

Ganancia obtenida mediante recogida selectiva de semilla en un huerto semillero de *Pinus pinaster* Ait.

E. MERLO*, R. ZAS, J. FERNÁNDEZ-LÓPEZ

Departamento de Producción Forestal. Centro de Investigaciones Forestales y Ambientales de Lourizán. Apdo de correos 127. 36080 Pontevedra

Resumen:

La recogida selectiva en un huerto semillero se propone como método alternativo al aclareo para conseguir una ganancia en la calidad de la semilla sin tener que eliminar genotipos en el huerto (para futuras estudios de variabilidad y conservación). Se combinan los datos de producción de piña de los clones del huerto con los resultados obtenidos en los ensayos de progenies de *P. pinaster* de la región de procedencia la Noroeste litoral para regular la recogida de piña variando de antemano el grado de representación de cada uno de los clones. Se comparan tres escenarios de gestión para la recogida de piña. La selección de genotipos se realiza en base a los valores de mejora en caracteres de crecimiento y forma. La ganancia se estima en función de los valores de heredabilidad de los distintos caracteres obtenidos en los ensayos de progenies y ponderada en función de la participación materna de cada uno de los clones. Se discute la posibilidad de que la semilla recogida mediante este método pueda ser apta para su certificación como material forestal de reproducción de categoría controlada.

Introducción:

El valor de mejora de un individuo es la medida de su calidad genética como padre. Cada individuo transmite sus genes a su descendencia (no su genotipo) y es la parte aditiva de ese genotipo la que determina la superioridad genética del padre o su valor de mejora. En otras palabras, el valor de mejora es el componente aditivo del valor genotípico de un individuo, el cual se transmite a su progenie (FALCONER & MACKAY, 2001). Cuando un individuo se cruza al azar con otro de la población y la progenie es medida en todas las condiciones ambientales, el valor de mejora de dicho individuo es dos veces el valor fenotípico medio de su progenie. Esto es porque, en esa situación, la media del efecto genético no aditivo y del ambiental es igual a cero y además porque sólo la mitad de los genes se han transmitido y la otra mitad proviene de otros individuos al azar en la población siendo el valor medio del global de todos esos genes igual a cero.

En la mayoría de los casos, a partir del valor de mejora de los genotipos se llevan a cabo aclareos en los huertos semilleros eliminando aquellos clones de peor comportamiento y aumentando la ganancia respecto a la selección fenotípica inicial de los árboles plus. Sin embargo, existen otras alternativas que permiten aumentar la ganancia de la cosecha sin necesidad de eliminar clones en el huerto y simplemente aumentando la representación de los mejores genotipos en el lote final de semilla y disminuyendo o eliminando la representación de aquellos con peor comportamiento (LINDGREN *et al.*, 2004). Esta misma reflexión en base al grado de representación del genotipo puede tenerse en cuenta, también, para la instalación de nuevos huertos haciendo que el número de ramets sea proporcional al valor de mejora de dicho genotipo.

Numerosos estudios ponen en evidencia la variabilidad clonal existente en la producción de estróbilos en los huertos semilleros. Este elevado control genético se hace patente en el huerto semillero de *Pinus pinaster* de Sergude siendo mayor en el caso de estróbilos femeninos y con un nivel de repetitividad clonal que alcanza 0,82 a los 11 años desde su instalación (MERLO & FERNÁNDEZ-LÓPEZ, 2004). El valor genético de la cosecha de un huerto semillero no viene sólo determinado por la superioridad genética de los clones que lo componen (valores de mejora) sino también por otros factores como la proporción de contribución gamética de cada uno de ellos y por la contaminación polínica de otras masas ajenas al huerto cuyo valor de mejora es siempre inferior al de los árboles plus representados (KANG *et al.*, 2001). En algunos casos, el aclareo de un huerto semillero repercute en la cantidad de semilla ofertada. Si existe una alta demanda de semilla o si los clones con mayor valor genético apenas producen piña, puede comprometerse la oferta de semilla de calidad.

El valor genético es un importante atributo de la calidad genética del lote de semilla.

