



Universidad Austral de Chile

Facultad de Ciencias Forestales

Heredabilidad del largo de internudo en un ensayo de progenie de polinización abierta de uninodales de *Pinus radiata*.

Patrocinante: Sr. Fernando Droppelmann.

Trabajo de Titulación presentado como parte de los requisitos para optar al Título de **Ingeniero Forestal**.

YENNY ANABELA LINEROS FUENTEALBA

VALDIVIA
2006

CALIFICACIÓN COMITÉ DE TITULACIÓN

		Nota
Patrocinante:	Sr. Fernando Droppelmann Felmer	6,8
Informante:	Sr. Mario Meneses Villanueva	6,0
Informante:	Sr. Luis Inzunza Diez	6,4

El patrocinante acredita que el presente Trabajo de Titulación cumple con los requisitos de contenido y de forma contemplados en el reglamento de Titulación de la Escuela. Del mismo modo, acredita que en el presente documento han sido consideradas las sugerencias y modificaciones propuestas por los demás integrantes del Comité de Titulación.

Sr. Fernando Droppelmann F.

DEDICATORIA

*A mis queridos padres...
Hemos cumplido una nueva meta,
aún quedan muchas más.
Gracias por todo
Los ama su hija*

AGRADECIMIENTOS

A mi amiga y compañera María Francisca Belart por su apoyo incondicional en los momentos difíciles.

A mi querido profesor Fernando Droppelmann por su paciencia y entusiasmo en la realización de este trabajo.

A la profesora Erika Pérez por su disponibilidad a mis innumerables consultas.

ÍNDICE DE MATERIAS

	Página
1. INTRODUCCIÓN	1
2. MARCO TEÓRICO	2
2.1 Heredabilidad	2
2.1.1 Heredabilidad individual en sentido estricto	2
2.1.2 Heredabilidad individual en sentido amplio	2
2.2 Ensayo de progenie de polinización abierta	2
2.3 Largo de internudo en <i>Pinus radiata</i>	3
2.3.1 Características generales	3
2.3.2 Variables que afectan el largo de internudo	4
2.3.3 Ventajas y desventajas de individuos uninodales	5
2.3.4 Indicadores del largo de internudo	5
2.3.5 Importancia del largo de internudo de <i>Pinus radiata</i>	6
2.4 Características morfológicas evaluadas en un ensayo genético	7
2.4.1 Rectitud del fuste	7
2.4.2 Calidad de ramas	7
3. DISEÑO DE INVESTIGACIÓN	9
3.1 Antecedentes generales del ensayo	9
3.2 Captura de datos y medición de variables	9
3.3 Procesamiento de datos	10
3.3.1 Depuración de la base de datos y derivación de variables complementarias	10
3.3.2 Análisis estadístico	12
3.3.3 Heredabilidad individual en sentido estricto	12
3.3.4 <i>Ranking</i> familiar genotípico	13
3.3.5 Análisis de correlación entre variables	13
3.3.6 Modelo de Grace	13

4.	RESULTADOS Y DISCUSIÓN	15
4.1	Análisis estadístico	15
4.1.1	Análisis descriptivo a nivel de ensayo	15
4.1.2	Análisis descriptivo a nivel familiar	16
4.1.3	Análisis inferencial	17
4.2	Análisis genético	21
4.2.1	Heredabilidad individual en sentido estricto	21
4.2.2	Valores genéticos aditivos (VGA)	22
4.3	<i>Ranking</i> familiar genotípico	22
4.4	Análisis de variables	23
4.4.1	Volumen y largo de internudo promedio (LIM)	23
4.4.2	Bifurcación	24
4.4.3	Rectitud	24
4.4.4	Calidad de ramas	25
4.4.5	Indicadores de largo de internudo	26
4.4.6	Análisis fenotípico general	27
4.4.7	Otras variables medidas en el ensayo	27
4.5	Correlación entre variables	28
4.6	Modelo de Grace	29
4.7	Deficiencias del ensayo	30
5.	CONCLUSIONES	32
6.	BIBLIOGRAFÍA	34

ANEXOS

1	<i>Abstract</i>
2	Esquema de ubicación y diseño del ensayo
3	Normativa de medición de ensayos modificada de <i>Pinus radiata</i> establecida por la Cooperativa de Mejoramiento Genético Forestal
4	Estadística descriptiva
5	Análisis de varianza
6	Análisis de comparaciones múltiples de Duncan

7	<i>Ranking</i> familiar genotípico según VGA de cada familia
8	Coefficientes de correlación entre variables
9	Modelo de Grace

ÍNDICE DE CUADROS

	Página	
Cuadro 1.	Porcentaje de rendimiento <i>clear cutting</i> de trozas no podadas de <i>Pinus radiata</i> en cuatro sitios de Nueva Zelanda	6
Cuadro 2.	Indicadores de internudo calculados	10
Cuadro 3.	Estadística descriptiva para el ensayo (33 Familias)	15
Cuadro 4.	Heredabilidad individual en sentido estricto (h^2)	21
Cuadro 5.	Valores para las variables de crecimiento y calidad con 6, 4 y 2 árboles	27
Cuadro 6.	Variables generales del ensayo	28
Cuadro 7.	Correlaciones genotípicas de los VGA familiares	28

ÍNDICE DE FIGURAS

	Página	
Figura 1.	Esquema del largo de internudo definido por Grace y Carson (1993)	3
Figura 2.	Índice de ramas (BIX)	7
Figura 3.	Ubicación del ensayo	9
Figura 4.	Comparaciones múltiples de Duncan para la variable volumen	18
Figura 5.	Comparaciones múltiples de Duncan entre familias para la variable rectitud	19
Figura 6.	Comparaciones múltiples de Duncan entre familias para la variable calidad de ramas	20
Figura 7.	Comparaciones múltiples de Duncan entre familias para la variable LIM1	20
Figura 8.	<i>Ranking</i> familiar genotípico	23
Figura 9.	Comportamiento del largo de internudo promedio en relación el crecimiento volumétrico de cada familia	24
Figura 10.	Frecuencia por categorías para la variable rectitud	25
Figura 11.	Frecuencia por categorías para la variable calidad de ramas	25
Figura 12.	Indicadores de largo de internudos para las dos secciones analizadas	26
Figura 13.	Correlación entre los VGA familiares del largo de internudo medio y el número de verticilos	30
Figura 14.	Distribución de LOC por clase de altura e IMX promedio por clase	31

RESUMEN EJECUTIVO

El presente trabajo tuvo como objetivo principal evaluar el comportamiento genético del largo de internudo y como éste se relaciona con variables de crecimiento y calidad tanto de sus ramas como del fuste.

Los datos utilizados para este estudio provienen de un ensayo de polinización abierta con tendencia uninodal ubicado 29 km al sur de Constitución en el sector las Cañas en la VII región, El ensayo consta de 30 familias provenientes de árboles *plus* seleccionados en la VII región y de 3 controles provenientes de dos Huertos Semilleros de Clones y semilla común. El diseño utilizado en el establecimiento fue de bloques al azar con parcelas en hileras de 6 árboles cada una, representadas en 10 bloques.

Las variables a medir se dividieron en variables de crecimiento y variables de calidad. Las variables de crecimiento fueron el diámetro a la altura del pecho (DAP) y la altura total (ALT). Las variables de calidad fueron rectitud (REC), calidad de ramas (CRAM). Además de estas variables se midió la altura de ocurrencia de los verticilos en cada árbol del ensayo, bifurcación (BIF), sobrevivencia (SOB), árboles quebrados (QUEB), cola de zorro (CZOR) y árboles con daño entomopatógeno (PESTE).

