

Evaluación del potencial de mejoramiento genético en el crecimiento en altura de *Acacia mangium* Willd.

Evaluation of the breeding potential in height growth for *Acacia mangium* Willd.

Iván Javier Pastrana-Vargas^{1†}, Miguel Espítia-Camacho^{1*}, y Olman Murillo-Gamboa^{2‡}

¹Docentes del Departamento de Ingeniería Agronómica y Desarrollo Rural, Facultad de Ciencias Agrícolas, Universidad de Córdoba, Montería, Colombia. ²Docente Escuela de Ingeniería Forestal, Instituto Tecnológico de Costa Rica (TEC), Costa Rica. *Autor para correspondencia: mespitia37@hotmail.com, mespitia37@yahoo.es; †ijpv0710@hotmail.com; ‡olmuga@yahoo.es

Rec.: 14.10.11 Acept.: 08.06.12

Resumen

En el periodo 2009-2010, en Ayapel, Planeta Rica y Tierralta, departamento de Córdoba (Colombia) se evaluó el desempeño en crecimiento en altura total de 90 familias de polinización abierta de *Acacia mangium*. En estos municipios el clima se clasifica, de acuerdo con Holdridge, como bosque seco tropical (Bs-T), excepto Tierralta que es bosque húmedo tropical (Bh-T). Durante el primer año de crecimiento, las plantas en cada familia fueron evaluadas en ensayos de progenie mediante un diseño experimental de bloques completos al azar, con seis bloques en cada una de las tres localidades. La parcela o unidad experimental consistió en seis plantas de polinización abierta por familia, distribuidas aleatoriamente en tres parejas espacialmente separadas dentro de cada bloque. La predicción de parámetros genéticos individuales y de familias se efectuó por medio del procedimiento BLUP y los componentes de varianza por medio del procedimiento REML utilizando el software SELEGEN. Las estimaciones de heredabilidad variaron entre <1 y 13%, y entre 6 y 68%, para heredabilidad individual en sentido estricto (h^2_a) y heredabilidad media de familias (h^2_{mp}), respectivamente. El ranking genético en altura de las 15 mejores familias indica que las de mayor crecimiento fueron también las más estables y de mayor adaptabilidad a los ambientes. Los resultados sugieren un alto potencial de mejoramiento al nivel de familia en crecimiento y productividad de plantaciones de *A. mangium* en el departamento de Córdoba, Colombia. Son necesarios nuevos estudios a fin de lograr una mejor selección genética.

Palabras clave: Acacia, ensayos de progenie, fitomejoramiento, mejoramiento genético, parámetros genéticos, plantaciones forestales, Reml/Blup, Selegen.

Abstract

In 2009-10, in Ayapel, Planeta Rica and Tierralta, Córdoba department (Colombia) the growth performance in overall height of 90 open-pollinated families of *Acacia mangium* was evaluated. In these municipalities the climate is classified, according to Holdridge, like tropical dry forest (TDF), except Tierralta that it is tropical moist forest (TMF). During the first year of growth, plants in each family were evaluated in progeny tests using a randomized experimental complete block design, with six blocks in each of the three locations. The experimental unit consisted of six open-pollinated plants per family, randomly distributed in three spatially separated pairs within each block. The prediction of genetic parameters individual and of families was conducted by the method BLUP (best linear unbiased prediction) and the variance components by REML (restricted maximum likelihood) procedure using the software SELEGEN. Heritability estimates ranged from <1 to 13%, and between 6 to 68%, for strictly individual heritability (h^2_a) and family-mean heritability (h^2_{mp}), respectively. Genetic ranking

in height of the top 15 families indicates that those of greatest growth were also more stable and had greater adaptability to environments. Results suggest a high potential for improvement at the family level in growth and productivity of plantations of *A. mangium* in the department of Córdoba, Colombia. New measurements in next years are needed to achieve a better genetic selection.

Key words: Acacia, breeding, forest plantations, genetic parameters, progeny tests, Reml/Blup, Selegen, tree improvement.