Representa el nivel medio de ganancia genética esperada en una determinada variable a partir de la utilización de esa semilla en repoblaciones forestales. Normalmente este parámetro se estima por el valor medio de mejora de todos los padres que intervienen en la cosecha ponderado por su proporción de contribución gamética en el lote (XIE & YANCHUK, 2003). El hecho de que exista variabilidad anual en la contribución gamética hace que cada cosecha sea diferente y con un valor genético distinto. Dicho valor genético representa el nivel medio de ganancia que se espera obtener en las plantaciones con planta obtenida de ese lote de semilla. Sin embargo debe encontrarse una solución de compromiso entre la ganancia y la diversidad representada en la cosecha.

En este trabajo se calculan los valores de mejora de los genotipos representados en el huerto semillero de Sergude a partir de los resultados de cuatro ensayos de progenie a los 8 años de edad en dos variables de crecimiento y forma del fuste (ZAS *et al.*, 2004). A partir de dichos valores se estima el valor genético de la cosecha y el número efectivo de genotipos representados para tres escenarios distintos de gestión de la cosecha basados en el aclareo y/o recogida selectiva en función de los valores de mejora de los genotipos del huerto.

Material y Métodos

El estudio se realiza en un huerto semillero de *Pinus pinaster* de 15 años de edad localizado en Sergude (A Coruña, 42° 49'N; 8° 27'W). En dicho huerto están representados 116 árboles plus seleccionados sobre la procedencia costera la Noroeste Litoral de *P. pinaster*. El huerto semillero de Sergude está registrado como material de base (BOE nº 23, 26-1-2001) y en producción comercial desde 1995 con unas cosechas anuales que oscilan entre 150 y 300 Kg de semilla.

Valor de mejora de los genotipos

Para estimar y caracterizar el valor de mejora de cada uno de los genotipos se utilizaron los datos obtenidos sobre 4 ensayos de progenie evaluados a los 8 años de edad desde la plantación, cuyas características se describen en (ZAS *et al.*, 2004). En este trabajo se presentan los datos para dos de las variables medidas: longitud del entrenudo y rectitud del fuste. Sobre cada uno de los ensayos de progenies se estimó el comportamiento medio de cada progenie respecto de la media del ensayo para obtener la capacidad general combinatoria de cada genotipo o diferencial de selección de cada progenie en cada sitio. Los datos de heredabilidad familiar para cada uno de los sitios y en los cuatro sitios conjuntos fueron tomados de ZAS *et al* (2004) y se reflejan en las tablas 1 y 2 .

El valor de mejora de un individuo, como se explica en la introducción, es dos veces su diferencial de selección ponderado por la heredabilidad familiar. En este caso y al tratarse de 4 ensayos se utilizó una modificación respecto de la fórmula general utilizando como diferencial de selección de cada progenie la media del diferencial de selección ponderada por la heredabilidad familiar en cada sitio (XIE & YANCHUK, 2003). El valor de mejora de cada genotipo (BV) se calculó como:

$$BV = 2 \cdot h_f^2 \cdot \bar{S}_w$$

Siendo :

$$\bar{S}_w = \frac{\sum_{i=1}^4 h_{fi}^2 \cdot S_i}{\sum_{i=1}^4 h_{fi}^2}$$

siendo h_f^2 la heredabilidad familiar de la variable considerando los 4 sitios de ensayo, h_{fi}^2 la heredabilidad familiar de la variable en cada parcela y S_i el diferencial de selección de cada progenie en cada sitio.

Los valores de mejora se expresan en términos de porcentaje respecto de la media de la variable en el global del ensayo.

Gestión de la cosecha del huerto

Se comparan tres escenarios distintos de gestión para la obtención de semilla en el huerto semillero. Por tratarse de un huerto de polinización abierta no se aplica ningún tipo de selección a los parentales que actúan como padres aportando polen. La contribución paterna no puede controlarse en un huerto por polinización abierta y los genes de todos los padres estarán representados en todas las progenies de polinización abierta de todas las madres seleccionadas.