Para tener una visión general se realizó un análisis estadístico descriptivo a nivel de rodal y a nivel familiar, en conjunto se realizó un análisis estadístico inferencial para determinar las diferencias existentes entre familias lo cual se realizó mediante un análisis de varianza y el *test* de comparaciones múltiples de Duncan analizando las principales características medidas.

Mediante el *software* Biocat se calcularon los valores genéticos aditivos (VGA) para determinar los valores de heredabilidad individual en sentido estricto y confeccionar el *ranking* genotípico con el objetivo de ordenar a las familias de acuerdo a su desempeño en crecimiento, calidad y largo de internudo.

Luego para observar las relaciones existentes entre las variables medidas en el ensayo se realizó un análisis de correlación entre todas ellas. El análisis de correlación constó de dos partes, la primera se realizó con los valores fenotípicos de todos los individuos del ensayo y con las medias familiares y la segunda se realizó con los valores genéticos obtenidos por cada familia.

Finalmente se estimaron los máximos largo de internudo (IMX) por árbol y la altura de ocurrencia de éstos (LOC).

De los resultados se obtuvo diferencias significativas entre familias para todas las variables analizadas a excepción del porcentaje de árboles bifurcados, sin embargo a pesar de las diferencias existentes, se observó que existían grupos homogéneos de familias considerablemente amplios que mostraban la superioridad de unas pocas familias para ser seleccionadas en algún programa de mejoramiento genético de largo de internudo.

Del análisis genético la variable indicadora de internudo que resultó tener el valor más alto de heredabilidad fue el número de verticilos, lo que pudiera considerarse al momento de decidir una metodología simple y rápida de toma de datos en terreno para evaluar el largo de internudo. Además esta variable presentó altas correlaciones con los otros indicadores utilizados (largo de internudo promedio, índice de internudo y largo de internudo base). Del *ranking* genotípico se obtuvo que la mejor familia rankeada fue la 36 a pesar de tener una posición baja en el largo de internudo promedio.

Según el modelo de Grace los mayores largo de internudo se encontraron entre los 4 y los 6 m de altura, existiendo una baja variabilidad entre familias lo cual pudo deberse a que todas provenían de árboles *plus* con tendencia uninodal.

De los resultados de este ensayo en particular se puede concluir que no existe ninguna relación clara entre el crecimiento volumétrico y el largo de internudo promedio, por lo que es posible realizar selecciones para ambas características en conjunto aunque quizás no de tan buen crecimiento como en árboles seleccionados por crecimiento y forma de tendencia multinodal. Por lo tanto para que el mejoramiento genético en esta área sea rentable debe existir una compensación a favor de la madera libre de nudos corta con respecto de la madera con nudos para compensar las menores tasas de crecimiento.

1. INTRODUCCIÓN

La elección de las características que serán mejoradas en un programa de mejoramiento genético forestal depende bastante del grado de heredabilidad de ellas. Dicha elección sólo puede hacerse cuando el genetista forestal ha determinado la contribución relativa de la genética y del ambiente a la variación total. La heredabilidad indica el grado al cual los progenitores transmiten sus características a su descendencia, y es de importancia fundamental para estimar los beneficios que pueden obtenerse de los programas de selección (Zobel y Talbert, 1992).

En Chile, *Pinus radiata* D. Don es la especie de mayor importancia económica. Los esfuerzos realizados en su mejoramiento genético han privilegiado principalmente el crecimiento en volumen, fustes rectos y ramas delgadas, siendo éste un buen fenotipo para la producción de madera estructural, y cuando las trozas están podadas, para madera libre de nudos. Sin embargo, estudios realizados en Chile y Nueva Zelanda indican que esta selección le quita, en cierto modo, importancia a la producción de madera *clear* de dimensiones comerciales en trozas no podadas, característica que está directamente ligada a la longitud de internudos. Según Grace y Carson (1993), el largo de internudo está definido como la distancia entre el tope de un verticilo y la base del próximo verticilo en el fuste, y su comportamiento varía con el mejoramiento genético, el sitio y el manejo.

En árboles individuales, una vez pasada la etapa juvenil, el largo de internudo está fuertemente controlado por la genética. Además depende del crecimiento en altura, del número de ramas por verticilo y de su posición relativa en el ciclo anual.

El presente trabajo tuvo como objetivo principal evaluar el comportamiento genético del largo de internudo en un ensayo de progenie de polinización abierta de uninodales de *Pinus radiata*, establecido el año 1990 en las cercanías de Constitución, VII Región. Los resultados de este estudio permitieron estimar el valor de heredabilidad existente para esta variable y sus implicancias, para lo cual se establecieron previamente los siguientes objetivos específicos:

- ✓ Realizar un análisis descriptivo de las variables medidas en el ensayo, tanto a nivel general como familiar.
- ✓ Estimar la heredabilidad individual en sentido estricto para las variables de crecimiento, calidad y largo de internudo.
- ✓ Determinar los valores genéticos aditivos familiares de las características medidas en el ensayo para confeccionar un *ranking* familiar genotípico.
- ✓ Analizar el largo de internudo con relación a las demás variables de crecimiento y calidad.

2. MARCO TEÓRICO

2.1 Heredabilidad

La heredabilidad expresa la confiabilidad del valor fenotípico como indicador del valor reproductivo, es decir, determina el grado de parecido entre parientes y sus valores pueden ir de 0 a 1. El valor de heredabilidad depende de un componente genético y otro ambiental, por lo tanto cualquier cambio en este último significa un cambio proporcional de ella, por lo que es representativo sólo para el ambiente donde fueron obtenidos los datos. Los valores de heredabilidad de una determinada característica de una población, suelen cambiar con la edad, cuando el ambiente cambia y cuando el control genético cambia a medida que los árboles maduran (Zobel y Talbert, 1992).

Dado que la variación genética puede separarse en sus dos componentes; aditivo y no aditivo, existen dos tipos de heredabilidad: heredabilidad en el sentido amplio y heredabilidad en el sentido estricto.

2.1.1 Heredabilidad individual en sentido estricto

La heredabilidad en sentido estricto es la proporción de la varianza genética aditiva respecto de la varianza total y se expresa como:

$$h^2 = \sigma^2_{\text{aditiva}} / \sigma^2_{\text{total}}$$

Este tipo de heredabilidad es utilizada en reproducción sexual debido a que toda contribución de los efectos de dominancia y epistásis a la varianza genética, se reducen debido a que las correlaciones alélicas intralocus e interlocus se pierden en la recombinación y el cruzamiento (Zobel y Talbert, 1992).

2.1.2 Heredabilidad individual en sentido amplio

La heredabilidad en sentido amplio se define como la proporción de la variación genética total de una población respecto de la variación fenotípica. Simbólicamente se expresa como:

$$H^2 = \sigma^2_{\text{genética}} / \sigma^2_{\text{total}}$$

La heredabilidad de este tipo tiene una aplicación limitada en el mejoramiento genético forestal de especies difíciles de propagar vegetativamente a escala comercial y es de importancia fundamental cuando la variación tanto aditiva como no aditiva puede ser transferida del progenitor a la descendencia, como cuando se utiliza reproducción vegetativa (Zobel y Talbert, 1992).

2.2 Ensayo de progenie de polinización abierta

La mejor forma de evaluar el valor genético de los progenitores seleccionados es cultivando su progenie de tal forma que permita estimar los valores parentales de cruzamiento. Esto permite distinguir entre los progenitores cuya superioridad

fenotípica puede haber resultado de crecer en un buen ambiente y aquellos que son superiores, debido a que tienen un buen genotipo (Zobel y Talbert, 1992).

La forma más fácil y menos costosa de desarrollar una población de descendientes consiste en utilizar la progenie producto de la polinización por el viento o abierta de los progenitores seleccionados. El método es simple y consiste en recolectar semilla proveniente de los árboles progenitores que se van a probar (Ocampo, 2001).