Introducción

Acacia mangium Willd. es una de las especies forestales más cultivadas en el departamento de Córdoba, Colombia (Rincón, 2009), y en el país en general. En 2009, el mercado mundial de la madera y productos forestales ascendió a US\$188,805,2 millones, de los cuales 12.8% correspondió a madera aserrada y 12.6% a pulpa de madera. En el mismo año, Colombia exportó productos forestales por valor de US\$263,5 millones (Faostat, 2011). Según Ladrach (2010) *A. mangium* es una de las especies más utilizadas en el mundo para producción de pulpa, junto con varias especies e híbridos clonales de *Eucalyptus* spp. y *Pinus* spp. No obstante la importancia de esta especie forestal, se han identificado algunas brechas tecnológicas, entre las que se destaca la escasez de material para siembra y mejoramiento genético (MADR, 2008), necesario para convertir la actividad forestal en un proceso productivo rentable y seguro (Murillo y Badilla, 2004). Por tanto, en los últimos cinco años se iniciaron programas de mejoramiento genético (PMG) con *A. mangium* en el norte de Costa Rica y en Córdoba, Colombia, como parte del esfuerzo de la Cooperativa Internacional de Mejoramiento Genético Forestal (Genfores) (Espitia *et al.*, 2010; Murillo, 2011; Pavlotzky y Murillo, 2012).

En el ámbito forestal, el éxito de los PMG está asociado con la capacidad de acierto al seleccionar árboles superiores que sean utilizados como progenitores de generaciones posteriores (Barros *et al.*, 2006; Cruz y Carneiro, 2003; Apiolaza *et al.*, 2000) que progresivamente permitan incrementar los beneficios a través del uso de materiales de mayor rendimiento en las diversas condiciones ambientales.

El propósito de evaluar ensayos genéticos es determinar parámetros de la población de

mejoramiento, mediante la separación eficiente de los efectos genéticos de los ambientales, así como seleccionar de manera eficiente los mejores genotipos con base en su mérito (Espitia *et al.*, 2010). Por lo general, en ambientes uniformes se logra una evaluación y selección más eficiente de los árboles genéticamente superiores (Talbert *et al.*, 1981). No obstante, para especies perennes estas estimaciones deben ser obtenidas mediante métodos más precisos, debido a que la información proviene de mediciones en el tiempo que usualmente imposibilitan el uso de datos balanceados, lo cual puede generar errores en su análisis e interpretación (Resende *et al.*, 2007; Resende, 2000).

Barros *et al.* (2006) indican que entre los principales procedimientos para estimar parámetros genéticos en ensayos de progenie se destacan los análisis de varianza (Anova) y el procedimiento REML/BLUP (Máxima verosimilitud restringida/Mejor predicción lineal insesgada), no obstante, el Anova no permite separar eficientemente los efectos genéticos de los ambientales (Resende *et al.*, 2007). Resende (2006) sugiere que un procedimiento adecuado de análisis y selección en experimentos de mejoramiento genético forestal debe: (1) propiciar selección con base en valores genotípicos libres de efectos ambientales, y (2) considerar de forma adecuada el desbalance de los datos. Por tanto, según este autor (Resende, 2002) el procedimiento más adecuado para la predicción de los valores genéticos en plantas perennes y en especies forestales, es el BLUP individual (Henderson y Quaas, 1976), mientras que para la estimación de parámetros genéticos lo recomendable es usar el procedimiento REML, desarrollado por Patterson y Thompson (1971). Así, las técnicas óptimas de evaluación genética envuelven, simultáneamente, la predicción de valores

genéticos y la estimación de componentes de varianza, por tanto, el procedimiento global que permite una completa evaluación del material en prueba es el procedimiento REML/BLUP (Resende *et al.*, 2007).

En investigaciones forestales, la selección de árboles 'plus' para programas de mejoramiento genético se basa principalmente en la información generada a partir de ensayos de progenie; de los cuales, los fitomejoradores generalmente usan datos de crecimiento en altura para comparar patrones de desarrollo entre genotipos (Apiolaza *et al.*, 2000). En *Pinus taeda* L., por ejemplo, la altura de árboles en edades tempranas es utilizada como criterio de selección para el carácter volumen total (McKeand, 1988; Balocchi *et al.*, 1993), ya que es un buen predictor y es menos afectado por factores de competencia que el diámetro del tallo (Foster, 1986).