Los escenarios de gestión comparados son:

1. Recogida selectiva: La semilla se recoge en base al valor genético de los genotipos que la aportan. Implica la recogida de piña sobre un porcentaje de clones seleccionados en base al valor de mejora anteriormente calculado, y asume que todos los genotipos representados en el huerto aportan polen.
2. Aclareo del huerto: Se estima la ganancia suponiendo la eliminación por aclareo (o instalación de nuevo huerto) de los genotipos que han mostrado un menor valor de mejora. Implica una selección de los parentales paternos y maternos en la misma intensidad.
3. Aclareo del huerto y posterior recogida selectiva: Este escenario aplica una selección en parentales paternos y maternos con distinta intensidad.

Cálculos de ganancia

Para cada escenario de gestión se calculó la ganancia estimada y la ganancia real frente al lote medio de semilla del huerto. La ganancia teórica que es posible obtener a partir de una selección dentro del huerto viene dada por la selección de parentales maternos y paternos y se obtuvo considerando que no existe contaminación polínica en el huerto mediante la fórmula (KANG *et al.*, 2001):

$$G = 0.5 \cdot i_f \cdot \sigma_A + 0.5 \cdot i_m \cdot \sigma_A$$

Siendo i_f el índice de intensidad de selección de los genotipos sobre los que se recogerá semilla, i_m el índice de intensidad de selección de los genotipos que aportan polen y σ_A la desviación estándar de los valores de mejora. Los valores se obtuvieron con la aplicación de la hoja de cálculo Excel workbook, Seed BV*.xls a la que se puede acceder por internet en <http://www.genfys.slu.se/staff/dagl>.

La ganancia real se calculó a partir de la suma de la proporción de piñas aportada por cada uno de los genotipos seleccionados ponderada por el valor de mejora de los mismos y para facilitar los cálculos en este ejemplo se supone que la proporción de aporte de polen de cada genotipo es la misma de la proporción de aporte de piñas:

$$G = 0.5 \cdot \sum_{i=1}^{Nf} p_i \cdot BV_i + 0.5 \cdot \sum_{i=1}^{Nm} p_i \cdot BV_i$$

Siendo p_i la proporción de piñas aportadas por el genotipo i respecto al total en la cosecha, BV_i el valor de mejora del genotipo y n el número de genotipos seleccionados. Los valores de producción de piñas utilizados en este ensayo para cada genotipo fue una media de producción de piñas en tres años distintos en el huerto (2000, 2001, 2004). Dichos valores servirán para estimar el tamaño de la cosecha en los distintos escenarios.

Cálculos de variabilidad

La variabilidad genética se estimó en base al número efectivo de genotipos representados en las respectivas cosechas para los distintos escenarios de recogida. Para calcular el número efectivo se estimaron las contribuciones gaméticas femenina y masculina de cada uno de los genotipos a partir de los datos de producción de estróbilos y fenología reproductiva en el huerto sobre tres años consecutivos obtenidos sobre una muestra de 22 clones seleccionados al azar en el huerto. Se utilizó

el programa SYNCHRO. SAS (ZAS *et al.*, 2003) para obtener el índice de sincronización fenológica, (ASKEW & BLUSH, 1990) cuya fórmula es:

$$PO_{jk} = \frac{\sum_{i=1}^n (s_{ijk} - \Delta_{ijk})}{\sum_{i=1}^n s_{ijk}}$$

donde s_{ijk} es el valor más alto que resulta de comparar la participación masculina del clon j y la participación femenina del clon k en la observación del día i ; Δ_{ijk} es la diferencia en valor absoluto de los valores anteriores.

$$Gf_i = \frac{\sum_{j=1}^n PO_{ij} \times Pm_j}{\sum_{j=1}^n \sum_{i=1}^n PO_{ij} \times Pm_j \times Pf_i} \times Pf_i$$

El cálculo de la contribución gamética femenina y masculina de cada clon, se estudió utilizando los datos de sincronización fenológica y de la participación de cada clon en la producción de estróbilos masculinos y femeninos (XIE *et al.*, 1994).

$$Gm_i = \frac{\sum_{j=1}^n PO_{ij} \times Pf_j}{\sum_{j=1}^n \sum_{i=1}^n PO_{ij} \times Pf_i \times Pm_i} \times Pm_i$$

Siendo PO_{ij} el grado de solapamiento fenológico entre el clon j y el clon i , Pf la proporción de estróbilos femeninos del clon i respecto al total, Pm la proporción de estróbilos masculinos del clon j respecto al total y n número de clones.

