

VARIACION JUVENIL DE UN ENSAYO DE PROCEDENCIAS Y FAMILIAS DE *EUCALYPTUS GLOBULUS* SUBSP. *GLOBULUS* LABILL, EN LA SEPTIMA REGION, CHILE

R. H. IPINZA¹, XIMENA GARCÍA², L. APIOLAZA³, M^a. PAZ MOLINA⁴, P. CHUNG⁴ y P. PARRA⁴

RESUMEN

En el artículo se analiza un ensayo de progenie y procedencia establecido por el Instituto Forestal Chileno con semilla procedente del CSIRO (Australia). La presente evaluación corresponde cuando el ensayo tenía 4 años de edad. Su diseño es el de progenies o familias compactas en 10 bloques. Se probaron 35 procedencias más 6 testigos, que incluyen 2 lotes comerciales; el total de familias involucradas es de 224. Las parcelas principales dentro de cada bloque son las procedencias, donde se distribuyen al azar las distintas familias. La unidad experimental es la parcela en hileras compuesta por 4 plantas semifratría. El ensayo se realizó siguiendo las técnicas de establecimiento más apropiadas.

Finalmente, se muestra el modelo que permitió la estimación de los componentes de la varianza, con lo que se puede estimar las heredabilidades para las variables altura, diámetro, altura de cambio de hoja, volumen, doble guía, daño por plaga, daño por sequía, presencia de flores y fruto, forma del fuste y crecimiento en espiral. También se establecen las correlaciones genéticas y sus respectivos errores estándar.

INTRODUCCION

La creciente necesidad de establecer una estrategia de mejora para el género *Eucalyptus* requiere de una adecuada estimación de sus parámetros genéticos. En la actualidad es posible encontrar valores de heredabilidad en sentido restringido (h^2) y en sentido amplio (H^2) para los caracteres: altura, diámetro, densidad de la madera y forma de los árboles. Dichas estimaciones han sido establecidas por VOLKER, *et al* (1990) y BORRALHO, COTTERILL y KANOWSKI (1992) para *E. globulus*.

El objetivo de este trabajo es estimar los componentes de la varianza y analizar los patrones de variación genética de distintas procedencias y

familias Australianas de *Eucalyptus globulus* subsp. *globulus* en una estación de la VII Región de Chile.

MATERIAL Y METODO

Localización de la población base

El ensayo fue establecido en julio de 1989 en una estación que presenta una topografía plana, con depresiones suaves en algunos sectores. Se localiza en la Región VII, del Maule, en el predio San Agustín, de propiedad de la empresa Bosques de Chile S. A., a 25 km de la ciudad de Cauquenes (Latitud 35° 54' S y Longitud 72° 07' W). Su clima es el típico del secano interior, que se caracteriza por un período de sequía de cinco meses (abril a agosto), la precipitación media anual es de 717,3 mm, la evapotranspiración potencial de 1181 mm, la temperatura media anual es de 15,3°C, la temperatura máxima media es de 29,2°C, temperatura mínima media es de 4°C, el mes más frío es agosto, el mes con mayores heladas es julio.

Caracterización de la población australiana

La colección de semillas empleadas en el ensayo es

¹ Ingeniero Forestal, Doctor Ingeniero de Montes, Cooperativa de Mejoramiento Genético, UACH/CONAF/EMPRESAS FORESTALES.

² Ingeniero Agrónomo, Dep. de Producción Animal, Fac. de Cs. Agr. y Forestales de la U. de Chile.

³ Ingeniero Forestal, Cooperativa de Mejoramiento Genético, UACH/CONAF/EMPRESAS FORESTALES.

⁴ Ingeniero Forestal, División de Silvicultura, Instituto Forestal.

una muestra de semillas australianas de *Eucalyptus globulus* subsp. *globulus* Labill. de polinización libre. La colecta de semillas fue realizada por «Australian Tree Seed Centre, CSIRO Division of Forestry and Forest Products», en los años 1987 y 1988, siendo ésta parte de la colección «1988 Seed Collections of *Eucalyptus globulus* subsp. *globulus* for Tree Improvement Purposes» (GARDINER y CRAWFORD, 1988).

La muestra adquirida por el Instituto Forestal de Chile (INFOR) al CSIRO australiano representa una parte importante del área de distribución natural de la especie. Las semillas se encuentran individualizadas según lugar de origen (procedencia) y árbol madre (familia). La colección incluye 35 procedencias y 218 familias australianas, a las que se agregaron como testigos dos

procedencias nacionales (Talca y Area productora de semillas de la empresa Bosques de Chile S.A.), una muestra de huerto semillero (APPM, Tasmania, Australia), dos procedencias de *Eucalyptus globulus* ssp. *bicostata* y una procedencia de *E. globulus* ssp. *maidonii*.

En la Tabla I se muestra el número de la procedencia, el lote de la semilla y la localización de la colecta, la nomenclatura está de acuerdo a GARDINER y CRAWFORD (1988); en la Tabla II se indica, para cada una de las procedencias, su latitud, longitud, altitud, exposición y pH del suelo; en la Tabla III, finalmente, se ilustra el número de árboles madre de cada una de las procedencias de *E. globulus* ssp. *globulus* utilizados para conformar la población base.