Los ensayos de polinización abierta proporcionan estimaciones de la varianza genética aditiva y heredabilidad de las poblaciones que están siendo evaluadas. La varianza genética no aditiva no puede ser estimada en estos casos, por lo tanto no se puede obtener la varianza de efectos de dominancia y epístasis (Zobel y Talbert, 1992).

2.3 Largo de internudo en *Pinus radiata*

2.3.1 Características generales

Carson e Inglis (1988) definen al largo de internudo como la distancia vertical entre la parte superior de la zona nudosa y la base de la próxima zona nudosa, tal y como se observa en la figura 1. *Pinus radiata* puede presentar de uno a seis verticilos en un año de crecimiento, los que presentan además un largo de internudo y una distribución variable en el fuste. La longitud de internudo depende del crecimiento anual en altura, el número de ramas por verticilo y su posición relativa en el ciclo anual (Grace y Carson, 1993).

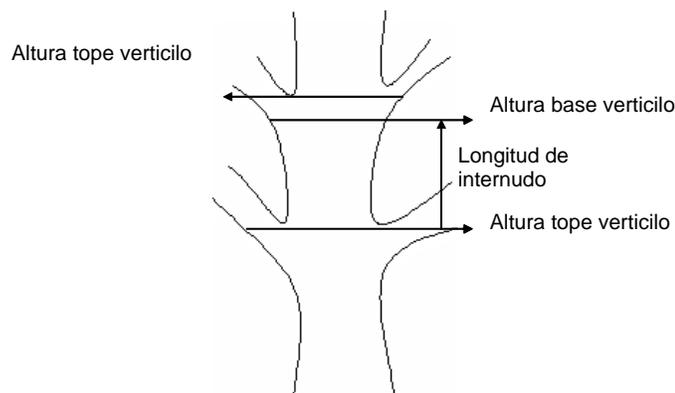


Figura 1. Esquema del largo de internudo definido por Grace y Carson (1993).

Existen individuos que generan claramente sólo un verticilo al año, a los que se les denomina uninodales, mientras que por otro lado existen individuos que generan varios verticilos distribuidos al azar a lo largo del fuste durante el año, llamados árboles multinodales. También existe una tercera clasificación, y son aquellos individuos que generan dos verticilos al año, denominados binodales, los cuales, al igual que los uninodales, pero en menor proporción, generan un trozo del árbol libre

de nudos. Estudios realizados por Carson (1988) indican que la especie tiene en general hábitos multinodales, encontrándose muy pocas veces individuos puramente uninodales.

En observaciones hechas a nivel de rodales, Grace y Carson (1993) determinaron que las longitudes de internudo mayores se encontraban en su mayoría entre los 4 y 6 m de altura, las cuales disminuyen paulatinamente en altura. Los mismos autores señalan además que la densidad inicial de plantación tiene un efecto insignificante en el largo de internudo medio del rodal.

El largo de internudo se encuentra bajo un fuerte control genético aditivo, observándose valores de heredabilidad entre 0,4 y 0,6 estimados por Carson (1988) y corroborados por Jayawickrama *et al.* (1997).

Análisis realizados en pequeñas extensiones por Watt *et al.* (2000), muestran que el largo de internudo puede ser tratado independientemente de otras variables de calidad como el índice de ramas, pero no así de la rectitud, la cual tiene una alta relación con la distribución y cantidad de ramas en el fuste. En general los árboles de internudo largo tienden a mayores malformaciones, mayor diámetro de ramas y ángulos de inserción de ramas más agudos que aquellos árboles de internudo corto, lo que trae como consecuencia una reducción del rendimiento total en volumen y rectitud.

2.3.2 Variables que afectan el largo de internudo

Grace y Carson (1993) determinaron que el largo de internudo depende del crecimiento en altura, del número de verticilos en el fuste y de su posición relativa en el ciclo anual. Además ésta variable presenta una directa relación con el aumento de las precipitaciones, la latitud y la fertilidad del suelo.

La edad tiene una influencia diferente dependiendo de la etapa de desarrollo en la que se encuentren los individuos, tendiendo a ser multinodales en etapas tempranas y de madurez del árbol, y uninodales en su adolescencia (4 a 8 años) (Gallardo, 2003).

Los efectos que provocan las condiciones de sitio en la longitud de internudo en Nueva Zelanda no han sido identificados completamente, pero existe evidencia que indica que existen internudos más largos a medida que se aumenta en latitud sur y disminuye cuando la fertilidad del sitio es limitada (atribuible principalmente a la disponibilidad de nitrógeno), sin embargo los *rankings* de genotipos son bastante estables en todos los sitios. Esta relación de variables climáticas y edáficas con el largo de internudo, permite seleccionar sitios favorables para la producción de internudos largos (Carson e Inglis, 1988).

A pesar de no existir una relación clara entre el manejo silvícola y el largo de internudo, y de desconocer los efectos reales de algún esquema de manejo en *P. radiata*, existen en Nueva Zelanda esquemas de manejo para plantaciones

uninodales, que recomiendan densidades iniciales mayores a 1.000 árb/ha, una poda hasta los 2 m, raleos tardíos y una densidad final de 200 a 300 árboles por hectárea. Mediante este esquema de manejo se pretende tener un menor tamaño de ramas y reducir los riesgos por viento, que pudieran ocasionar la caída de los individuos (Carson e Inglis, 1988).

2.3.3 Ventajas y desventajas de individuos uninodales

Los individuos con hábito de ramificación multinodal presentan, en general, una relación positiva con la tasa de crecimiento, rectitud del fuste y ausencia de bifurcaciones, mientras que los uninodales, presentan en general ramas más largas, que tienden a competir con el ápice principal, con ángulos pequeños y diámetros mayores, provocando así fustes poco rectos debido al peso de las ramas concentrado en pocos verticilos, y tasas de crecimiento menores (Constabel, 1994). Sin embargo resultados provenientes del estudio de Varhola (2001) muestran que existen familias con tendencia uninodal que presentan buena calidad y rendimiento.

Por otra parte, árboles uninodales tienden a tener una menor cantidad de conos en el fuste en relación a árboles multinodales, sin embargo, los primeros tienen una mayor cantidad de acículas en el fuste, lo cual también pudiera ser una razón de descalificación de la madera, ya que se generan marcas a lo largo de la madera, conocidas con el nombre de “pecas”, que la descalifican visualmente. Lo que puede ser corregido por una limpieza en el fuste al momento de la poda (Carson, 1988).

La uninodalidad permite obtener una mayor cantidad de madera *clear* (madera libre de nudos), ya que conserva los defectos provocados por los nudos, en una misma sección. Pero al mismo tiempo la madera proveniente de individuos con este hábito de ramificación no es recomendable para uso estructural, ya que es poco resistente a cargas de tensión, favoreciendo así a los individuos multinodales (Jayawickrama *et al.*, 1997).

Estudios realizados por Carson e Inglis (1988), demuestran que existe un aprovechamiento significativamente mayor de madera *clear* proveniente de trozas no podadas de variedades uninodales en relación con madera proveniente de variedades multinodales.

2.3.4 Indicadores del largo de internudo

Existen en la literatura diversos indicadores de la longitud de internudo, siendo los más usados el largo de internudo promedio (LIM), el índice de internudo (II) y el largo de internudo base (LIB), los cuales pueden ser estimados para un largo de troza fijo o bien para toda la sección del fuste. El largo de internudo promedio indica la longitud promedio de los internudos, el índice de internudos indica la proporción de largos de internudo mayores o iguales a una longitud determinada (base) y el LIB es el largo de internudo necesario para tener un índice de internudos igual a 0,5, es decir el largo de internudo base que se encuentra en el 50% de la troza. De esta manera el LIB se relaciona en forma inmediata con un producto determinado y, en

consecuencia, el rodal se asocia o se prioriza para un destino apropiado (Todoroki *et al.*, 2001).