Se utilizaron los valores de los coeficientes de variación asociados a la contribución gamética masculina y femenina así como la correlación entre la contribución gamética masculina y femenina. Los datos de número efectivo se obtuvieron directamente con la aplicación de la hoja de cálculo Excel citada anteriormente. Se asume que los clones no están emparentados entre sí y que el porcentaje de endogamia en el huerto es nulo.

Resultados y Discusión

Los valores de mejora de los genotipos expresados en porcentaje respecto de la media de la población para las variables rectitud y longitud del entrenudo siguen una distribución normal (Figura 1y 2). Los valores de mejora en rectitud oscilan el 77 y el 123% respecto de la media y los de longitud del entrenudo entre el 78 y el 116% respecto de la media. Se obtuvo una desviación estándar de 7,49 para la rectitud y 8,07 para la longitud del entrenudo.

No se observó correlación entre los valores de mejora de ambas variables (Figura 3). Esto facilita la posibilidad de una futura selección conjunta a partir de un índice de selección combinado. Por otro lado corroborando con lo observado por otros autores no se observó ningún tipo de relación entre la contribución clonal a la cosecha y los valores de mejora de crecimiento o forma (KANG *et al.*, 2001).

La contribución gamética masculina y femenina mostró un coeficiente de variación de 68.8 y 70.0 respectivamente con un índice de correlación entre ambos de 0.19. Esta correlación es baja comparada con los resultados obtenidos en otros huertos de diferentes especies de pinos (BILIR *et al.*, 2003). Dichos valores fueron utilizados para estimar el número efectivo, cuyos resultados se muestran en la tabla 3 junto con las estimaciones de ganancia. En la tabla 3 se presentan los resultados de ganancia real y estimada para los tres escenarios de gestión y con dos niveles de selección. Estos valores representan % de ganancia respecto a la utilización del lote global de semilla del huerto. Puede observarse que la ganancia estimada es muy similar a la ganancia real aunque la diferencia entre ambas varía en función de la intensidad de selección y de la variable sobre la que se

selecciona. El porcentaje de ganancia es inversamente proporcional a la diversidad genética o número efectivo representado en la cosecha.

La recogida selectiva puede ser una buena alternativa en huertos de primera generación donde los resultados de los ensayos de progenie sean demasiado preliminares como para decidir eliminar un alto número de clones. La recogida selectiva permite incluso seleccionar lotes diversos con distintos genotipos específicos para una variable en concreto e incluso permite una aplicación directa de los posibles avances anuales en el programa de mejora. La mejora opción podría ser una gestión combinada en la que se eliminan parte de los clones y se realiza recogida selectiva sobre el resto. Esta opción puede ser útil en un proceso de selección en también en el caso de variables negativamente correlacionadas.

En cualquiera de los escenarios se demuestra que el lote de semilla recogido sobre la selección presenta es superior en calidad genética al lote global de semilla del huerto. Para que un lote de semilla pueda considerarse material controlado debe haberse comprobado su superioridad. En el caso de ensayos de que los ensayos de progenies se hayan instalado sin testigos, y de no tener ensayos demostrativos para el lote de semilla, siempre podremos decir que aquellos clones con un comportamiento superior a la media son mejores que el lote medio obtenido en el huerto y por tanto se podría considerar dicho material como controlado. Por tanto si demostramos que un lote de semilla recogido de manera selectiva en base a su superioridad respecto del valor medio del huerto dicho lote podría ser comercializado como semilla controlada.

Conclusiones

Se demuestra que en función de la gestión realizada para la recogida de semilla sobre un mismo huerto semillero varía la calidad genética del lote y habría que plantearse si dichos lotes deberían ser considerados como un material de reproducción distinto. En concreto la recogida selectiva es un método de gestión de las poblaciones productoras de semilla, existentes en los programas de mejora, que permite obtener ganancia respecto al lote global y que debería ser considerado como material forestal de reproducción de categoría controlada.