La selección de los mejores genotipos también requiere estimar su estabilidad genética a través de distintas condiciones ambientales; de lo contrario, no es posible utilizar el mejor material genético para una región extensa y diversa como es el departamento de Córdoba o en buena parte de la región Caribe colombiana (Espitia *et al.*, 2010). Por tanto, en esta investigación se estimaron los primeros parámetros genéticos del comportamiento de materiales seleccionados de *A. mangium* en varios sitios del departamento de Córdoba, con base en el uso de modelos mixtos y los procedimientos REML/BLUP a través del software SELEGEN (Resende *et al.*, 2007).

Materiales y métodos

La investigación se desarrolló durante el periodo 2009 - 10 en los municipios del departamento de Córdoba (Colombia): Ayapel (Sitio 1), Planeta Rica (Sitio 2) y Tierralta (Sitio 3). En estos sitios el clima se clasifica, de acuerdo con Holdridge (1967), como bosque seco tropical (Bs-T), excepto Tierralta que tiene una clasificación climática de bosque húmedo tropical (Bh-T). Las condiciones de clima de cada uno de los sitios se presentan en el Cuadro 1 (Palencia *et al.*, 2006).

En cada uno de los sitios se establecieron ensayos de progenie de *A. mangium* con base en semillas de polinización abierta

(familias de medios hermanos) de 90 árboles plus (superiores fenotípicamente) (Vallejos *et al.*, 2010) como parte del Programa de Mejoramiento Genético de *A. mangium* en el departamento de Córdoba, Colombia (Espitia *et al.*, 2010). Los ensayos incluyeron material comercial disponible en la región, a manera de testigo o control y se establecieron en mayo (Tierralta) y julio (Ayapel y Planeta Rica) de 2009, con plántulas de cuatro meses de edad en vivero. Cada ensayo estuvo rodeado por dos hileras de borde, con el fin de proporcionar protección a los árboles y anular el efecto borde en la evaluación. A los 30 días de establecidos los ensayos se realizó una resiembra para disminuir el desbalance causado por una mortalidad temprana. Debido a que al finalizar el primer año, muchos de los árboles no superaban el 1.3 m de altura, solamente la altura total pudo ser utilizada como variable de respuesta de interés para una potencial selección temprana; por tanto, a esta edad se evaluó únicamente la altura total (cm) por medio de una escala métrica.

Arreglo estadístico y análisis de datos

Con el fin de disminuir el tamaño de los bloques en los ensayos genéticos y reducir el riesgo de incrementar la variabilidad dentro de bloques, la colección de noventa familias se subdividió en dos subpoblaciones menores de cincuenta familias cada una, utilizando cinco familias comunes en ambas subpoblaciones. Sin embargo, en cada uno de los sitios se establecieron los dos ensayos complementarios. Las progenies de los noventa árboles seleccionados (plus) se plantaron en un diseño de bloques completos al azar, donde la parcela o unidad experimental (tratamiento) fue la familia que estuvo conformada por seis progenies, distribuidas aleatoriamente en tres parejas dentro de cada bloque. La densidad de siembra inicial fue de 3 x 3 m. La distribución aleatoria de cada una de las parejas perteneciente a cada familia en cada bloque, se realizó por medio de un programa en Excel, desarrollado por la Cooperativa de Mejoramiento Genético Forestal, Genfores (Murillo 2011). El análisis de datos de los ensayos de progenie se realizó utilizando el software SELEGEN REML/BLUP (Resende,

2006) y los modelos utilizados se describen a continuación.

Análisis combinado. El análisis estadístico de cada una de las combinaciones de sitios evaluados se realizó empleando el modelo estadístico siguiente:

$$\hat{Y} = Xr + Za + Wp + Ti + e$$

donde, \hat{Y} es el vector de los datos, un parámetro común entre todas las familias evaluadas, r corresponde a los efectos de la repetición (asumidos como fijos) sumados a la media general, a corresponde a los efectos genéticos aditivos individuales (asumidos como aleatorios), p corresponde a los efectos de parcela (asumidos como aleatorios), i corresponde a los efectos de la interacción genotipo x ambiente (aleatorios) y e corresponde a los efectos del error experimental (aleatorios).