TABLA I
PROCEDENCIA (P), LOTE DE SEMILLA Y LOCALIDAD DE *E. GLOBULUS* SSP. *GLOBULUS*

Procedencia (P)	Lote	Localidad de la procedencia
1	16233	19km W of Apollo Bay PO on Calder Track, Orway National Park, Victoria.
2	16224	21.6km SW of Apollo Bay PO, on southern end Parker Road, Orway National Park, Victoria
3	16240	Orway State Forest, Victoria
4	16319	Jeeralang North via Traralgon, Victoria
5	16398	Hodgson and Morgans Roads, 1.6km NW of Hedley, Victoria
6	16399	Wilson's Promontory Lighthouse, 22km SE of Tidal River, Victoria.
7	16400	Longstaffs Road, 8.5km North of Toora PO, via Sillocks Hill Road, Victoria.
8	16402	Coopers No. 2 Track, 5.4km W of Kennett River Store via Grey River Road, Victoria.
9	16406	5 Mile Road, 2.4km NW of Lorne PO, via Great Ocean Road and Waverly Avenue, Victoria.
10	16407	Hendersons Track, 17.1km West of Lorne PO, via Allenvale and Sharps Roads, Victoria.
11	16410	Badgers Creek Quarry Road, 23,7km south of Zeehan via road to Strahan, Tasmania.
12	16411	Humbugg Hill, near Binalong Bay, approximately 10km NE of St Helens, Tasmania.
13	16412	Little Henty River. Approximately 2.5km SE of Trial Harbour, Tasmania.
14	16417	N Cape Barren Island - south west of Apple Orchard Point, Tasmania.
15	16419	NW Cape Barren Island - Big Hill Creek, Tasmania.
16	16421	SW Cape Barren Island - east of Modder River, Tasmania.
17	16422	Maquarie Harbour - Double Cove, Tasmania.
18	16424	King Island, Tasmania.
19	16425	Eastern edge of Strzelecki National Park, southern Flinders Island, Tasmania.
20	16426	Near Palana, north west Flinders Island, Tasmania.
21	16427	Edens Road, northern Flinders Island, Tasmania.
22	16429	Five Mile Road, central Flinders Island, Tasmania.
23	16431	Flinders Island state Forest, central Flinders Island, Tasmania.
24	16432	Middle Patriarch, eastern Flinders Island, Tasmania.
25	16433	Lower slopes of Darling Range, central Flinders Island, Tasmania.
26	16434	Badger Corner Road, southern Flinders Island, Tasmania.
27	16470	Moogara - Uxbridge area, south of Glenora, Tasmania.
28	16471	North - west of Dover, Hopetown Road and Huon Highway, Tasmania.
29	16472	Dry Poles Road and Belchers Lookout, Ellendale, Tasmania.

(continúa)

TABLA I (Cont.)

PROCEDENCIA (P), LOTE DE SEMILLA Y LOCALIDAD DE *E. GLOBULUS* SSP. *GLOBULUS*

(P)	Procedencia Lote	Localidad de la procedencia
30	16473	Mr Dromedary, NE of New Norfolk, Tasmania.
31	16474	German Town, St Mary's Pass State Reserve and Picaninny Swamp, North of St Marys, Tasmania.
32	16475	Midland Highway, South - west of Jericho, Tasmania.
33	16476	Haulage Road, South of Geevston, Tasmania.
34	16477	Old Road near Castle Forbes Bay, North of Geevston, Tasmania.
35	16478	Nubeena Road near Koonya, Tasman Peninsula, Tasmania.

TABLA II

LOCALIZACION Y CARACTERES FISIOGRAFICOS PARA CADA UNA DE LAS PROCEDENCIAS (P)
DE *E. GLOBULUS* SSP. *GLOBULUS*

P	Latitud	Longitud	Altitud (m s.n.m.)	Exposición	pH
1	38° 46'S	143° 32'E	200	N+S	6,0
2	38° 49'S	143° 34'E	130-160	SE+SW	4,0
3	38° 45'S	143° 27'E	100-200	-	6,0
4	38° 19'S	146° 33'E	220	-	-
5	38° 38'S	146° 30'E	20	-	6,0
6	39° 08'S	146° 25'E	60	varias	6,0
7	38° 37'S	146° 21'E	160-200	S	6,0
8	38° 39'S	143° 48'E	200-300	varias	4,5
9	38° 31'S	143° 57'E	160-200	NE-NW	5,0
10	38° 32'S	143° 56'E	140-280	N-S	4,5
11	41° 59'S	145° 18'E	120	NNW	4,5
12	41° 16'S	148° 18'E	120	N-S	6,5
13	41° 56'S	145° 12'E	10	NW-SW	5,5
14	40° 22'S	148° 13'E	20	varias	4,5-5,0
15	40° 21'S	148° 07'E	20	N	6,0
16	40° 26'S	148° 03'E	40	E-W	6,5
17	42° 20'S	145° 20'E	20	ENE	-
18	40° 00'S	144° 00'E	20-100	plano	6,0-7,5
19	40° 14'S	148° 08'E	120	N	6,5
20	39° 46'S	147° 52'E	20	NE	6,0
21	39° 45'S	147° 57'E	20-60	ENE	6,5
22	39° 55'S	147° 57'E	40	varias	7,0
23	40° 02'S	148° 01'E	140-240	N-S	6,5
24	39° 59'S	148° 11'E	60	WNW	-
25	40° 04'S	148° 04'E	140-160	SSW	7,5
26	40° 16'S	148° 10'E	5-20	S	-
27	42° 47'S	146° 55'E	500	N	6,0
28	43° 16'S	146° 59'E	190	N	6,5
29	42° 38'S	146° 42'E	460	varias	6,0
30	42° 43'S	147° 09'E	300	SE	6,0
31	41° 34'S	148° 12'E	400	N	6,0
32	42° 25'S	147° 16'E	500	W	6,0
33	43° 12'S	146° 54'E	250	N	6,0
34	43° 08'S	146° 57'E	200	varias	7,0
35	43° 04'S	147° 50'E	20	N-S	7,0

