



EVALUACIÓN GENÉTICA DEL CRECIMIENTO INICIAL DE CLONES PUROS E HÍBRIDOS COMERCIALES DE *Eucalyptus* EN CORRIENTES, ARGENTINA

Augusto J. LÓPEZ¹, Juan A. LÓPEZ²; Nicolás I. STAHRINGER³, Humberto C. DALURZO³

RESUMEN

Un total de 19 clones comerciales generados por programas Públicos y Privados fueron implantados en una red de 4 ensayos ubicados en sitios representativos de las cuencas forestales de Corrientes. Dicho material corresponde a 15 clones puros de *Eucalyptus grandis*, 3 de *E. grandis* x *E. camaldulensis* y 1 de *E. grandis* x *E. urophylla*. El diseño experimental utilizado fue de bloques de tratamientos aleatorizados en parcelas de un solo árbol. Utilizando la metodología REML/BLUP se analizó el crecimiento inicial de la altura a los 17 meses de edad de los 4 ensayos, se estimó la magnitud de la interacción genotipo-ambiente, los valores genotípicos puntuales y sus respectivos intervalos de confianza. Dichos resultados son discutidos en el presente trabajo.

Palabras clave: *selección genética, valores genotípicos, interacción genotipo-ambiente*

1. INTRODUCCIÓN

En Argentina el 39,5 % de la superficie implantada con eucalipto se localiza en la provincia de Corrientes (SAGyP-DFI, 2024) y corresponde mayoritariamente a plantaciones de *Eucalyptus grandis*. Si bien la mayor parte de esta superficie ha sido implantada con material seminal, la incorporación de clones a las nuevas plantaciones está en continuo aumento (Dalla Tea, 2020). Dichos clones comercialmente disponibles en Argentina (*E. grandis* puro y en combinaciones híbridas con *E. camaldulensis*, *E. tereticornis* y *E. urophylla* principalmente) fueron generados por programas Públicos o Privados seleccionados en diversas situaciones, incluso fuera del país. Sin embargo, entre dichos materiales, al menos con los clones más difundidos, no existe o son muy parciales los nexos experimentales que permitan evaluar comparativamente el comportamiento sitio-específico de esos genotipos, siendo esta cuestión una demanda insatisfecha del sector productivo. Por tal motivo, en el año 2022 se instaló una red de ensayos en 4 sitios representativos de las cuencas forestales de Corrientes con el objetivo de abordar de manera integral aspectos genéticos, silvícolas y ambientales utilizando diferentes esquemas de competencia genotípica y de manejo, monitoreando *in situ* variables ambientales dentro y fuera de cada ensayo. Esta propuesta fue financiada de manera conjunta por un PROYECTO FEDERAL DE INNOVACIÓN (MINCyT-COFECyT) y el INTA (López et al., 2023). Uno de los esquemas de competencia genotípica incluido en dicho Proyecto se refiere al diseño de bloques de tratamientos aleatorizados en parcelas de un solo árbol (*Single Tree Plots*). Este diseño experimental es ampliamente utilizado en diferentes etapas de los Programas de Mejoramiento Genético Forestal y de Selección Clonal debido a su alta eficiencia estadística y por permitir la inclusión de numerosas accesiones ocupando una superficie reducida (White et al., 2007). Por ello, los objetivos del presente trabajo fueron: 1) analizar el crecimiento inicial a los 17 meses de edad de los 4 ensayos de la red instalada en la provincia de Corrientes con el diseño experimental antes descrito y 2) verificar la existencia de interacción genotipo-ambiente.

2. MATERIALES Y MÉTODOS

El material evaluado procede de los Programas de Selección/Mejoramiento del INTA, Pomera Maderas S.A., Forestal Argentina S.A. y Paul Forestal S.R.L. Un total de 19 clones fueron implantados en cada

¹ Grupo Forestal EEA INTA Bella Vista, e-mail: lopez.javier@inta.gob.ar

² Ex grupo Forestal EEA INTA Bella Vista

³ Cátedra de Manejo y Conservación de Suelos. Facultad de Ciencias Agrarias. UNNE



ensayo y corresponden a 15 clones puros de *Eucalyptus grandis* y 4 clones híbridos (*E. grandis* x *E. camaldulensis* y *E. grandis* x *E. urophylla*) (Cuadro 1).