Los componentes de varianza se obtuvieron mediante el procedimiento REML Individual en el mismo SELEGEN, de donde se determinaron: $V\hat{a}$: varianza genética aditiva, $V\hat{p}_{arc}$: varianza ambiental entre parcelas, $V\hat{i}_{nt}$: varianza de la interacción genotipo x ambiente, $V\hat{e}$: varianza residual (ambiental mas no-aditiva). A partir de los componentes de varianza se generaron los parámetros genéticos $h^2\hat{a} = h^2$: heredabilidad individual en sentido estricto, es decir, de los efectos aditivos, $h^2\hat{a}_j$: heredabilidad individual en sentido estricto, ajustada para los efectos de parcela, $c^2\hat{p}_{arc} = c^2$: coeficiente de determinación de los efectos de parcela, $c^2\hat{i}_{nt} = c^2$: coeficiente de determinación de los efectos de interacción genotipo x ambiente, $h^2\hat{m}_p$: heredabilidad media de la familia, asumiendo sobrevivencia completa, $Ac\hat{p}_{rog}$: precisión de los estimados de los parámetros genéticos, asumiendo sobrevivencia completa, $rg\hat{l}_{oc}$: correlación genotípica entre

el desempeño de las familias a través de los tres sitios, $h^2\hat{ad}$: heredabilidad aditiva dentro de familia, PEV : varianza del error de predicción de los valores genotípicos de familia, asumiendo sobrevivencia completa, SEP : desviación estándar del valor genotípico predicho de familia y, *media general* del experimento.

Análisis de estabilidad, adaptabilidad y productividad fenotípica. Mediante el cálculo de la media armónica de los valores genéticos predichos se obtuvo la estabilidad (MHVG); el rendimiento relativo de los valores genéticos predichos en relación con la media de cada ambiente permitió obtener la adaptabilidad (PRVG) y, con base en la media armónica del rendimiento relativo de los valores genotípicos predichos, se obtuvo la productividad fenotípica (MHPRVG). La estimación de estos parámetros a través de los tres ambientes evaluados, se realizó por medio del software SELEGEN, con base en el modelo:

$$\hat{Y} = Xr + Zg + Wp + Ti + e$$

donde, \hat{Y} es el vector de datos, r es el vector de los efectos de repetición (asumidos como fijos) sumados a la media general, g es el vector de los efectos genotípicos (asumidos como aleatorios), p es el vector de los efectos de parcela (aleatorios), i es el vector de los efectos de la interacción genotipo x ambiente (aleatorios) y e es el vector de los errores o residuales (aleatorios).

En este caso se obtuvieron los mismos componentes de varianza y parámetros genéticos descritos en el análisis combinado de sitios mediante el procedimiento REML. Se añadieron en este análisis el $CVg_i\%$ = coeficiente de variación genética individual, $CVe\%$ = coeficiente de variación residual y *Media general* del experimento.

En los modelos descritos anteriormente, las letras mayúsculas representan las matrices de incidencia para los efectos referidos. A

Cuadro 1. Localización y características de clima en los sitios experimentales de progenie de *Acacia mangium* en el departamento de Córdoba, Colombia.

Municipio	Coordenadas		PPA (mm)	HR (%)	Temp. (°C)	BS (Horas)
	Latitud (N)	Longitud (O)				
Tierralta	8°02'05.5"	76°12'01.2"	3487.8	85	26.9	1406.8
Planeta Rica	8°24'47.6"	75°36'16.9"	1564.3	80	27.6	1801.7
Ayapel	8°12'33.0"	75°05'07.6"	2674.6	82	27.6	1806.6

PPA: precipitación promedia anual; HR: Humedad relativa; Temp.: Temperatura promedio anual; BS: Brillo solar.

partir de los parámetros genéticos estimados, SELEGEN generó un 'ranking' de las mejores familias basado en su valor genético promedio más el valor genético aditivo ($u + \hat{a}$).

Resultados y discusión

Se puede considerar que a la edad de un año, la variabilidad fenotípica observada se encuentra muy influenciada por los efectos ambientales (Cuadro 2). Se observa que las combinaciones donde interviene el sitio 2 (1-2 y 2-3) presentan valores bajos de estimados genéticos, sin embargo aumentan cuando se evalúa la combinación de sitios 1-3, los cuales presentan las mejores condiciones climáticas para el desarrollo de las plantas (Cuadro 1).