Existen además otros indicadores del largo de internudo que han sido utilizados en algunos estudios de rendimientos de madera aserrada, obteniéndose muy buenos resultados, principalmente con el largo de internudo fundamental (FIL), que es el promedio de los largos de internudo mayores a 60 cm que se encuentran entre aquellos verticilos que poseen 4 o más ramas (Todoroki *et al.*, 2001).

Por su parte si lo que se quiere es tener una visión del comportamiento del largo de internudo en el rodal, el modelo de Grace y Carson (1993) entrega información sobre el máximo largo de internudo del rodal (IMX) y su altura de ocurrencia (LOC).

2.3.5 Importancia del largo de internudo de *Pinus radiata*

El largo de internudo es una variable muy importante debido a que se relaciona con la cantidad de madera libre de nudos proveniente de trozas no podadas. La madera libre de nudos ofrece variados usos industriales, tal es el caso del debobinado y foliado para tableros de chapa y contrachapados y la madera *clear* corta que se utiliza en la industria de la remanufactura para puertas, ventanas y *finger joint* (Guzmán, 2000).

En la industria del *finger joint*, por su parte, el trabajar con internudos largos reduce los costos por producir piezas más largas que requieren de un menor número de uniones.

Mezzano (1998), determinó que al trabajar con trozas no podadas de *P. radiata* en Chile, existía una relación entre el diámetro mínimo, el diámetro a la altura del pecho y el índice de internudo con el rendimiento de maderas *shop*.

Carson e Inglis (1988) demostraron que existe una relación entre árboles multinodales y de internudo largo con rendimientos de *clear cutting* para la segunda troza. Al utilizar árboles provenientes de un mejoramiento genético enfocado a árboles de internudo largo se puede obtener un 50% más de rendimientos *clear*, que al usar individuos con tendencia multinodal (cuadro 1). Los datos provienen de rodales con polinización abierta para ambos casos.

Cuadro 1. Porcentaje de rendimiento *clear cutting* de trozas no podadas de *Pinus radiata* en cuatro sitios de Nueva Zelanda.

Sitio	Rendimiento <i>clear cutting</i> (%)	
	Multinodales	Internudo largo
Woodhill	11,0	21,6
Kaingaroa	24,4	54,6
Golden Downs	24,4	54,6
Otago Coast	32,1	54,6

La principal ventaja, dentro de las labores silvícolas, al tener individuos con internudos, largos radica en el bajo costo de la poda, pudiéndose alcanzar con mayor rapidez la altura de poda deseada, por el hecho de existir menos ramas que cortar. Sin embargo, no hay unanimidad en este concepto, ya que especialmente en la primera poda es probable que la altura a la que se encuentra el verticilo pueda generar una sobrepoda o en caso contrario una subpoda del árbol para longitudes de internudo muy grandes¹.

2.4 Características morfológicas evaluadas en un ensayo genético

2.4.1 Rectitud del fuste

La rectitud del fuste, es considerada una característica deseable, cualquiera sea el propósito perseguido. Las desviaciones de la línea recta tales como inclinaciones, deformaciones y torceduras, disminuyen el valor y el volumen de la parte comercialmente útil del tronco y pueden aumentar los gastos de manipulación y transporte. Los métodos empleados para medir y clasificar los defectos son escalas subjetivas de la rectitud del fuste o conteo del número de deformaciones por unidad de longitud y medición de la desviación de la deformación o deformaciones más acentuadas (Ehrenberg, 1970).

2.4.2 Calidad de ramas

Las ramas de poco diámetro dejan nudos más pequeños y afectan de menor forma la calidad de la madera. En los árboles de ramas finas disminuye el riesgo de daños causados por factores ambientales como la nieve y la helada y los ataques de hongos e insectos. Por lo general, la longitud de la rama tiene gran correlación con su diámetro, por lo tanto, el ancho de la copa y la relación entre éste y la altura del árbol están relacionados con el diámetro de las ramas. Para clasificar el tamaño de las ramas, se emplea la estimación visual o índices de medición (Ehrenberg, 1970).

La forma más usada para representar el tamaño de ramas es el modelo de Inglis y Cleland (1982) conocido como índice de ramas (BIX). El BIX es el promedio de los diámetros de las cuatro ramas mayores de cada cuadrante, para una longitud de troza determinada.

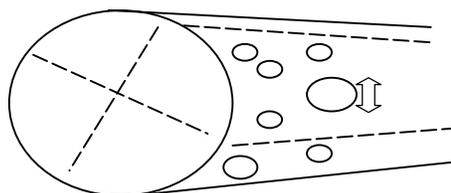


Figura 2. Índice de ramas (BIX).

¹ Droppelmann, F. 2005. Valdivia, UACH. Facultad de Ciencias Forestales. Comunicación personal.

El diámetro de ramas presenta una correlación negativa tanto con el ángulo de inserción de las ramas como con la frecuencia media de éstas, y su tamaño está determinado por la ubicación de ellas en el fuste. Aquellas que se encuentran en verticilos ubicados en la base del fuste tienden a ser mayores que aquellas que se encuentran en verticilos ubicados en la parte alta de él. Resultados del trabajo de Inglis y Cleland (1982) indican que el índice de ramas es sensible a diferencias en el espaciamiento inicial, densidad final y a la intensidad de los raleos.

Existe una asociación entre el diámetro de ramas y el tipo de suelo, pero no existen resultados claros debido a la complejidad del tema. Constabel (1994) señala que árboles que crecen en suelos arenosos presentan diámetros de ramas pequeños, mientras que aquellos que crecen en suelos densos generan ramas más gruesas, y en rodales con menor índice de sitio los árboles producen ramas de mayores diámetros.

El tamaño de las ramas, a diferencia del ángulo de inserción, y el largo de internudo presenta un control genético más débil y se encuentra en su mayor parte influenciada por el medioambiente. Las ramas al desarrollarse en la copa presentan un ángulo agudo, pero a medida que el árbol crece éstas forman un ángulo mayor debido al mayor peso y tamaño que alcanzan. Esta variable presenta grandes diferencias, y se encuentra bajo un considerable control genético entre individuos. El ángulo de inserción de ramas está correlacionado de forma directa con el hábito de ramificación y es inversamente proporcional al diámetro de éstas. Lo que quiere decir que a medida que exista un mayor número de verticilos al año, mayor será el ángulo de inserción y menor el diámetro de ramas (Inglis y Cleland, 1982).

Estudios realizados señalan que la rectitud es otra variable ligada al ángulo de ramas, encontrándose que aquellos individuos con mayor ángulo de inserción de ramas presentan fustes más rectos (Constabel, 1994).

3. DISEÑO DE INVESTIGACIÓN

3.1 Antecedentes generales del ensayo

El ensayo posee una superficie de 3 ha y corresponde a un ensayo de progenie de medios hermanos, establecido el año 1990 en el predio San Pedro de propiedad de la empresa Bosques de Chile S.A. Se encuentra ubicado 29 kilómetros al sur de Constitución en el sector Las Cañas (Coordenadas UTM: N:6.067.865 y E:733.890) (Figura 3).



Figura 3. Ubicación del ensayo

El suelo metamórfico presente en el ensayo corresponde a la serie Constitución, la que se caracteriza por poseer un drenaje externo rápido y uno interno lento con evidencias de una fuerte erosión laminar. El clima del lugar es templado cálido con lluvias invernales y gran humedad atmosférica. La precipitación media es de 823 mm al año y la temperatura media anual es de 12,6° C.