Cuadro 1. Clones comerciales evaluados.

Clones puros e híbridos	Denominación	Obtotores
<i>Eucalyptus grandis</i>	EG-INTA-1, EG-INTA-35, EG-INTA-36, EG-INTA-152, EG-INTA-157, EG-INTA-164	INTA
	DDT2136, DDT2155, DDT2228	POMERA MADERAS S.A.
	FA 50, FA 60, FA 80, FA 81	FORESTAL ARGENTINA SA
	G492 PF, G629 PF	PAUL FORESTAL S.R.L.
<i>E. grandis</i> x <i>E. camaldulensis</i>	GC-INTA-24, GC-INTA-27	INTA
	DDX0078	POMERA MADERAS S.A.
<i>E. grandis</i> x <i>E. urophylla</i>	DDX0026	POMERA MADERAS S.A.

Los ensayos fueron instalados entre el 25 de octubre y el 9 de noviembre de 2022. El diseño experimental correspondió al de bloques de tratamientos aleatorizados en parcelas de un solo árbol con 18 repeticiones en el Sitio 1 y 20 repeticiones en los sitios 2, 3 y 4. La distancia de plantación en todos los ensayos fue de 4 m x 3 m y la silvicultura de establecimiento fue determinada por cada empresa. Durante los primeros meses posteriores a la implantación, se realizó un detallado muestreo de suelos de los sitios de estudio en conjunto con la Cátedra de Manejo y Conservación de Suelos (FCA, UNNE). Los análisis de las muestras obtenidas fueron realizados en el Laboratorio de dicha Cátedra. Un resumen de las determinaciones realizadas se presenta en la descripción de los sitios (Cuadro 2). Cabe destacar además que, durante los primeros meses desde la implantación de los ensayos, la provincia fue afectada por sequías asociadas al fenómeno “La Niña”. En este sentido, las precipitaciones acumuladas en los primeros 4 meses (noviembre 2022 - febrero 2023) correspondieron solo al 26,9 % en el Sitio 1; 48,0 % en el Sitio 2; 15,6 % en el Sitio 3 y 29,5 % en el Sitio 4 en relación a los promedios históricos obtenidos de las series meteorológicas de las empresas (Cuadro 2).

Cuadro 2. Descripción de las características generales de los diferentes sitios.

	Sitio 1	Sitio 2	Sitio 3	Sitio 4
Latitud (S)	28° 05' 08,9''	27° 43' 32,3''	29° 03' 27,0''	29° 37' 18,6''
Longitud (O)	55° 45' 54,0''	56° 28' 42,6''	58° 51' 10,7''	57° 06' 39,6''
Departamento	Santo Tomé	Ituzaingó	Lavalle	Paso de los Libres
Establecimiento	Garruchos	Puerto Valle	Las Taperitas	Buena Vista
PP (mm) ⁽¹⁾	1846 – 1395 – (180)	1712 – 1669 – (306)	1411 – 566 – (121)	1518 – 1101 – (176)
Serie de Suelo	ARROYO ITAEMBÉ	MARTINEZ CUÉ	CHAVARRÍA	ZUGASTI
Textura-drenaje	Arcilloso rojo bien drenado	Franco arenoso bien drenado	Arenoso de drenaje imperfecto	Franco arenoso de drenaje imperfecto
MO (%) ⁽²⁾	4,12 – 3,45	1,33 – 1,09	1,56 – 0,72	2,02 – 1,01
S/Bases (%) ⁽²⁾	90,6 – 84,7	77,8 – 58,6	94,6 – 96,5	95 – 90,3
Uso anterior	2 ^{da} rotación eucalipto	3 ^a rotación eucalipto	1 ^a rotación pino	1 ^a rotación pino
Fertilización ⁽³⁾	120 g/planta	120 g/planta	Sin fertilización	Sin fertilización

⁽¹⁾ PP precipitación media anual histórica – media anual 2022 – (**precipitación acumulada primeros 4 meses de los ensayos, nov. 2022 – feb. 2023**); ⁽²⁾ Materia Orgánica (MO) y Saturación de Bases (S/Bases) a las profundidades de 0-20 y 20-40 cm respectivamente; ⁽³⁾ **Sitios 1 y 2** 120g iniciales de N(15,5), P(39), K(6), Ca(0,5), Mg(1); **Sitio 3** Sin fertilización por sequía grave (G. Perrotti, comunicación personal, marzo 2023), **Sitio 4** Sin fertilización por política de la empresa (M. Spriegel, comunicación personal, noviembre de 2022).