La heredabilidad individual en el sentido estricto (h^2a) registró valores bajos en general, incluido el análisis combinado de los tres sitios (6%). El valor más alto se obtiene en la combinación de sitios 1-3 (13%). Lokmal (1994) y Murillo (2001) mencionan que valores altos en las interacciones (genotipo x ambiente, principalmente) reducen sensiblemente los estimados de $h^2\hat{a}$. Esto puede explicar el hecho de que en las combinaciones de sitios 1-2 y 2-3 se obtuvieron estimados muy ba-

jos de $h^2\hat{a}$ (<1%), ya que los componentes de varianza de las interacciones ($V_{\widehat{int}}$ y $V_{\widehat{parc}}$) fueron entre 3 y 15 veces más altas que la varianza de los efectos aditivos ($V_{\hat{a}}$), lo cual redujo directamente el estimado de heredabilidad individual. Sin embargo, se debe mencionar que a la edad de un año, la expresión de la variación genética entre familias ($V_{\hat{a}}$) fue aún baja, lo cual pudo explicar los bajos estimados de heredabilidad general.

En investigaciones recientes con *A. mangium* en Costa Rica, para caracteres como el diámetro en los años uno y cuatro se encontraron valores de $h^2\hat{a}$ que superan el 50% (Pavlotzky y Murillo, 2012) y valores entre 40% y 50% cuando se analizaron dos localidades simultáneamente (Pavlotzky, 2012). En *A. mearnsii*, evaluada en un ensayo de progenie en plantas de un año de edad, de distintas subpoblaciones, se reportan $h^2\hat{a}$ que varían entre 0.04 y 0.63, variación que es explicada, entre otros factores, como consecuencia de una alta influencia ambiental por la temprana edad de evaluación (Dunlop *et al.*, 2005) e, igualmente, como influencia genética de parte de las progenies, tal como se encontró en *Pinus oaxacana* Mirov. (Zitácuaro y Aparicio, 2004)

Cuadro 2. Parámetros genéticos estimados y análisis de la interacción genotipo x ambiente para la altura total al primer año en familias de *Acacia mangium*, evaluadas en ensayos de progenie del programa de mejoramiento genético de la especie en el departamento de Córdoba (Colombia).

Parámetro genético	Sitio 1-2	Sitio 2-3	Sitio 1-3	Sitio 1-2-3
$V_{\hat{a}}$	20.31	33.43	704.57	254.64
$V_{\widehat{parc}}$	320.74	125.59	320.45	249.75
$V_{\widehat{int}}$	132.39	169.37	133.32	147.19
$V_{\hat{e}}$	3457.94	3059.52	4113.11	3586.59
V_f	3931.38	3387.90	5271.44	4238.17
$h^2\hat{a}$	0.01	0.0099	0.13	0.06
$c^2_{\widehat{parc}}$	0.08	0.0371	0.06	0.06
$c^2_{\widehat{int}}$	0.03	0.0500	0.03	0.03
h^2_{mp}	0.06	0.0820	0.68	0.52
Ac_{prog}	0.24	0.2864	0.83	0.72
h^2_{ad}	0.00	0.008	0.11	0.05
R_{gloc}	0.04	0.047	0.57	0.30
PEV	4.78	7.672	55.90	30.47
SEP	2.19	2.770	7.48	5.52
Altura promedio (cm)	273.03	269.87	394.80	313.71

y en *Pseudotsuga menziessi* Mirb. (Gutiérrez, 2007), donde se ha observado una alta variación entre progenies evaluadas al primer año de crecimiento. Lo anterior concuerda con lo encontrado para *A. mangium* en esta investigación, donde la varianza ambiental ($V\hat{e}$) representó desde el 78% (Sitio 1-3) hasta el 90% (Sitio 2-3) de la variación fenotípica total. Se sugiere, entonces, que posiblemente un año de establecimiento no es suficiente para lograr estimados genéticos confiables, en particular si se evalúan sitios con ambientes altamente contrastantes.

En otras especies forestales se han encontrado respuestas similares en evaluaciones en el primer año de edad, tal es el caso de *Pinus radiata* (Apiolaza *et al.*, 2000) y *Schizolobium parahybum* (Vell) Blake (Rosales *et al.*, 1999) en las que se estimaron valores de $h^2\hat{a}$ de 0.09 para el carácter altura. Lokmal (1994) encontró valores de $h^2\hat{a}$ de 0.07 en *Gmelina arborea* Roxb. Por otra parte Navarro y Hernández (2004) hallaron para progenies de diferentes procedencias de *Swietenia macrophylla* valores de $h^2\hat{a}$ de 0.55, 0.57 y 0.60 para edades de 1.70, 0.70 y 2.70 años, respectivamente, las cuales son altas respecto a las consideradas en este estudio para *A. mangium*.