TABLA III
 NUMERO DE FAMILIAS DE PROCEDENCIAS (P) DE *E. GLOBULUS* SSP. *GLOBULUS* CONSIDERADAS
 EN LA POBLACION BASE DE SAN AGUSTIN

P	Familias	Total
1	1,2,3,4	4
2	5,6,7,8,9,10,11	7
3	12,13,14,15,16,17,18,19,20,21,22,23,24,25,26,27,28,29	18
4	30,31,32,33,34,35,36,37,38,39,40,41,42,43,44,45,46,47,48,49,50,51,52,53,54,55,56,57,58,59	30
5	61,63,64,65	4
6	66,67,68,69,70,71,72,73,74	9
7	75,76	2
8	77,78,79,80,81,82	6
9	83,84,85,86,87,88	6
10	89,90,91,92,93,94,95,96,97	9
11	98,99,101,102,103,104,105,106	8
12	107,108,109,110,111,113	6
13	114,115,116,117,118,119	6
14	120,121,122,123,124	5
15	125,126,127,128,129,130,131	7
16	132,133,134,135	4
17	136,137,138	3
18	139,140,141,142	4
19	143,144,145	3
20	146	1
21	147,148,149	3
22	150,152,153,154,155	5
23	156,157,158,159,160,161,162,163	8
24	164	1
25	165,166,167	3
26	168,169,170	3
27	171,172,173,174,175,176,177,178,179,180,181,182,183,184,185,186	16
28	187,188,189,190,191	5
29	192,193,194,195,196	5
30	197,198,199,200	4
31	201,202,203,204,205	5
32	206,207,208,209,210	5
33	211,212,213,214,215,216,217	7
34	218,220	2
35	221,222,223,225	4
36	226,227,228,229,230,231	6
	TOTAL	224 FAMILIAS

Establecimiento

El ensayo se estableció en la segunda semana de Julio de 1989 en el predio San Agustín. Anteriormente, el suelo estuvo destinado a un uso agrícola de cultivo de cereales y praderas.

La producción de plantas se llevó a cabo en Santiago de Chile, en el vivero que para estos fines dispone INFOR. Se emplearon bolsas de plástico

de 583 cm³ de volumen de sustrato. Las plantas fueron marcadas con etiquetas de aluminio para mantener la identificación de las familias durante todo el proceso de establecimiento y para la medición del primer control.

Un mes antes de la plantación se efectuó la preparación del suelo, para ello se subsoló a una profundidad de 70 cm con un solo «rooter» sobre la línea de plantación. La maquinaria utilizada para

esta faena fue un bulldozer Komatsu D7, el que tuvo un rendimiento de 4 horas/ha. Además se realizó un «bedding», es decir se aró sobre la línea de plantación con un tractor agrícola de 3 discos (Fiat 700) y luego se pasó una rastra en la misma dirección con un tractor agrícola de 8 discos (John Deer). Debido al uso anterior de la tierra y a la maquinaria empleada, la preparación del sitio resultó muy homogénea.

Entre los días 4 y 10 de septiembre de 1989 se aplicó la siguiente dosis de fertilizante por planta: 60 g de Urea, 100 g de Superfosfato triple, 40 g de Sulfato de potasio y 20 g de Boronatrocalcita. La aplicación se hizo a través de dos zanjas paralelas a 20 cm del cuello de la planta y a una profundidad entre 5 y 10 cm. El control de maleza, en forma manual a la taza, se realizó la segunda semana de Noviembre del mismo año de plantación, manteniendo las plantas libres de competencia, principalmente de vegetación herbácea.

Durante la última semana de enero de 1990 se hizo un riego al ensayo, en el cual se aplicaron 5 l de agua por planta. En la segunda semana de diciembre del mismo año fue preciso aplicar igual volumen.

Diseño experimental

El diseño experimental es el de familias compactas en bloques al azar (PANSE y SUKHATME, 1963). La parcela principal es la procedencia. Dentro de cada procedencia se distribuyen al azar las familias en subparcelas de 4 plantas en hilera. Cada procedencia cuenta con 10 repeticiones o bloques. Este diseño fue sugerido por SHIMIZU (1988), para establecer las poblaciones bases del programa de mejora genética del Instituto Forestal. Este ensayo ocupa una superficie de 6,5 ha. El espaciamiento es de 2,5 x 2,5 metros.