El diseño experimental utilizado corresponde a bloques al azar, con 10 bloques y 30 familias distribuidas en parcelas en hileras de seis árboles por familia a un espaciamiento de 3 x 2,5 m. En cada bloque se encuentran 30 familias de medios hermanos provenientes de semilla de árboles *plus* con tendencia uninodal seleccionados en la zona de Constitución y tres controles provenientes de semilla común de Monteáguila, semilla del Huerto Semillero de Clones el Membrillo y semilla del Huerto Semillero de Clones CONAF VIII Región. La zona *buffer* del ensayo consta de tres hileras de árboles al borde del ensayo. El esquema del ensayo con su ubicación de bloques y familias se observan en el Anexo 2.

3.2 Captura de datos y medición de variables

La medición de este ensayo se realizó en el mes de octubre del año 2005. Las variables a medir se dividieron en variables de crecimiento y variables de calidad. Las variables de crecimiento fueron el diámetro a la altura del pecho (DAP) y la altura

total (ALT). Las variables de calidad fueron rectitud (REC), calidad de ramas (CRAM) y bifurcación (BIF), las cuales fueron medidas de acuerdo a la pauta establecida por la Cooperativa de Mejoramiento Genético Forestal (CMGF, 2001). Además de estas variables se midió la altura de ocurrencia de los verticilos en cada árbol del ensayo, árboles quebrados (QUEB), cola de zorro (CZOR), sobrevivencia (SOB) y árboles con daño entomopatógeno (PESTE).

3.3 Procesamiento de datos

3.3.1 Depuración de la base de datos y derivación de variables complementarias

Una vez completada la base de datos se eliminaron aquellos individuos que pudieran generar algún sesgo en los resultados. Fueron eliminados de la base de datos árboles que presentaron daño entomopatógeno o daño mecánico que haya impedido su correcta medición. El bloque 10 fue completamente eliminado del análisis, ya que presentaba una sobrevivencia del 53,4 %.

El volumen individual se estimó a partir de una función utilizada por la empresa Bosques de Chile S.A.

Los valores registrados para la altura de ocurrencia de los verticilos, permitieron calcular distintos indicadores de internudos que se detallan en el cuadro 2. Los indicadores de largo de internudo se calcularon para dos secciones del fuste; la primera comprendida entre 2 y 11 m y la segunda entre 5 y 11 m.

A pesar de que originalmente cada familia estaba representada por seis árboles en cada bloque, el análisis sólo se realizó con los cuatro árboles de mayor volumen en cada familia, simulando un raleo, para poder determinar si al dejar sólo los cuatro mejores existía alguna disminución en las variables indicadoras de largo de internudo. Estudios previos en largos de internudo indican que los árboles con mayor volumen tienden a presentar un hábito de ramificación multinodal y por ende, internudos más cortos.

Cuadro 2. Indicadores de internudo calculados

Indicador	Descripción
LIM1	Largo internudo medio entre 2-11 m
LIM2	Largo internudo medio entre 5-11 m
II1	Índice internudo 60 entre 2-11 m
II2	Índice internudo 60 entre 5-11 m
LIB1	Índice internudo 80 entre 2-11 m
LIB2	Índice internudo 80 entre 5-11 m
NVER1	Número de verticilos entre 2-11 m
NVER2	Número de verticilos entre 5-11 m

El LIM1 y LIM2 se calcularon con todos los largos de internudo mayores a 0,2 m que se encontraban en las secciones del fuste establecidas. Para lo cual se utilizó la siguiente fórmula (1):

$$LIM = \frac{\sum li \geq 0,2}{NVER - 1} \quad (1)$$

Donde:

LIM, largo de internudo promedio

li, largos de internudo $\geq 0,2$ m

NVER, número de verticilos en la sección del fuste

El II1 e II2 se calcularon de acuerdo a la siguiente fórmula (2), e indican el porcentaje de la sección del fuste que contiene largos de internudo iguales o superiores a 0,6 m.

$$II_{0,6} = \frac{\sum li \geq 0,6 * 100}{lt} \quad (2)$$

Donde:

II_{0,6}, índice de internudo de longitud 0,6 m

li, largos de internudo $\geq 0,6$ m

lt, largo de la sección del fuste (m)

El LIB1 y LIB2 indica el largo de internudo mínimo que se encuentra a lo menos en el 50% de la sección del fuste (por ejemplo, un LIB con valor 0,7 indica que en el 50% de una sección del fuste o troza de ancho fijo existen largos de internudo de al menos 0,7 m). Esta variable se obtuvo mediante la siguiente fórmula (3):

$$0,5 = \frac{\sum li \rightarrow LIB}{lt} \quad (3)$$

Donde:

LIB, largo de internudo que se encuentra en el 50% de la sección del fuste (m)

li, largos de internudo (m)

lt, largo de la sección del fuste (m)

Es importante señalar que los valores obtenidos de largo de internudo son sólo referenciales, ya que la altura de ocurrencia de cada verticilo fue tomada en el centro de cada zona nudosa, por lo que no se tiene la magnitud real de la sección del fuste afectada por las ramas. No obstante, por razones prácticas y por tratarse de un trabajo enfocado principalmente a la heredabilidad de la característica largo de internudo, se estima que esto no afecta significativamente los resultados que pudieran obtenerse de este estudio.

Para el caso de trabajos en los cuales se pretende obtener volúmenes de madera *clear* proveniente de árboles de internudo largo, el mejor método es el descrito por

Grace y Carson (1993), donde los árboles deben ser volteados para determinar de forma exacta dónde se encuentran la base y el tope de cada verticilo para así poder descontar la zona nudosa que afecta al fuste (Figura 1).

3.3.2 Análisis estadístico

Para obtener una primera aproximación de las variables de calidad, crecimiento y las indicadores de largo de internudo, se calcularon los valores mínimos y máximos, media, desviación estándar y coeficiente de variación a nivel de ensayo y familia, con lo cual se tuvo una visión sobre el promedio, la variabilidad y la calidad tanto del ensayo como de cada familia. Para las variables árboles bifurcados (BIF), sobrevivencia (SOB), árboles quebrados (QUEB), árboles con daño mecánico (DMEC) y árboles con daño entomopatógeno (PESTE), se calculó el porcentaje de cada variable con respecto al total de árboles tanto de cada familia como del ensayo.

Con esta información, se realizó un *Test* de normalidad para determinar la distribución de los datos de cada familia mediante la prueba Chi-cuadrado y posteriormente se aplicó el *Test* de Bartlett para verificar la homogeneidad de las varianzas entre las familias.

Una vez comprobados los supuestos de normalidad y homogeneidad de varianzas se realizó un análisis de varianza paramétrico mediante el programa STATGRAPHICS 5.0, el cual tuvo como objetivo comprobar la superioridad de unas familias sobre otras tanto en variables de crecimiento como en variables de calidad y variables indicadoras de largo de internudo. El modelo estadístico asociado al ensayo, corresponde a un diseño en bloques al azar que está dado por la siguiente expresión (4) (Morales, 2005):

$$\gamma_{ijk} = \mu + \tau_i + \beta_j + \varepsilon_{ijk} \quad (4)$$

Donde:

γ_{ijk}	= variable dependiente
μ	= efecto medio del ensayo
τ_i	= efecto del <i>i</i> -ésima familia
β_j	= efecto del <i>j</i> -ésimo bloque
ε_{ijk}	= error aleatorio

Para identificar grupos homogéneos entre las familias analizadas se aplicó el *Test* de comparaciones múltiples de Duncan (Morales, 2005).

3.3.3 Heredabilidad individual en sentido estricto (h^2)

La h^2 se calculó en sentido estricto mediante el Software BIOCAT (De Veer *et al.*, 2001) para las variables de crecimiento y calidad: VOL, REC, CRAM, BIF; y para las

variables indicadoras de largo de internudo: LIM1, LIM2, I11, I12, LIB1, LIB2, NVER1, NVER2.