La interacción genotipo x ambiente explica entre 3% y 5% de la proporción de la variabilidad fenotípica total para todas las combinaciones de sitio, sin embargo, la baja varianza genética estimada no permite obtener buenos estimados de correlación genotípica (R_{gloc}) a través de los ambientes (Cuadro 2). Hay una alta variación en la respuesta genética de las progenies evaluadas a través de los ambientes estudiados. Solo la correlación que involucra los sitios 1-3 tiene un estimado moderado, con valor de 0.57. Este resultado implica que el ranking genético entre ambos sitios empieza a mostrar resultados similares. Por el contrario, las combinaciones con el sitio 2 generan muy bajas correlaciones genotípicas, es decir, las mejores familias en crecimiento en altura son diferentes entre sitios. Entretanto, la correlación que involucra los tres sitios tuvo un coeficiente de 0.30, lo cual indica que la interacción puede ser de naturaleza compleja (Vencovsky y Barriga, 1992), no obstante, la temprana evaluación de las progenies puede

suponer que estos valores mejorarán a medida que se establezca el crecimiento de las plantas y las diferencias entre ellas tiendan a ser menos afectadas por los ambientes.

La heredabilidad promedio de familias ($h^2\hat{mp}$) y la exactitud de los estimados de selección (Acprog) en los análisis combinados presentan valores buenos que permiten predecir la eficiencia de una selección general, aun involucrando los tres sitios. Pavlotzky y Murillo (2012) encontraron en los años 1 y 4 diámetros de familias de *A. mangium* con valores de $h^2\hat{mp}$ que superan 90%. Sin embargo, Rosales *et al.* (1999) hallaron valores de $h^2\hat{mp}$ de 0.45 para la especie *Schizolobium parahybum* (Vell) Blake, en la evaluación de progenies de distintas procedencias de un año de edad, estimaciones que son bajas respecto a las obtenidas para *A. mangium* en este trabajo.

En el Cuadro 3 se presenta el ranking de las quince mejores familias para la altura total, según los diferentes criterios de selección dados por los modelos 4 y 51 de SELEGEN REML/BLUP. Se observa que sie-

Cuadro 3. Ranking genético en altura total, estabilidad (MHVG), adaptabilidad (PRVG) y productibilidad (MHPRVG) de las mejores 15 familias de *Acacia mangium*, en tres sitios del departamento de Córdoba, Colombia.

Orden	Tres sitios*	MHVG	PRVG	MHPRVG
1	<u>52</u>	88	<u>47</u>	<u>47</u>
2	<u>47</u>	5	<u>52</u>	<u>52</u>
3	37	86	<u>23</u>	<u>23</u>
4	<u>23</u>	89	<u>83</u>	<u>83</u>
5	<u>17</u>	2	<u>45</u>	<u>45</u>
6	<u>83</u>	87	<u>17</u>	<u>17</u>
7	53	90	37	37
8	48	<u>47</u>	57	57
9	57	<u>83</u>	<u>21</u>	<u>21</u>
10	<u>45</u>	<u>23</u>	38	38
11	50	<u>52</u>	8	8
12	8	<u>45</u>	6	6
13	<u>21</u>	6	53	53
14	38	<u>21</u>	48	48
15	82	<u>17</u>	50	50

* Valores subrayados: Familias comunes en el ranking genético a través de sitios y el análisis de adaptabilidad, estabilidad y productividad fenotípica.

te de las quince mejores familias para *MHVG*, *PRVG* y *MHPRVG*, están también presentes en el ranking genético en altura del análisis combinado de sitios. Estos resultados revelan que ya al primer año de edad, las familias de mayor crecimiento en altura son también las de mayor estabilidad y adaptabilidad a diferentes ambientes, lo cual sugiere su posible utilización a escala comercial en toda la región de Córdoba, con poco riesgo de que disminuyan su productividad a pesar de la variabilidad ambiental existente.