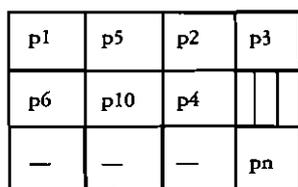
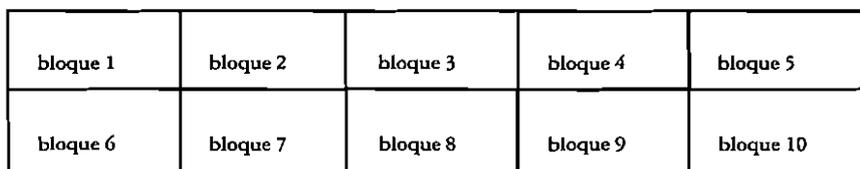
En la Figura 1 se indica un esquema del diseño de familias compactas.

Mediciones

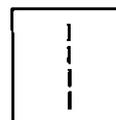
Las variables consideradas en el análisis son las siguientes:

- alt1: altura año 1
- alt2: altura año 2
- alt3: altura año 3
- alt4: altura año 4
- altch4: altura de cambio de hoja de juveniles a adultas, al año 4

BLOQUES DE FAMILIAS COMPACTAS



BLOQUE CON PROCEDENCIAS



FAMILIA DENTRO DE PROCEDENCIA

Fig. 1: Esquema del diseño en familias compactas utilizado para conformar la población base de *E. globulus* ssp. *globulus* del predio San Agustín.

- diam2: diámetro a la altura del pecho, al año 2
- diam3: diámetro a la altura del pecho, al año 3
- diam4: diámetro a la altura del pecho, al año 4
- vol4: volumen al año 4
- dg3: doble guía al año 3
- dg4: doble guía al año 4
- dp4: daño por plaga al año 4
- pfof4: presencia de flores y frutos al año 4
- var23: daño por sequía ocurrida entre el año 2 y 3
- var33: forma del fuste medido en el año 3
- var34: crecimiento en espiral medido entre el año 3 y 4

El ensayo ha sido medido en cuatro ocasiones:

— En noviembre de 1989 inmediatamente después de la plantación, momento en el cual se midió la altura y el estado de la planta

— En abril de 1990, se hizo el segundo control, registrándose la altura, el diámetro a nivel del cuello y el estado de la planta

— En abril de 1991 se realizó el tercer control y en él se midió la altura, el diámetro a nivel del cuello, el daño por sequía, la forma del fuste y el estado de la planta. De esta última variable se separó una: doble guía, con valores 1, si estaba presente y 0 si no lo estaba

— En junio de 1992 se efectuó el cuarto control, en el que se registraron la altura del árbol, el diámetro a la altura del pecho (DAP), la altura de las hojas jóvenes o altura de cambio de hoja, el volumen, la forma del fuste, el crecimiento en espiral y el estado de la planta. De esta variable se obtuvieron 3 diferentes: daño por plaga, doble guía y madurez reproductiva.

Adicionalmente, en este último control, se hizo un muestreo en todos los bloques y procedencias de hojas con daño aparente de plagas y enfermedades para identificar a los agentes causantes.

Análisis de datos

— ESTIMACION DEL VOLUMEN

A partir de las variables DAP y altura se estimó el volumen individual, con la ecuación de DÍAZ (1984), que tiene la siguiente forma:

$$V = 0,0127 + 0,00002668 \times DAP^2 \times H$$

donde,

V = Volumen sin corteza (m^3)

DAP = Diámetro a la altura del pecho (cm)

H = Altura total (m)

— ANALISIS DE VARIANZA

Los componentes de varianza se obtuvieron de acuerdo a un modelo que incluyó los efectos de bloque, procedencia, familia dentro de procedencia y las interacciones bloque \times procedencia y bloque \times familia(procedencia). Por tratarse de un diseño desbalanceado y por la gran cantidad de datos fue necesario realizar el análisis de varianza en dos etapas. La primera (ANDEVA 1), con los promedios de los cuatro árboles de cada familia en cada bloque y la segunda (ANDEVA 2), con los datos individuales (BECKER, 1984).

El ANDEVA 1 (Tabla IV) se efectuó de acuerdo al siguiente modelo:

$$Y_{ijk} = \mu + B_i + P_j + (B \times P)_{ij} + F(P)_{jk} + e_{ijk}$$

donde:

B_i = efecto del i -ésimo bloque $i = 1, \dots, 10$

P_j = efecto de la j -ésima procedencia $j = 1, \dots, 36$

$(B \times P)_{ij}$ = efecto de la interacción bloque \times procedencia

$F(P)_{jk}$ = efecto de la k -ésima familia dentro de la j -ésima procedencia, $k = 1, \dots, 224$

e_{ijk} = efecto de la interacción entre bloque y familia dentro de procedencia o error experimental.