En cada ensayo se midió altura total (ALT) y diámetro a 1,30 m (DAP) a los 17 meses de edad. Debido a la alta correlación genética observada entre ambos rasgos (Sitio 1=0,90, Sitio 2=0,82; Sitio 3=0,90 y Sitio 4=0,92) y dado que, la altura a edades juveniles se considera el mejor indicador de la calidad de sitio y, además, permite una mejor visualización de la velocidad de crecimiento inicial de los materiales evaluados, solo se presentan los resultados referidos a dicho rasgo.

La información fue procesada con la metodología de modelos mixtos utilizando el programa SELEGEN-REML/BLUP (versión 2014). Este *software* estadístico y de selección genética realiza la estimación de los componentes de varianza con el método REML (máxima verosimilitud restringida) y la predicción de los valores genotípicos con el procedimiento BLUP (mejor predictor lineal insesgado).



Para el análisis a nivel de sitios individuales, pares de sitios y para el conjunto de los 4 sitios la información fue analizada con los datos originales de ALT. No obstante, también para el análisis de pares de sitios y para el conjunto de los 4 sitios se realizó una estandarización de dichos datos dividiendo la altura de cada rameto por la desviación estándar fenotípica del bloque donde dicho rameto se encontraba ubicado. Esta estrategia (White et al., 2007) remueve los posibles efectos de escala que pueden causar una falsa interacción genotipo x ambiente debido a las diferencias en las varianzas fenotípicas entre sitios.

La significancia de los efectos aleatorios (clones) fue estimada a través de la Prueba de Razón de Verosimilitud (*LRT*: *likelihood ratio test*) confrontando con el valor de Chi cuadrado (χ^2) con 1 grado de libertad. A efectos de predecir las diferencias genotípicas entre los materiales estudiados, se estimaron los límites superior e inferior de los intervalos de confianza de los valores genotípicos (VG) por medio de la siguiente expresión: $VG \pm t \times \text{Desvío Estándar del VG}$, donde t es el valor de la distribución de t de Student al 95 % de confianza (Resende, 2002).

3. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La Prueba de Razón de Verosimilitud (*LRT*) cotejada con el test de Chi cuadrado, detectó diferencias significativas al 1 % para los efectos genotípicos (clones) en todos los análisis realizados (Cuadro 3).

Uno de los parámetros genéticos más importantes es la heredabilidad, ya que cuantifica la fracción de la variación total que es de naturaleza heredable. Desde el punto de vista práctico, al tratarse de clones, el parámetro indicado para la selección genotípica es la heredabilidad en sentido amplio a nivel de media de clones. Tal como se consigna en el Cuadro 3, los valores estimados para dicho parámetro fueron muy altos en todos los casos ($\hat{H}_{mc}^2 \geq 0,90$), indicando un alto control genético y buenas perspectivas para la selección/comparación de los materiales evaluados (Cuadro 3). Magnitudes de \hat{H}_{mc}^2 entre 0,75 y 0,92 fueron consignadas para el crecimiento en altura a edades juveniles por Ignacio-Sanchez et al. (2005), Moraes et al. (2014, 2015) y Nunez et al. (2018).

Cuadro 3. Parámetros genéticos de ALT (REML individual) a los 17 meses de edad a nivel de sitios individuales y del conjunto de los 4 sitios evaluados.