Conclusiones

- En el primer año de crecimiento de *A. mangium* aún manifiesta una alta influencia ambiental sobre la variabilidad fenotípica observada para la altura total de árboles. Los estimados de parámetros genéticos para la altura total aumentan cuando se evalúa la combinación de los sitios 1 y 3.
- Los efectos de interacción genotipo x ambiente son significativamente superiores a los efectos genéticos aditivos al nivel de individuo, lo cual reduce los valores de heredabilidad obtenidos en esta investigación. Sin embargo, el control genético respecto a la heredabilidad al nivel familiar (h^2_{mp}) es alto, lo que indica la existencia de un buen potencial de selección a este nivel con base en su crecimiento inicial en altura.
- Los estimados de los parámetros genéticos obtenidos a nivel de individuo al primer año de edad, no son suficientes para realizar apropiadamente la selección de materiales ni para estimar ganancias genéticas esperadas. Por tanto, es conveniente continuar con evaluaciones sucesivas de crecimiento en estos ensayos para obtener mejores estimaciones de los parámetros genéticos y poder determinar la mejor edad de selección.
- Un grupo de familias, dentro de las mejores quince del ranking genético en altura, registró también una alta estabilidad, adaptabilidad y productividad al primer año de crecimiento, lo que sugiere su posible utilización a escala comercial en la región de Córdoba, con poco riesgo de pérdida de productividad.

Agradecimientos

Los autores expresan sus más sinceros agradecimientos a la Universidad de Córdoba, la empresa Kanguroid-3F y al Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural (MADR) por la financiación del macroproyecto Selección de Árboles Plus y Creación de Fuentes Semilleras de Teca (*Tectona grandis* L.), Melina (*Gmelina arborea* Roxb.) y Acacia (*Acacia mangium* Willd.) en el departamento de Córdoba, en el cual se enmarcó esta investigación.

Referencias

- Apiolaza, L. A.; Gilmour, A. R.; y Garrick, D. J. 2000. Variance modelling of longitudinal height data from a *Pinus radiata* progeny test. Canadian J. For. Res. 30:645 - 654.
- Balocchi, C. E.; Bridgwater, F. E.; Zobel, B. J.; y Jahromi, S. 1993. Age trends in genetic parameters for tree height in nonselected populations of loblolly pine. For. Sci. 39:231 - 251.
- Barros, M.; Pires, I.; Rocha, R.; Xavier, A.; y Cruz, D. 2006. Avaliação genética de progênies de meio-irmãos de *Eucalyptus grandis* por meio dos procedimentos REML/BLUP e da ANOVA. Scientia Forestalis (71):99 - 107.
- Cruz, C. y Carneiro, P. 2003. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Universidade Federal do Viçosa Editorial UFV. Viçosa, MG. Brasil. 585 p.
- Dunlop, R.; Resende, M. y Beck, S. 2005. Early Assessment of first year height data from five *Acacia mearnsii* (black wattle) sub-populations in South Africa using REML/BLUP. Silvae Genetica 54(4 - 5):166 - 174.
- Espitia, M.; Murillo, O.; Castillo, C.; Arizmendi, H.; y Paternina, N. 2010. Ganancia genética esperada en la selección de acacia (*Acacia mangium* Willd.) en Córdoba (Colombia). Revista U.D.C.A, Act. Div. Cient. 13(2):99 - 107.
- Faostat. 2011. Estadísticas del mercado mundial de maderas. FAO. (Disponible en http://faostat.fao.org/site/626/DesktopDefault.aspx?PageID=626#ancor_06-03-2011)
- Foster, G. S. 1986. Trends in genetic parameters with stand development and their influence on early selection for volume growth in loblolly pine. Forest. Sci. 32:4.
- Gutiérrez, B. 2007. Supervivencia, crecimiento inicial e interacción con el sitio de progenies de árboles plus de pino Oregón *Pseudotsuga menziesii* Mirb. Ciencia e Investigación Forestal, Instituto forestal - INFOR, Chile 13(2):273-284.