De este análisis se obtuvieron los componentes de varianza que se indican en el ANDEVA 1, donde:

n_k = recíproco de la media armónica

$$n_k = 1/ij \times \sum \sum 1/n_{ij}$$

n_{ij} = número de medios hermanos maternos por bloque

El ANDEVA 2 (Tabla V) se realizó con los datos individuales según el modelo:

$$Y_{ijkl} = \mu + (B \times F(P))_{ijk} + e_{ijkl}$$

donde,

$(B \times F(P))_{ijk}$ = efecto de la k -ésima familia dentro de la j -ésima procedencia en el i -ésimo bloque

TABLA IV

ANDEVA 1. PRIMER ANALISIS DE VARIANZA, CON LA FUENTE DE VARIACION, GRADOS DE LIBERTAD (gl), CUADRADO MEDIO (CM) Y LA ESPERANZA DE LOS CUADRADOS MEDIOS

Fuente de variación	gl	CM	Esperanza de los Cuadrados Medios
Bloque (B)	b-1	CMb	$n_k \sigma_e^2 + \sigma_{b \times f}^2 + k_6 \sigma_{b \times p}^2 + k_7 \sigma_b^2$
Proc (P)	p-1	CMp	$n_k \sigma_e^2 + \sigma_{b \times f}^2 + k_3 \sigma_{b \times p}^2 + k_4 \sigma_f^2 + k_5 \sigma_p^2$
B x P	(b-1)(p-1)	CMb x p	$n_k \sigma_e^2 + \sigma_{b \times f}^2 + k_2 \sigma_{b \times p}^2$
Fam (P)	f-p	CMf	$n_k \sigma_e^2 + \sigma_{b \times f}^2 + k_1 \sigma_f^2$
B x Fam (P) o error	n-f-p(b-1)	CMe	$n_k \sigma_e^2 + \sigma_{b \times f}^2$

TABLA V

ANDEVA 2. SEGUNDO ANALISIS DE VARIANZA, CON LA FUENTE DE VARIACION, GRADOS DE LIBERTAD (gl), CUADRADO MEDIO (CM) Y LA ESPERANZA DE LOS CUADRADOS MEDIOS

Fuente de variación	gl	CM	Esperanza de los Cuadrados Medios
B x Fam (P)	n-f-p(b-1)	-	-
Error	p(b-1) + (f-1)	CMe	σ_e^2

e_{ijkl} = error experimental
entonces:

$$\sigma_e^2 = CMe \text{ (ANDEVA2)}$$

$$\sigma_{b \times f}^2 = CMe \text{ (ANDEVA1)} - n_k \times CMe \text{ (ANDEVA2)}$$

$$\sigma_f^2 = (CMf - CMe \text{ (ANDEVA1)}) / k_1$$

$$\sigma_{b \times p}^2 = (CMb \times p - CMe \text{ (ANDEVA1)}) / k_2$$

$$\sigma_p^2 = (CMp - CMe \text{ (ANDEVA1)} - k_3 \times \sigma_{b \times p}^2 - k_4 \times \sigma_f^2) / k_5$$

$$\sigma_b^2 = (CMb - CMe \text{ (ANDEVA1)} - k_6 \times \sigma_{b \times p}^2) / k_7$$

— PARAMETROS GENÉTICOS

Los parámetros genéticos se estimaron mediante un análisis de medios hermanos maternos.

La heredabilidad individual (h^2) corresponde al porcentaje de varianza fenotípica total, que se debe a efectos genéticos aditivos e indica en qué grado el fenotipo de un individuo, es un buen estimador de su valor de cría o valor genético aditivo.

Se evitó una sobreestimación de la heredabilidad individual incluyendo en el denominador el tér-

mino σ_b^2 , lo que a su vez supone que, al momento de seleccionar, las mediciones no serán corregidas por efecto bloque (COTTERILL, 1987). Se excluyó del denominador el componente de varianza de procedencias debido a que puede considerarse como efecto fijo y además a que la heredabilidad (h^2) tendrá su aplicación práctica en la selección de los mejores individuos de esta población:

$$h_2 = 2,86 \times \sigma_f^2 / (\sigma_e^2 + \sigma_{b \times f}^2 + \sigma_f^2 + \sigma_b^2)$$

donde,

σ_e^2 = Varianza debido al error

$\sigma_{b \times f}^2$ = Varianza debido a la interacción bloque - familia

σ_f^2 = Varianza debido a las familias

σ_b^2 = Varianza debido a los bloques

El factor 2,86 es el inverso de un coeficiente de parentesco (r) igual a 0,35 para progenies originadas por polinización abierta. Este valor esta basado en el supuesto que el 20% de la progenie del ensayo fue originada por autofecundación (BATON, L., 1992). Este coeficiente puede ser leído directamente de la tabla de SQUILLACE (1974) bajo la

suposición que hay 20% de autofecundación y en la polinización participan 30 donantes de polen no emparentados.