	Sitio 1	Sitio 2	Sitio 3	Sitio 4	Conjunto ^(SE)	Conjunto ^(E)
<i>LRT</i>	186,4**	125,7**	110,5**	106,0**	46,3**	52,9**
\hat{H}_{mc}^2	0,96	0,93	0,92	0,92	0,90	0,92
r_{gg}	0,98	0,97	0,98	0,97	0,96	0,96
\widehat{CV}_e %	8,13	7,17	10,06	14,63	9,87	9,01
\bar{x} (m)	9,44	10,64	8,14	7,86	9,01	7,51

^(SE) datos sin estandarizar; ^(E) datos estandarizados; *LRT* Prueba de Razón de Verosimilitud; ** significativo al 1 % test de Chi cuadrado; \hat{H}_{mc}^2 heredabilidad de la media de clones en sentido amplio considerando la media armónica del número de repeticiones; r_{gg} exactitud selectiva; \widehat{CV}_e % coeficiente de variación experimental; \bar{x} media general del experimento en metros.

Por su parte (Cuadro 3), la exactitud selectiva estimada (r_{gg}) varió entre 0,96 % y 0,98 %, evidenciando alta precisión en las inferencias de las medias genotípicas. Sumado a ello, los \widehat{CV}_e fueron bajos y los crecimientos medios observados para ALT (\bar{x} media general de los ensayos) fueron altos para todos los sitios (entre 7,86 m y 10,64 m).

Cuadro 4. Correlaciones genotípicas entre pares de sitios utilizando datos sin estandarizar (arriba de la diagonal) y estandarizados (debajo de la diagonal) y para el conjunto de los 4 sitios.

	Sitio 1	Sitio 2	Sitio 3	Sitio 4
Sitio 1		0,68	0,69	0,78
Sitio 2	0,77		0,74	0,85
Sitio 3	0,72	0,75		0,80
Sitio 4	0,80	0,94	0,80	
Conjunto (sin estandarizar)				0,76
Conjunto (estandarizado)				0,80



Las correlaciones genéticas entre pares de sitios (Cuadro 4) fueron moderadas a altas (0,68-0,85 con datos sin estandarizar y 0,72-0,94 con datos estandarizados). Para el conjunto de los 4 sitios fueron altas (0,76 y 0,80). En todos los casos la estandarización realizada, que lleva a la varianza fenotípica de cada sitio a un valor cercano a la unidad sin alterar las comparaciones relativas entre las medias de los genotipos (White et al., 2007), minimizó la magnitud de la interacción simple. Resultados similares de correlaciones genéticas entre sitios son mencionados por Furlan et al. (2020) para altura y diámetro al sexto año en clones de *Eucalyptus* ssp. (0,7 y 0,8 respectivamente).