- Henderson, C. R.; y Quaas, R. L. 1976. Multiple trait evaluation using relatives records. *J. Animal Sci.* 43:1188 - 1197.
- Holdridge, L. R. 1967. Life Zone Ecology. Tropical Science Center. San José, Costa Rica. 206 p.
- Ladrach, W. 2010. Expansion of pulp production in the third world. (Disponible en http://www.alleghenysaf.org/winter_2010.htm 02-26-2010)
- Lokmal, N. 1994. Genetic parameters of *Gmelina arborea*: Height and diameter growth. *J. Trop. For. Sci.* 7(2):323 - 331.
- MADR (Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural). 2008. Antecedentes convocatorias Ciencia y Tecnología. Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural-MADR. (Disponible en <http://sigp.minagricultura.gov.co/portal/antecedentes.jsp>. 08-05-2009).
- McKeand M. E. 1988. Optimum age for family selection for growth in genetic test of loblolly pine. *Forestry Sci.* 34:400 - 411.
- Murillo, O. 2011. Estrategia de mejoramiento genético para la cooperativa GENFORES. Ponencia magistral. En: XII Congreso Nacional Colombiano de Mejoramiento Genético de Cultivos. Montería, Córdoba, Colombia. 22 - 24 de junio, 2011.
- Murillo, O. 2001. Genotype by environment interaction and genetic gain analysis on unbalanced data of *Pinus oocarpa* provenances. *Agron. Cost.* 25(1):21 - 32.
- Murillo, O. y Badilla, Y. 2004. Evaluación de la calidad y estimación del valor en pie de la plantación forestal. Escuela de Ingeniería Forestal, ITCR. Cartago, Costa Rica. 50 p.
- Navarro, C. y Hernández, G. 2004. Progeny test analysis and population differentiation of mesoamerican mahogany (*Swietenia macrophylla*). *Agron. Cost.* 28(2):37 - 51.
- Palencia, G.; Mercado, T.; y Combatt, E. 2006. Estudio agroclimático del departamento de Córdoba. Facultad de Ciencias Agrícolas, Universidad de Córdoba. 126 p.
- Patterson, H. D. y Thompson, R. 1971. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. *Biometrika* 58:545 - 554.
- Pavlotzky, B. 2012. Ganancia genética esperada en *Acacia mangium* en San Carlos y Los Chiles, Costa Rica. Tesis Lic. Universidad Nacional, Escuela de Ciencias Ambientales, Heredia, Costa Rica. 56 p.
- Pavlotzky, B. y Murillo, O. 2012. Ganancia genética esperada en *Acacia mangium* en Los Chiles, Costa Rica. *Agron.. Mesoam.* 23(1):1 - 13.
- Resende, M.D.; Ugarte, J.; Cornelius, J.; y Filho, A. 2007. Aumento da eficiencia do melhoramento de espécies agroflorestais por meio de métodos acurados de seleção: uso do software SELEGEN. Red Panamazonica de Germoplasma Agroforestal. Boletín informativo, marzo de 2007 9 p.
- Resende, M. D. de. 2000. Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes. Colombo: EMBRAPA Florestas. EMBRAPA Florestas. Documentos 47. 101 p.
- Resende, M. D. 2002. Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes. Brasília: EMBRAPA Florestas. 975 p.
- Resende, M. D. de. 2006. O Software SELEGEN-REML/BLUP. Documentos EMBRAPA, Campo Grande. 305 p.
- Rincón, M. 2009. El sector forestal en Córdoba: Cadena productiva forestal madera y muebles departamento de Córdoba. Informe Cadena Forestal de Córdoba (Colombia), Febrero de 2009. Centro de Investigaciones Turipaná - Corpoica. 37 p.
- Rosales, L.; Wijoyo, F.; Dvorak, W.; y Romero, J. 1999. Parámetros genéticos y variación entre procedencias de *Schizolobium parahybum* (Vell.) Blake establecidas en Venezuela. *Foresta veracruzana* 1(2):13 - 18.
- Talbert, J.; Bridgwater, F.; y Lambeth, C. 1981. Tree improvement genetic testing manual. N.C. State University - Industry Cooperative Tree Improvement Program, School of Forest Resources, N.C.S.U.-Raleigh, N.C. 37 p.
- Vallejos, J.; Badilla, Y.; Picado, F.; y Murillo, O. 2010. Metodología para la selección e incorporación de árboles plus en programas de mejoramiento genético forestal. *Rev. Agron. Cost.* 34(1):105 - 119.
- Vencovsky, R. y Barriga, P. 1992. Genética biométrica no fitomelhoramento. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética. Brasil. 496 p.
- Zitácuaro, F. y Aparicio, A. 2004. Variación de altura y diámetro de plántulas de *Pinus oaxacana* Mirov. de poblaciones de México. *Foresta veracruzana* 6(1):21 - 26.