3.3.4 *Ranking familiar genotípico*

El *ranking* se confeccionó de acuerdo a los máximos valores genéticos aditivos (VGA) de cada familia, obtenidos para las variables VOL, REC, CRAM, BIF y los indicadores de internudo. Esto permitió ordenar a las familias de acuerdo a su desempeño en crecimiento, calidad y largo de internudo.

3.3.5 *Análisis de correlación entre variables*

El análisis de correlación se realizó entre todas las variables medidas en el ensayo y las variables calculadas posteriormente, tales como la variable VOL y las indicadoras de largo de internudo. El análisis de correlación constó de dos partes, la primera se realizó con los valores fenotípicos de todos los individuos del ensayo ($n = 1207$) y con las medias familiares ($n = 33$) para tener un mayor número de observaciones y poder determinar de forma más exacta la relación entre variables (Morales, 2005). La segunda parte se realizó con los valores genéticos obtenidos por cada familia, siendo este análisis de mayor peso para los fines de este trabajo, ya que al utilizar los valores genéticos se puede disminuir el efecto medioambiental que pudiera estar influyendo en los valores fenotípicos.

3.3.6 *Modelo de Grace*

Mediante el modelo planteado por Grace y Carson (1993) se estimó el máximo largo de internudo (IMX) que puede alcanzar un rodal en un sitio determinado, y la altura a la cual este se localiza (LOC). Por esto se realizó una clasificación de los largos de internudo de acuerdo a la altura base del internudo dentro del fuste, para lo que se definieron clases de altura de amplitud 1 m. Luego se graficaron los largos de internudo promedio por clase de altura hasta la clase máxima promedio de cada familia, esto debido a que no fueron medidos todos los verticilos después de los 12 m.

Se ajustaron funciones individuales por familia del largo de internudo promedio por clase de altura mediante el *software* CALIRO desarrollado por el Instituto de Manejo Forestal de la Universidad Austral de Chile, basado en el modelo propuesto por Grace y Carson (1993) (5):

$$y = x / (d + ex^2) \quad (5)$$

Donde:

y , largo de internudo promedio para la altura x (m)

x , clase de altura base de internudo (m)

d y e , coeficientes de regresión

Las variables necesarias para graficar la función de Grace y Carson (1993) son los largos de internudo promedio por clase de altura, con lo cual se obtienen los coeficientes de la función. A partir de estos coeficientes (d y e) se obtienen el IMX y el LOC de la siguiente forma (6 y 7):

$$LOC = \sqrt{(d/e)} \quad (6)$$

$$IMX = LOC/(2*d) \quad (7)$$

4. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

4.1 Análisis estadístico

4.1.1 Análisis descriptivo a nivel de ensayo

A nivel de ensayo la estadística descriptiva se realizó para todos los datos sin hacer diferencias entre bloques y familias. Los estadísticos calculados fueron el valor mínimo, máximo, media, desviación estándar y coeficiente de variación para todas las variables analizadas (Cuadro 3).

Observando estos resultados se aprecia que el volumen del árbol promedio para el ensayo es de 0,42 m³ y presenta una calidad media en rectitud y calidad de ramas, sin embargo, existen individuos en todas las categorías de calidad. Además se puede observar que en promedio los individuos presentan en el ensayo mejor rectitud que calidad de ramas. Los valores de estas variables son concordantes con valores obtenidos en otros ensayos en la misma zona de crecimiento². Por lo que se puede decir que esta progenie de árboles *plus* con tendencia uninodal presenta calidades similares que progenies multinodales para la zona de Constitución.

Los LIM se consideran en general buenos, ya que permiten obtener productos *clear* cortos sin necesidad de poda, lo cual se corrobora al observar los II que señalan que el árbol promedio del ensayo tiene sobre un 60% de largos de internudo de longitud igual o superior a 0,6 m. Es importante señalar que estos indicadores fueron bastante similares para ambas secciones del fuste.

Cuadro 3. Estadística descriptiva para el ensayo (33 Familias)*.

	Mínimo	Media	Máximo	D. Estándar	CV (%)
VOL	0,0162	0,4217	1,1459	0,1432	33,97
REC	1,00	4,26	6,00	1,17	27,49
CRAM	1,00	3,43	6,00	1,11	32,34
LIM1	0,37	0,74	3,07	0,27	36,38
LIM2	0,35	0,80	3,10	0,36	44,44
II1	0,00	0,66	1,00	0,24	36,17
II2	0,00	0,61	1,00	0,27	44,18
LIB1	0,00	1,09	6,00	0,61	56,23
LIB2	0,00	1,02	5,20	0,54	52,83
NVER1	3,00	13,51	29,00	3,94	29,21
NVER2	2,00	8,62	21,00	2,92	33,88

*Significativo al 95% de confianza (P-Valor <0.05)

² Cooperativa de Mejoramiento Genético Forestal (CMGF). 2005. Valdivia UACH. Comunicación personal.

Como consecuencia de que la segunda sección del árbol es una longitud fija, los largos de internudo pudieron verse afectados debido a que no siempre el inicio y el fin de cada internudo se encuentra en la base o tope de algún verticilo.

Las variables LIB1 y LIB2 son aquellas que presentaron una mayor variación, mientras que las variables NVER1 y NVER2 fueron considerablemente menos variables.

La variable NVER presenta a nivel de ensayo una menor variación dentro de las variables indicadoras de largo de internudo, lo cual puede deberse a que las demás variables indicadoras están influenciadas directamente con la distribución de los verticilos y no con la frecuencia de éstos.

4.1.2 Análisis descriptivo a nivel familiar

Al nivel familiar se calcularon los mismos estadísticos que a nivel de ensayo para todas las variables. Estos valores pueden observarse en el Anexo 4 de forma detallada para cada familia de la misma forma que el cuadro anterior.

Para la variable volumen los coeficientes de variación entre familias son similares, existiendo sólo unas pocas familias que presentan una mayor homogeneidad de sus individuos.

Estudios previos realizados por Carson (1988), Jayawickrama *et al.* (1997) y Varhola (2001), señalan que los árboles con tendencia a la uninodalidad tienen una tasa de crecimiento menor que aquellos con tendencia multinodal. Por lo tanto era de esperarse que las familias controles provenientes Huerto Semillero de Clones (C1 y C2) presentaran un crecimiento volumétrico por sobre las familias de internudo largo y por sobre el control que proviene de semilla sin ningún tipo de mejoramiento genético (C3). A pesar de esto, los resultados no fueron los esperados ya que ninguno de los controles provenientes de Huerto presentó superioridad en cuanto a volumen y, aún más, el control de semilla no mejorada presentó mejores tasas de crecimiento que el control C2 de semilla de Huerto. Todos estos resultados relacionados con la comparación entre las familias de internudo largo y los controles que son progenie de árboles *plus* seleccionados por tener características deseables en cuanto a crecimiento y calidad puede estar explicados por la baja contribución genética de los Huertos Semilleros de donde provienen estas familias. Los Huertos de donde provenían las familias controles C1 y C2 fueron establecidos con muy poca anterioridad al ensayo en estudio, por lo tanto al momento de la recolección de la semilla para producir las plántulas, éstos se encontraban en una etapa inicial donde la contribución genética no estaba dada por el total de los clones (la semilla utilizada fue la primera cosecha del huerto).

En la variable rectitud no todas las familias tienen individuos de la categoría inferior (1), lo que se puede observar en sus valores mínimos, pero si todas tienen representantes en la categoría superior (6). No obstante, todas las familias presentan una rectitud promedio que se encuentra dentro de la categoría media (CMGF, 2001).

Por su parte la calidad de ramas se encuentra en una menor categoría que la rectitud, encontrándose algunas familias en categoría media e inferior.