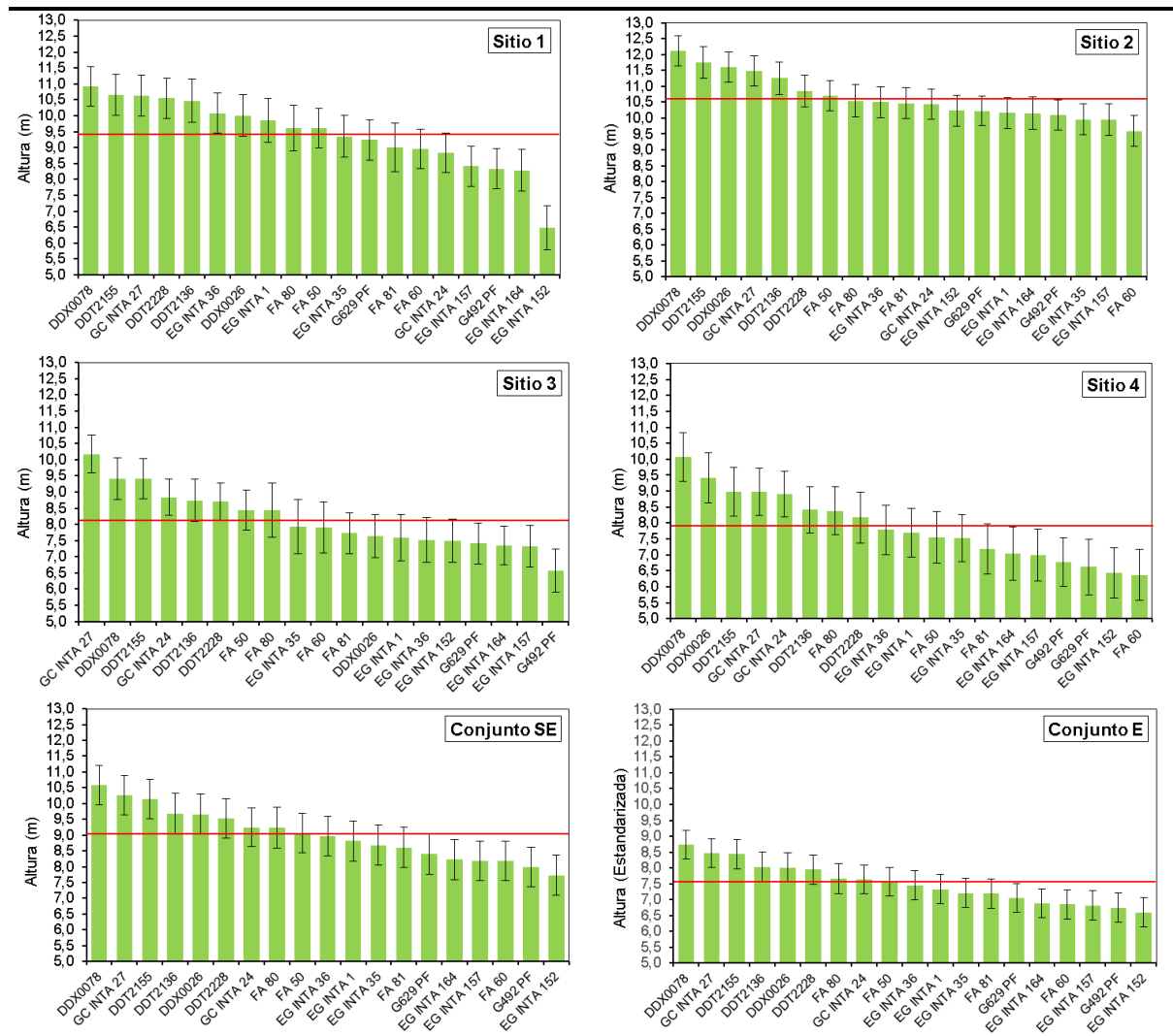


Figura 1. Valores genotípicos (VG) de los materiales evaluados a los 17 meses de edad en los 4 sitios y a través del análisis conjunto utilizando datos originales sin y con estandarización. Las barras verticales indican los límites superior e inferior de los intervalos de confianza al 95 %. La línea roja indica la media general de cada ensayo y de los análisis conjuntos.

Según Resende y Duarte (2007) cuando se evalúan tratamientos genéticos en experimentos de campo las medias fenotípicas no son adecuadas para hacer inferencias sobre los valores genotípicos (VG) dado que, los efectos de bloques y parcelas están integrados, en cierta medida, en las medias fenotípicas. Por ello, los VG libres de efectos ambientales (\bar{x} media general del experimento + el efecto genotípico estimado por el BLUP) permiten predecir las medias futuras de dichos materiales cuando vuelvan a ser implantados en los mismos sitios. En la Figura 1 se observan leves cambios en el orden de los valores genotípicos puntuales de los clones evaluados a pesar de las escasas precipitaciones ocurridas durante las primeras etapas de desarrollo, las diferencias en las Series de suelo, el uso anterior de los sitios y la silvicultura de establecimiento (Cuadro 3).

Sin embargo, además de la estimación puntual en términos de la inferencia estadística, Resende (2002)



menciona que la inferencia a través de intervalos de confianza proporciona mayor certidumbre a la hora de recomendar el uso de determinados genotipos. En este sentido, considerando el análisis con datos estandarizados (Figura 1, Conjunto E) los primeros 6 clones no se diferenciaron estadísticamente, teniendo en cuenta el solapamiento de los intervalos de confianza del 95 %. Así mismo y tomando arbitrariamente como base de comparación al último clon del grupo anteriormente mencionado (DDT2228), el mismo no se diferenció de los 8 clones siguientes (DDT2228 al G629 PF). Comparando con igual criterio el último clon (EG INTA 152) éste no se diferenció significativamente de los 9 clones anteriores (EG INTA 152 al EG INTA 36).