El error estándar de la heredabilidad individual se estimó, en forma aproximada, según BECKER (1984):

$$SE(h^2) \approx \sqrt{((2,86)^2 \times \text{var}(\sigma^2_{\rho})) / (\sigma^2_e + \sigma^2_{b \times f} + \sigma^2_f + \sigma^2_b)^2}$$

donde,

$$\text{var}(\sigma^2_{\rho}) = (2/k_1^2) \times ((CMf^2/g_1f + 2) + (CMe (ANDEVA1)^2/g_1e + 2))$$

Las correlaciones genéticas miden el grado de asociación que existe entre los valores genéticos aditivos de dos características en un individuo. La correlación fenotípica mide, en cambio, el grado de asociación que hay entre los valores fenotípicos de dos características en un individuo. La correlación genética puede definirse también, como un parámetro genético que mide el grado de asociación entre una característica en los padres y otra en la descendencia. Por lo tanto sirve para estimar la respuesta correlacionada a la selección.

Las correlaciones genéticas se estimaron mediante el mismo modelo anterior, y los componentes de covarianza necesarios se despejaron de las varianzas de las sumas:

$$V(x+y) = V(x) + V(y) + 2 \times \text{Cov}(x,y)$$

por lo tanto

$$\text{cov}_f(x,y) = [\sigma^2_f(x+y) - \sigma^2_f(x) - \sigma^2_f(y)]/2$$

$$r_g = \frac{\text{cov}_f(x,y)}{\sqrt{\sigma^2_f(x) \times \sigma^2_f(y)}}$$

Los errores estándar de las correlaciones genéticas se calcularon de acuerdo a Falconer (1981), como:

$$SE(r_g) \approx ((1-r_g^2)/\sqrt{2}) \times \sqrt{(SE(h^2_x) \times SE(h^2_y)) / (h^2_x \times h^2_y)}$$

RESULTADOS Y DISCUSION

Las procedencias y familias de *Eucalyptus globulus* subsp. *globulus* ensayadas en el predio San Agustín demuestran un desarrollo importante, lo que reafirma que una intensa preparación del sitio y

cuidados culturales adecuados son imprescindibles para alcanzar altos niveles de desarrollo y homogeneidad en la plantación.

El modelo utilizado contempla el efecto bloque, para evaluar si el genotipo se comporta de la misma manera en diferentes ambientes o macrositios. El efecto procedencia es uno de los más interesantes para la selección de semilla. La interacción bloque - procedencia evalúa el comportamiento de la procedencia en los distintos macrositios del ensayo. El efecto de la familia dentro de la procedencia, refleja la variabilidad genética de las familias y por último la interacción bloque - familias muestra cómo varían las familias dentro de micrositos del ensayo.

En la Tabla VI se presentan los porcentajes de la variación total, explicados por cada uno de los componentes de varianza, para cada característica analizada. Se observa que la procedencia es una fuente importante de variación, especialmente para la altura, no así para el diámetro y el volumen. En el momento de la plantación, la procedencia y la familia tienen un fuerte efecto sobre la altura, efecto que disminuye posteriormente, en cambio el bloque, en menor magnitud y las interacciones bloque \times procedencia y bloque \times familia(procedencia) aumentan su importancia a medida que el árbol crece. En las variables discretas, especialmente doble guía y daño por plaga, la mayor parte de la variación no es explicada por el modelo. La madurez reproductiva y la forma de fuste en el control 4 son una excepción dentro de las variables discretas, ya que un menor porcentaje de su variación se debe a efectos no incluidos en el modelo. Llama la atención además, la alta variabilidad entre bloques que presenta esta última característica.

El DAP (diam4) presenta en los bloques una importante fuente de variación, de igual forma las interacciones con este factor. Un comportamiento similar es observado en la variable volumen. En la altura de cambio de hoja la fuente conocida más importante es la procedencia.

La variable doble guía no muestra un control genético con las fuentes de variación analizadas. En cambio, por otro lado es interesante observar el comportamiento de la forma en la última medición ya que el efecto bloque es responsable de un importante porcentaje de la variación observada.

TABLA VI
PORCENTAJE DE LA VARIACION TOTAL EXPLICADA POR CADA UNO DE LOS COMPONENTES DE VARIANZA

Rasgos	Vb %	Vp %	Vb x p %	Vf %	Vb x f%	Ve %
alt1	0,54	30,41	1,07	14,38	2,97	50,59
alt2	2,59	13,09	7,99	6,78	6,80	62,73
alt3	3,93	12,14	13,50	5,19	9,57	55,63
alt4	8,13	14,07	16,50	4,19	13,10	43,98
altch4	2,96	15,89	6,23	8,22	7,79	58,89
diam2	5,22	3,74	10,05	4,31	6,36	70,29
diam3	7,44	6,34	11,23	4,84	7,63	62,48
diam4	15,42	7,67	12,48	3,70	10,65	50,05
vol4	13,81	4,21	17,18	2,64	12,35	49,78
dg3	1,49	0,69	1,62	0,10	0,77	95,29
dg4	1,04	0,15	0,61	0,07	9,03	89,06
dp4	0,39	0,24	0,32	0,60	15,33	83,09
pfof4	0,51	7,30	6,20	7,14	22,01	56,81
var23	0,32	1,95	7,25	2,19	11,93	76,34
var33	3,80	10,01	3,49	4,35	6,75	71,58
var34	32,79	5,25	3,00	1,61	5,58	51,74

En la Tabla VII se muestran los niveles de heredabilidad y errores estándar de las distintas características analizadas. En términos generales, los índices de herencia son medianos a bajos, exceptuando la altura en el primer control cuya heredabilidad es alta. La disminución de este parámetro a medida que el árbol aumenta en altura, se debe principalmente al aumento del

efecto bloque y de las interacciones. Las variables discretas, excepto madurez reproductiva, tienen índices de herencia cercanos a cero.