Entre los 2 y 11 m no existen familias con largo de internudo promedio inferior a 0,54 m y algunas destacan por tener largos mayores a los 0,8 m. Entre los 5 y 11 m los largos de internudo promedio son mayores que la sección anterior, existiendo un 9,1% de familias con largos mayores a 1 m. A excepción de los controles, en esta sección todas las familias presentan valores superiores a 0,62 m, lo cual era de esperarse debido a que los controles provienen de semilla de árboles *plus* de tendencia multinodal.

Todas las familias presentaron índices de internudo promedio mayores al 55% entre los 2 y 11 m a excepción del control C2 y ninguna familia superó el 80%. El porcentaje de familias con individuos que presentaron índice de internudo de 0% fue del 63,6%, mientras que este valor aumentó al 90,9% entre los 5 y 11 m de altura.

Finalmente se observó a nivel general una leve superioridad de los largos de internudo promedio y el número de verticilos en la segunda sección del fuste. Este resultado puede deberse a que en la sección entre los 5 y 11 m se consideraron sólo los internudos que estaban dentro de esa longitud y no los largos de internudos reales. Por esta razón la magnitud del internudo se vio afectada, a pesar de tener un menor número de verticilos.

El 63,6% de las familias presentó un largo de internudo base promedio superior a 1 m entre los 2 y 11 m, mientras que entre los 5 y 11 m aumentó el número de familias al 66,6%. Es importante señalar la alta variabilidad de esta característica por sobre los otros indicadores de largo de internudo, principalmente en la sección contemplada entre los 2 y 11 m donde se observaron valores por sobre el 70 %.

Sin considerar las familias controles, el número de verticilos entre los 2 y 11 m no fue en promedio mayor a 16 para ninguna familia. En la sección entre los 5 y 11 m el número no fue mayor a 10 verticilos observándose una tendencia más uninodal en la parte superior del árbol.

Es muy importante, dependiendo del sistema de propagación, poder detectar familias con bajos coeficientes de variación para todas las variables medidas. Una menor variación de las características estudiadas indica una homogeneidad indispensable al trabajar con progenies provenientes de polinización abierta donde las habilidades combinatorias generales son de gran relevancia en programas de mejoramiento genético.

4.1.3 Análisis inferencial

Esta etapa permitió realizar inferencias respecto a la población de interés, de acuerdo a un cierto grado de significancia estadística a través del análisis de varianza y el *Test* de comparaciones múltiples de Duncan. Los resultados obtenidos del análisis se encuentran de forma detallada en los anexos 5 y 6 respectivamente.

Volumen

El análisis de varianza arrojó diferencias significativas entre las 30 familias y los 3 controles para todas las variables a excepción de la bifurcación. Sin embargo, a pesar de las diferencias existentes en la variable volumen, esta presenta solamente dos grupos homogéneos (Figura 4).

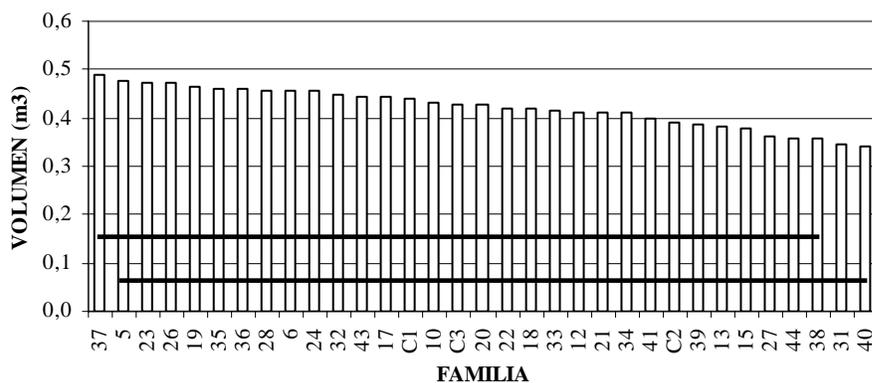


Figura 4. Comparaciones múltiples de Duncan para la variable volumen. (Líneas distintas representan diferencias significativas para un 99% de confianza)

La razón por la cual los controles provenientes de Huerto Semillero de Clones no presentaron una superioridad en volumen respecto a las demás familias puede deberse a que eran plantas provenientes de la primera cosecha del Huerto, momento en el cual el aporte genético no estaba representado por todos los clones que lo componían.

Rectitud

En la figura 5 se observa que la situación de esta variable es similar al volumen, ya que, como se observa, existen sólo dos grupos homogéneos de familias dentro del ensayo, lo que indica que no existen grupos de familias estadísticamente significativos que destaquen en forma sobresaliente por tener fustes rectos. Sin embargo, el hecho de que existan familias con valores cercanos a 5, lo cual es muy bueno, indica que es posible encontrar familias con tendencia uninodal de buena rectitud. Esto descarta, en el caso de este estudio, el que árboles con tendencia uninodal poseen en general fustes de mala rectitud. La tendencia es en general que las mejores familias en volumen se encuentran distribuidas dentro de todo el rango de rectitud media del ensayo.

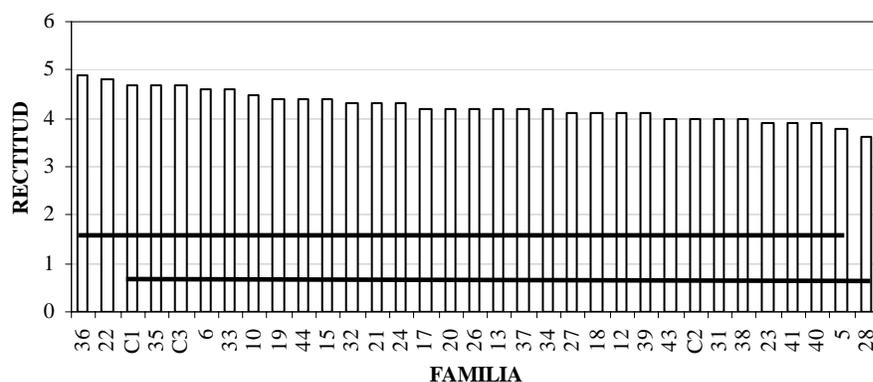


Figura 5. Comparaciones múltiples de Duncan entre familias para la variable rectitud. (Líneas distintas representan diferencias significativas para un 95% de confianza)

Se aprecia además que los controles C1 y C3, provenientes de semilla de Huerto y semilla común respectivamente presentan una rectitud media a superior, ubicándose dentro de las 5 mejores familias del ensayo, lo que no ocurrió con el volumen.

Árboles de internudo largo con ramas gruesas tienden a tener peor rectitud cuando, en la etapa inicial del crecimiento compiten por tomar la dominancia provocando así curvaturas en el fuste.³ Esto se ve reflejado en la correlación existente en este ensayo entre ambas variables.

Calidad de ramas

Para el caso de esta variable se puede apreciar, en la figura 6, un mayor grado de diferenciación en las agrupaciones familiares, sin embargo, estos grupos son muy amplios y abarcan un gran número de familias. En esta variable se observa claramente que los controles mencionados anteriormente para la variable rectitud se encuentran dentro de las 3 mejores familias del ensayo.

A pesar del mayor grado de diferenciación entre las familias para esta característica, se observan menores valores promedio por familia en comparación a los controles, pudiendo indicar quizás, que la selección de árboles *plus* de internudo largo desmejora la calidad de las ramas de su progenie o bien la característica se ve altamente influenciada por el medioambiente (Inglis y Cleland, 1982). Resultados obtenidos en otros ensayos ubicados en la misma zona de crecimiento indican, en general, calidades de ramas similares.⁴

³ Droppelmann, F. 2005. Valdivia, UACH. Facultad de Ciencias Forestales. Comunicación personal.

