familias ZA-VL1 x M-TC6 y ZA-VL1 x M-IN3, y por último, para el valor ornamental entre las familias ZA-VL1 x M-TC6 y ZA-VL1 x M-VV5 ($P = 0,04$).

Las mayores diferencias se han encontrado entre la familia resultante del cruce con el ejemplar híbrido *U. minor* x *U. pumila*, seguido del cruce con el ejemplar de *U. pumila*.

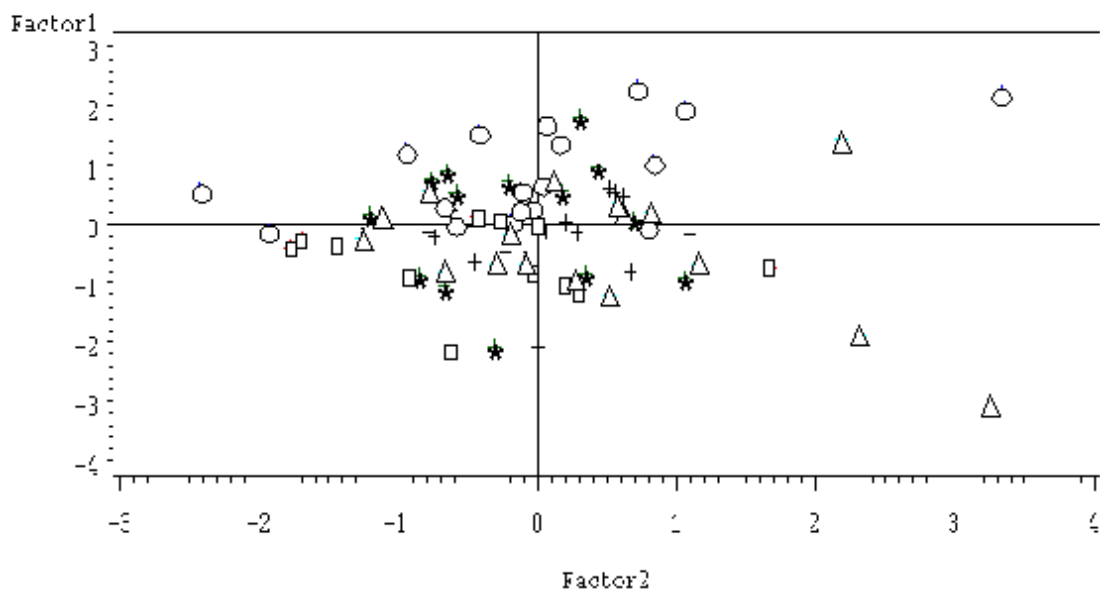


Figura 6. Representación de los factores 1 y 2 resultantes del análisis de componentes principales: +, *U. minor* x *U. pumila*; O, *U. minor* x (*U. minor* x *U. pumila*); *, *U. minor* x *U. minor*; □, *U. minor* x (*U. minor* x *U. glabra*); Δ, *U. minor* de polinización abierta.

CONCLUSIONES

Aunque en una familia los valores medios de los caracteres buscados para su selección no superen los criterios fijados, pueden encontrarse individuos de ella que sean escogidos por poseer unas características sobresalientes. Esto se debe a alta variabilidad en cuanto a los caracteres morfológicos, valor ornamental y crecimientos encontrados en todas las familias analizadas .

AGRADECIMIENTOS

El trabajo se ha desarrollado en el marco de un convenio suscrito entre la DGCONA (Ministerio de Medio Ambiente) y la ETSI de Montes (UPM).

BIBLIOGRAFÍA

- IPINZA, R.; (1990). Algunos aspectos relevantes sobre la taxonomía de los olmos ibéricos. En: Los olmos y la grafiosis en España. L. Gil (ed.) ICONA, Madrid. pp 69-98.
- JEFFERS, J.N.R.; (1999). Leaf variation in the genus *Ulmus*. Forestry Oxford. **72**: 183-190
- RICHENS, R.H.; JEFFERS, J.N.R.; (1975). Multivariate analysis of the elms of Northern France. I. Variation within France. *Silvae genetica*, **24**: 141-150.
- RICHENS, R.H.; JEFFERS, J.N.R.; (1978). Multivariate analysis of the elms of Northern France. II. Pooled analysis of the elms populations of Northern France and England. *Silvae genetica*, **27**: 85-95.
- RICHENS, R.H.; (1983). Elm. Cambridge University Press, Cambridge. 347 pp.
- RICHENS, R H.; JEFFERS, J.N.R.; (1986). Numerical taxonomy and ethnobotany of the elms of northern Spain. *An. Jard. Bot. Madr.* **42**: 325-341.
- SOLLA, A.; MENEDEZ, Y.; BURÓN, M.; IGLESIAS, S.; GIL, L.; (1999). Programa español para la conservación y mejora de *Ulmus minor* Miller. *Montes.* **56**: 5-12.