La heredabilidad en la altura medida en cuatro oportunidades exhibe una disminución progresiva a medida que el árbol crece. La alta heredabilidad inicial se explica en parte a los efectos maternal y de ambiente común en vivero. El alto nivel

TABLA VII
HEREDABILIDAD Y ERRORES ESTANDAR

Rasgos	h ²	SE (h ²)
alt1	0,601	0,0684
alt2	0,246	0,0342
alt3	0,200	0,0309
alt4	0,173	0,0311
altch4	0,302	0,0421
diam2	0,143	0,0235
diam3	0,168	0,0266
diam4	0,133	0,0248
vol4	0,096	0,0221
dg3	0,003	0,0093
dg4	0,002	0,0129
dp4	0,017	0,0163
pfof4	0,236	0,0405
var23	0,069	0,0185
var33	0,144	0,0243
var34	0,050	0,0131

de acondicionamiento al que son sometidas las plantas en el vivero tienden a retardar la expresión del genotipo de las plántulas. Particularmente, el año 1989 - 90, año de plantación fue un período de sequía, razón por la cual se regó en enero de 1990 y se midió en Marzo del mismo año. Entonces esta alta variabilidad inicial se debe principalmente al efecto homogenizador del riego.

Los valores posteriores tienden a disminuir y estabilizarse alrededor de 0,17. Esto ya se debe a la manifestación del genotipo.

La altura de cambio de hoja (alch4) muestra un alto valor de heredabilidad, 0,3, el que expresa la capacidad de trasmisión de padres a hijos. Esta es una característica interesante desde el punto de vista de la biomasa de los individuos, dado que la mayor cantidad y persistencia de las hojas juveniles conllevan el aumento de la capacidad fotosintética de los árboles debido principalmente al aumento de superficie foliar. Por lo tanto en las selecciones futuras de individuos, la altura de cambio de hojas debiera considerarse con una alta ponderación.

Las correlaciones genéticas entre mediciones contiguas de la altura son altas (Apéndice 1). A medida que los controles se distancian estos valores disminuyen. La altura de las hojas jóvenes tiene una asociación genética baja, cercana a cero,

con la mayoría de las características. Una excepción es la variable doble guía medida en los controles 3 y 4 con la que tiene una correlación negativa mediana, pero con altos errores estándar (Apéndice 1).

Las mediciones de altura se relacionan alta y positivamente con los diámetros y con el volumen y en forma negativa con doble guía. La correlación con daño por plaga es errática y con madurez reproductiva es baja positiva a baja negativa. Las asociaciones con daño por sequía y forma de fuste son bajas positivas en las primeras mediciones, pero aumentan posteriormente.

Las correlaciones entre diámetros y volumen, son altas (Apéndice 1). El daño por sequía y la forma del fuste tienen correlaciones altas con diámetro pero erráticas con volumen. Doble guía tiene, en general, correlaciones negativas con diámetro y volumen. Daño por plaga y madurez reproductiva presenta valores bajos con diámetro y volumen.

Los errores estándar de las correlaciones genéticas asociadas a doble guía y daño por plaga son altos. En ocasiones su estimación fue imposible, probablemente por la distribución no normal de la información.

La característica crecimiento en espiral (var24), no tiene suficiente número de informaciones por lo tanto no pudo ser analizada.

SUMMARY

In this paper a 4 year old test of provenance and progeny was analyzed. The test was established by INFOR (Instituto Forestal) with seed provided by CSIRO (Australia). This study consisted on a compact family design in 10 blocks. Thirty-five provenances and check lots (including two commercial lots) were tested and a total of 224-families were involved in this study. Within each block a main plot was established based on provenance within which the families were distributed. The experimental unit consisted of a 4-tree rowplot of half-sibs.

A statistical model is presented to estimate variance components. Heritabilities were calculated for total height, diameter, height of leaf change, volume, forking, pest damage, drought damage, presence of flowers and fruits, stem form, and spiral growth. The genetics correlations and their respective standard errors were also estimated.