Bibliografía

- ASKEW, G.R. & BLUSH, T.D.; 1990. Short note: an index of phenological overlap in flowering for clonal conifer seed orchards. *Silvae Genet.* 39(3-4): 168-171.
- BILIR, N.; KANG, K.S. & LINDGREN, D.; 2003. Fertility variation and effective number in the seed production areas of *Pinus radiata* and *Pinus pinaster*. *Silvae Genet.* 52(2): 75-77.
- FALCONER, D.S. & MACKAY, T.F.C.; 2001. *Introducción a la genética cuantitativa, 4th Ed.* Editorial Acribia S.A. Zaragoza, Spain.
- KANG, K.S.; LINDGREN, D. & MULLIN, T.J.; 2001. Prediction of genetic gain and gene diversity in seed orchard crops under alternative management strategies. *Theor. Appl. Genet.* 103: 1099-1107.
- LINDGREN, D.; CUI, J.; SON, S.; SONESSON, J.; CUI, J.G. & SON, S.G.; 2004. Balancing seed yield and breeding value in clonal seed orchards. *New Forests* 28(1): 11-22.
- MERLO, E. & FERNÁNDEZ-LÓPEZ, J.; 2004. Análisis del balance parental reproductivo en un huerto semillero de *Pinus pinaster*. *Invest. Agrar. Sist. Recur. For.* 13(2): 387-398.
- XIE, C.Y.; WOODS, J. & STOEHR, M.; 1994. Effects of seed orchard inputs on estimating effective population size of seedlots - a computer simulation. *Silvae Genet.* 43(2-3): 145-154.
- XIE, C.Y. & YANCHUK, A.; 2003. Breeding values of parental trees, genetic worth of seed orchard seedlots and yields of improved stocks in British Columbia. *West. J. Appl. For.* 18(2): 88-100.
- ZAS, R.; MERLO, E. & FERNÁNDEZ-LÓPEZ, J.; 2003. SYNCHRO: A SAS program for analysing the floral phenological synchronisation in seed orchards. *Silvae Genet.* 52(5-6): 212-215.
- ZAS, R.; MERLO, E. & FERNÁNDEZ-LÓPEZ, J.; 2004. Genetic parameter estimates for Maritime pine in the Atlantic coast of North-west Spain. *For. Genet.* 11(1): 45-53.

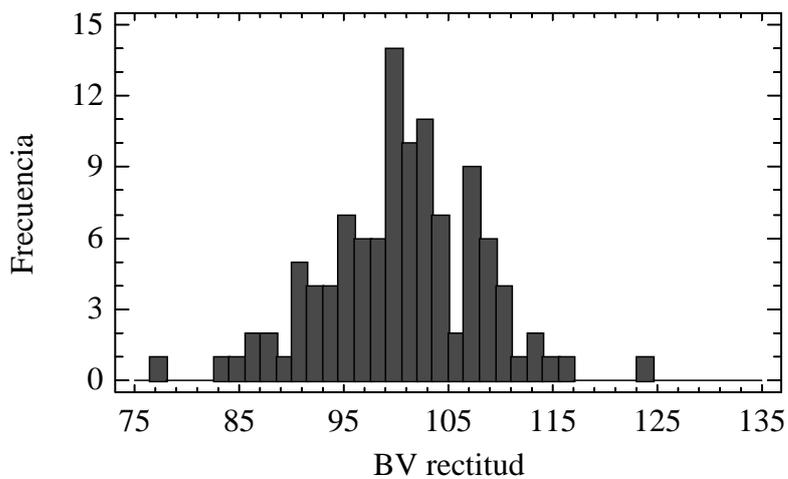


Figura 1 : Gráfico de frecuencias de los valores de mejora de los genotipos del huerto para la variable rectitud de fuste, expresados como porcentaje respecto de la media.