Las evaluaciones a los 17 meses de edad claramente no son concluyentes, si bien numerosos antecedentes muestran altas correlaciones entre edades juveniles, White et al. (2007) teniendo en cuenta aspectos genéticos, logísticos y económicos consideran la edad óptima de selección entre el 25 % y el 50 % del turno de cosecha. Sumado a ello, las escasas precipitaciones ocurridas durante los primeros meses de los ensayos, agravadas por precipitaciones inferiores al promedio histórico en el año 2022 en la mayoría de los sitios, podrían provocar el aumento de las diferencias entre clones. En este sentido, Bouvet (1997) sugiere que estas diferencias podrían reducirse al desaparecer las condiciones limitantes con el restablecimiento de las condiciones normales con relación al nivel de precipitaciones.

4. AGRADECIMIENTOS

Se agradece a Pomera Maderas S.A., Forestal Argentina S.A., Taperitas SA, Paul Forestales S.R.L., Decoppet S. A. y a los profesionales/responsables de estas que colaboraron con la preparación de los terrenos, logística, plantas y apoyo de campo para el desarrollo de esta investigación. Así también a los Auxiliares Juan Sanchez y Cristian Almirón del Grupo Forestal de la EEA Bella Vista.

5. BIBLIOGRAFÍA CITADA

- DALLA TEA, F. 2020. Tecnología del eucalipto: especies y clones para la cuenca del río Uruguay. Recuperado de: <https://maderamen.com.ar/desarrollo-forestal/2020/07/14/tecnologia-del-eucalipto-especies-y-clones-rio-uruguay/>
- BOUVET, J.M. 1997. Effect of spacing on juvenile growth and variability of *Eucalyptus* clones. Can. J. For. Res. 27: 174-179.
- IGNACIO-SANCHEZ, E.; VARGAS-HERNÁNDEZ, J.J.; LÓPEZ-UPTON, J.; et. al. 2005. Parámetros genéticos del crecimiento y densidad de madera en edades juveniles de *Eucalyptus urophylla* S. T. BLAKE Agrociencia 39: 469-479.
- LÓPEZ, A.J.; LÓPEZ, J.A. y STAHRINGER, N.I. 2023. Abordaje sincrónico, integral y transdisciplinario de aspectos silvícolas, genéticos y ambientales con clones de *Eucalyptus* en diferentes sitios de la provincia de Corrientes, Argentina. XIX Jornadas Técnicas Forestales y Ambientales. Eldorado, Misiones. 3p.
- MORAES, C.B.; FREITAS, T.C.M.; PIERONI, G.B.; et. al. 2014. Estimativas de parâmetros genéticos para seleção precoce de clones de *Eucalyptus* para região com ocorrência de geadas. Scientia Forestalis 42: 219-227.
- MORAES, C.B.; TAMBARUSSI, E.V.; ABÍLIO, F.M.; et al. 2015. Estimativas de parâmetros genéticos para la selección de clones de *Eucalyptus* en la región de Botucatu, SP. Rev. Inst. Flor. 27: 145-153.
- NUNEZ, A.C.P.; SANTOS, O.P., SANTOS, G.A.; RESENDE, M.D.V. 2018. Statistical strategies design based on competition classes of *Eucalyptus* clones. Industrial Crops & Products 124: 66–73.
- RESENDE, M.D.V. 2002. Genética biométrica y estadística no melhoramento de plantas perenes. Brasilia: Embrapa informação Tecnológica. 2002. ISBN 85-7383-161-8. 975 p.
- RESENDE, M.D.V. y DUARTE, J.B. 2007. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. Pesquisa Agropecuária Tropical 37: 182-194.
- SAGyP-Desarrollo Foresto Industrial, 2024. Tablero de Plantaciones Forestales. Datos actualizados a marzo de 2024. Disponible en <https://www.magyp.gob.ar/sitio/areas/desarrollo-foresto-industrial/>. Verificado el 05/05/2024.
- SELEGEN-REML/BLUP. 2014. Sistema Estatístico e Selecao Genetica Computadorizada. Versión Junho 2014. Embrapa-Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG. Copyright: INPI Nº 00052763.
- WHITE, T.L.; ADAMS, W.T. and NEALE, D.B. 2007. Forest genetics. CABI Publishing. ISBN 9780851993485. 704 p.