APENDICE 1

CORRELACIONES GENÉTICAS Y ERRORES ESTANDAR ENTRE PARENTESIS

	alt1	alt2	alt3	alt4	diam2	diam3	diam4	altch4	vol4	dg3	dg4	dp4	pfof4	var23	var33	var34
alt1	0,7958 (0,0326)	0,5307 (0,0673)	0,5404 (0,0717)	0,5526 (0,0672)	0,4863 (0,0725)	0,5628 (0,0705)	0,0607 (0,0887)	0,7974 (0,0417)	-0,3443 (0,3693)	-0,5281 (0,4116)	-0,0711 (0,2297)	0,0221 (0,0985)	0,2564 (0,1152)	0,2626 (0,0913)	0,2293 (0,1154)	
alt2		0,8320 (0,0319)	0,7562 (0,7562)	0,6556 (0,0610)	0,6693 (0,0579)	0,7511 (0,0497)	0,0152 (0,0984)	0,8820 (0,0281)	-0,7103 (0,2295)	-0,0989 (0,6249)	0,1861 (0,2464)	0,0148 (0,1090)	0,4974 (0,1026)	0,4888 (0,0825)	0,3102 (0,1217)	
alt3			0,8477 (0,0332)	0,6493 (0,0651)	0,7831 (0,0428)	0,8203 (0,0393)	0,0568 (0,1034)	* *	-0,2443 (0,4588)	* *	* *	-0,3025 (0,1043)	0,6800 (0,0772)	0,6470 (0,0664)	0,4079 (0,1182)	
alt4				0,6361 (0,0724)	0,8618 (0,0307)	0,9417 (0,0147)	0,1023 (0,1108)	0,9610 (0,0110)	-0,8359 (0,1588)	-0,8360 (0,2162)	0,1623 (0,2828)	-0,1691 (0,1205)	0,3069 (0,1406)	0,5705 (0,0832)	0,5759 (0,1024)	
diam2					0,8231 (0,0368)	0,8046 (0,0437)	-0,0261 (0,1069)	0,9466 (0,0143)	-0,5042 (0,3754)	-0,0829 (0,6810)	0,0743 (0,2759)	0,0135 (0,1184)	0,6861 (0,0784)	0,6061 (0,0745)	0,4710 (0,1138)	
diam3						*	0,0974 (0,1040)	* *	-0,1312 (0,4856)	* *	0,3505 (0,2389)	0,0083 (0,1163)	0,7086 (0,0724)	0,5921 (0,0751)	0,6681 (0,0795)	
diam4							0,2176 (0,1088)	0,9932 (0,0020)	-0,3337 (0,4776)	-0,4655 (0,5736)	-0,1205 (0,2919)	-0,0705 (0,1258)	0,4647 (0,1241)	0,6558 (0,0717)	0,6264 (0,0949)	
altch4								0,2013 (0,1215)	-0,4671 (0,3623)	-0,3278 (0,5635)	0,2636 (0,2376)	-0,0606 (0,0257)	0,0158 (0,1364)	0,1079 (0,1072)	0,2918 (0,1232)	
vol4									-0,5204 (0,4345)	-0,2828 (0,7470)	0,0436 (0,3278)	-0,0766 (0,1394)	* *	* *	0,6231 (0,1060)	

* Información fuera de rango.

BIBLIOGRAFÍA

- BECKER, W., 1984: *Manual of quantitative genetics*. Fourth Edition. Academic Enterprises, Washington. 188 p.
- BORRALHO, N.; KANOWSKI, P. & COTTERILL, P., 1992: «Genetic Control of Growth of *Eucalyptus globulus* in Portugal. I. Genetic and Phenotypic Parameters». *Silvae Genetica* 41 (1): 39-45.
- BORRALHO, N.; COTTERILL, P. & KANOWSKI, P., 1992: «Genetic Control of Growth of *Eucalyptus globulus* in Portugal». *Silvae Genetica* 41 (2): 70-81.
- BORRALHO, N.; COTTERILL, P. & KANOWSKI, P., 1992: «Genetic Parameter and Gains Expected from Selection for Dry Weight in *Eucalyptus globulus* ssp. *globulus* in Portugal». *Forest Science* 38 (1): 80-94.
- COTTERILL, P.P., 1987: «Short Note: On estimating heritability according to practical applications». *Silvae Genetica* 36 (1): 46-48.
- DÍAZ, F., 1984: *Características dendrométricas de Eucalyptus globulus Labill en la localidad de Colcura, Concepción*. Tesis para optar al título de Ingeniero Forestal. Escuela de Ciencias Forestales. Facultad de Ciencias Agrarias, Veterinarias y Forestales. Universidad de Chile. 92 p.
- GARDINER, G. & CRAWFORD, D., 1988: *1988 Seed Collections of Eucalyptus globulus subsp. globulus Labill. for tree improvement purposes*. Australian Tree Seed Centre CSIRO Division of Forestry and Forest Products. s/p.
- EATON, L., 1992: Comunicación personal.
- FALCONER, D., 1986: *Introducción a la genética cuantitativa*. Compañía Editorial Continental, S.A. de C.V. México. 383 pp.
- PANSE, V. y SUKHATME, P., 1963: *Métodos estadísticos para investigadores agrícolas*. Fondo de Cultura Económica. México - Buenos Aires. 349 p.
- SHIMIZU, J., 1988: «La propagación vegetativa en el mejoramiento genético de plantaciones industriales». *Ciencia e Investigación Forestal*. INFOR-CHILE CORTO. Nº 4: 27-33.
- SQUILLACE, A., 1974: «Average Genetic Correlation Among Offspring From Open-Pollinated Forest Trees». *Silvae Genetica* 23 (5): 149-156.
- VOLKER, P.; DEAN, C.; TIBBITS, W. y RAVENWOOD, I., 1990: «Genetic Parameter and Gains expected from Selection in *Eucalyptus globulus* in Tasmania». *Silvae Genetica* 39 (1): 18-21.