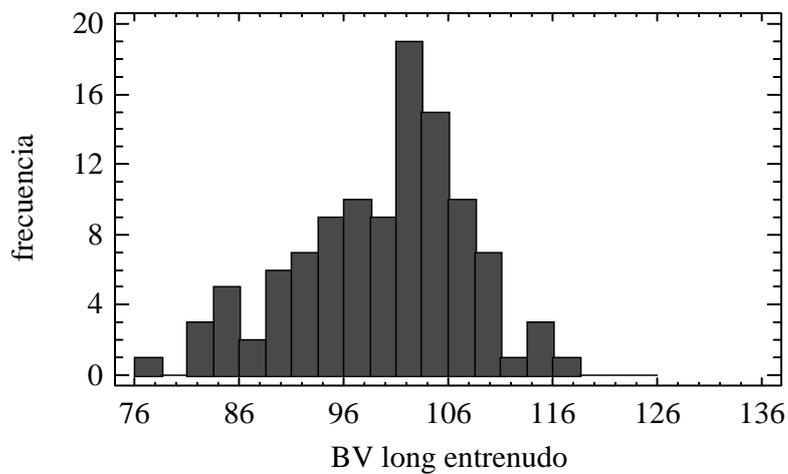


Figura 2 : Gráfico de frecuencias de los valores de mejora para la variable longitud del entrenado de los genotipos del huerto, expresados como porcentaje respecto de la media.

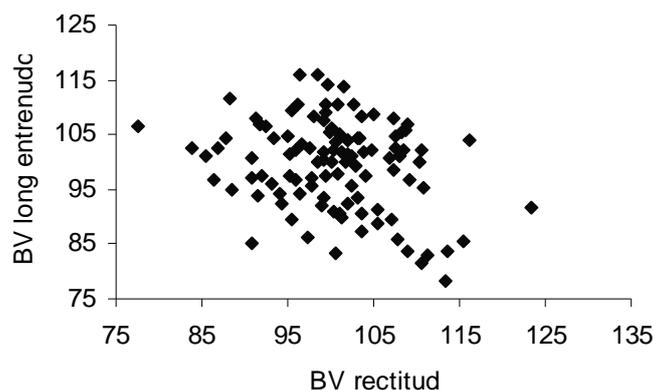


Figura 3: Representación gráfica de la correlación entre los valores de mejora de la rectitud (BV rectitud) y de la longitud del entrenudo (BVlong entrenudo) de los genotipos representados en el huerto.

Tabla 1: Heredabilidades familiares y desviaciones estándar para las variables longitud del entrenudo (ΔH) y rectitud (STR) en cada una de las cuatro parcelas de ensayo. Modificado de (ZAS *et al.*, 2004)

Variable	AsNeves	Bamio	Cortegada	Lalin
	h^2_f	h^2_f	h^2_f	h^2_f
ΔH	0.71±0.07	0.71±0.08	0.67±0.08	0.74±0.08
STR	0.56±0.05	0.46±0.04	0.45±0.05	0.28±0.03

Tabla 2: Heredabilidades familiares y componentes de la varianza obtenido en el análisis conjunto de las cuatro parcelas de ensayo. Modificado de (ZAS *et al.*, 2004)

Variable ¹	Componentes de varianza (%)				heredabilidad
	σ^2_f	σ^2_{sf}	$\sigma^2_{b(s)}$	σ^2_e	h^2_f
ΔH	7.29 ***	2.83 ***	28.5 ***	61.4	0.80 ±0.08
STR	2.53 **	3.12 **	13.2 ***	81.1	0.53 ±0.03

Tabla 3: Valores de Ganancia y de población efectiva estimados para los lotes de semilla obtenidos con los distintos escenarios de gestión y combinando dos niveles de selección masculina (m) y femenina(f) sobre 108 genotipos .

	N clones	%selección		i		N° efectivo	Rectitud		Longitud entrenudo	
		f	m	f	m		%G _{est}	%G _{real}	%G _{est}	%G _{real}
Recogida selectiva	72	66.0	0.0	0.541	0.000	74.6	2.02		2.3	
	20	18.5	0.0	1.428	0.000	40.0	5.35	1.85	6.1	2.50
Aclareo	72	66.0	66.0	0.541	0.541	56.0	4.04	2.63	4.6	4.90
	20	18.5	18.5	1.428	1.428	15.5	10.70	3.70	11.5	10.84
Aclareo + recogida selectiva	20	18.5	66.0	1.428	0.541	33.9	7.37	5.20	4.48	7.9