⁴ Cooperativa de Mejoramiento Genético Forestal (CMGF). 2005. Valdivia UACH. Comunicación personal.

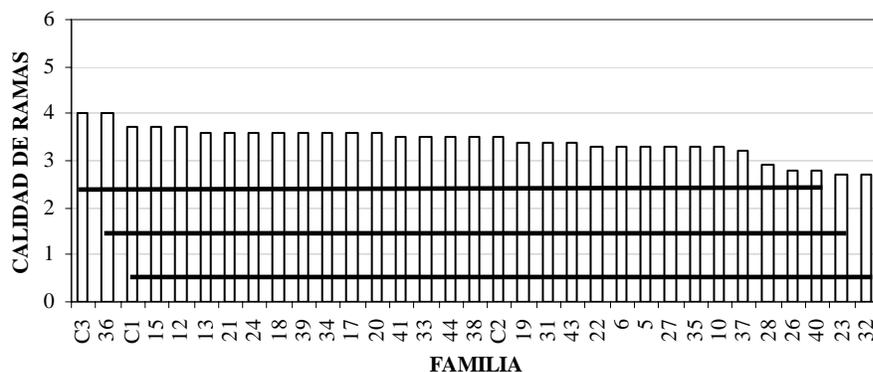


Figura 6. Comparaciones múltiples de Duncan entre familias para la variable Calidad de ramas. (Líneas distintas representan diferencias significativas para un 99% de confianza)

LIM1

En la figura 7 se observa que existe un mayor número de grupos homogéneos entre familias, a diferencia de todas las variables analizadas anteriormente.

Se puede apreciar claramente que existe un grupo pequeño de familias que presentaron buenos crecimientos volumétricos y largos de internudo promedio superiores a 0,7 m (37, 5, 23, 35, 36 y 28). Como era de esperarse, los controles presentaron los menores largos de internudo promedio, tanto entre los 2 y 11 m, como entre los 5 y los 11 m de altura.

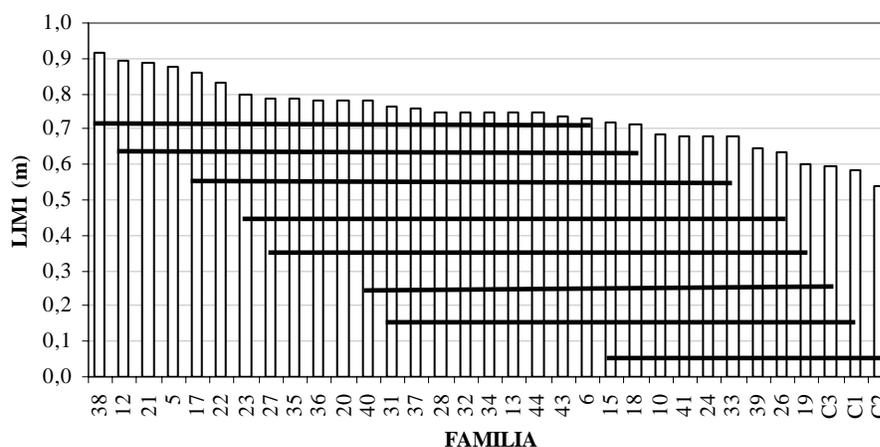


Figura 7. Comparaciones múltiples de Duncan entre familias para la variable LIM1. (Líneas distintas representan diferencias significativas para un 95% de confianza)

Bifurcación

La variable árboles bifurcados es una variable binomial dado que sólo existen datos con valores 0 (árbol sin bifurcación) y 1 (árbol con bifurcación). Por esto se utilizó el análisis de varianza no paramétrico de Kruskal Wallis (Morales, 2005). El Test de Kruskal Wallis resultó ser no significativo, es decir que no existen diferencias significativas entre familias, por lo que la bifurcación de algunos árboles en el ensayo no tiene un componente familiar que pudiera indicar un origen genético de ésta característica.

4.2 Análisis genético

4.2.1 Heredabilidad individual en sentido estricto

En el cuadro 4 se presentan los valores de heredabilidad obtenidos con el software BIOCAT (De Veer *et al.*, 2001). Se observa que los valores obtenidos para las variables indicadoras de largo de internudo son bastante similares para cada indicador en ambas secciones y entre ellos. Los valores de heredabilidad son, a excepción del índice de internudo, mayores entre los 5 y 11 m, pese a eso, estos no difieren significativamente entre sí.

Los valores obtenidos para rectitud fueron bajos en relación a lo registrado por Jayawickrama *et al.* (1997) donde se obtuvo un valor de heredabilidad individual en sentido estricto de 0,28 en selecciones de largo de internudo de primera generación en rodales provenientes de polinización abierta. En el mismo estudio se obtuvieron valores de heredabilidad individual en sentido estricto de 0,19 para la variable número de verticilos lo que es concordante con el valor estimado en este estudio.

Cuadro 4. Heredabilidad individual en sentido estricto (h^2).

Variable	h^2	Residual
VOL	0,20	4,74 E ⁻¹
REC	0,12	8,60 E ⁻¹
CRAM	0,18	7,89 E ⁻¹
BIF	0,03	9,72 E ⁻¹
LIM1	0,17	8,53 E ⁻¹
LIM2	0,19	8,36 E ⁻¹
II1	0,20	7,37 E ⁻¹
II2	0,18	7,53 E ⁻¹
LIB1	0,17	8,37 E ⁻¹
LIB2	0,21	8,01 E ⁻¹
NVER1	0,21	7,21 E ⁻¹
NVER2	0,22	7,20 E ⁻¹

Para el caso de los índices de internudo los valores obtenidos fueron superiores a los registrados por Shelbourne (1997) en clones de 16 años, donde obtuvieron heredabilidades en sentido amplio de 0,16. Para el largo de internudo base no existen datos asociados a heredabilidad de ningún tipo.

4.2.2 Valores genéticos aditivos (VGA)

Los VGA calculados permitieron determinar la superioridad genética de algunas familias por sobre otras para todas las variables medidas en el ensayo y que son de interés para este trabajo, ya que permiten identificar familias que tengan características deseables de crecimiento y calidad para realizar posibles selecciones de segunda generación. La totalidad de estos valores se encuentran resumidos y rankeados en el Anexo 7.

4.3 *Ranking* familiar genotípico

En la figura 8 se encuentra el *ranking* confeccionado con los VGA familiares en orden descendente para las variables volumen, rectitud, calidad de ramas y largo de internudo medio para la sección más amplia del fuste que es el indicador de largo de internudo que mejor expresa la longitud de los internudos del árbol promedio de cada familia. En el Anexo 7 se encuentran rankeadas todas las familias para todas las variables medidas en el ensayo.

Existen dos grupos de familias destacados para la variable volumen (Figura 8), el primero que contiene a las familias 37, 5, 23, 26 y 36 que son aquellas que presentan un mayor crecimiento, y las familias 27, 44, 38, 31 y 40 que presentan los menores crecimientos del ensayo. Sin embargo, a pesar de la posición relativa que tienen estas familias en el *ranking* es importante señalar que como ya se vio en el punto 4.1.3 sólo existen dos grupos homogéneos con diferencias estadísticamente significativas y que sólo se diferencian en 3 familias. Estos resultados del análisis estadísticos pueden deberse a la alta variabilidad que presentaba el sitio donde fue establecido el ensayo o bien a la poca diferenciación genética del material utilizado.

En la columna donde se encuentra la variable rectitud se aprecia que la familia que ocupa el primer lugar es la 36, siendo ésta la única familia, de las que presentan mayor crecimiento, que tiene un buen desempeño en rectitud y además en calidad de ramas, donde ocupa el segundo lugar. En el caso del largo de internudo promedio esta familia se encuentra ubicada en el tercio superior del *ranking*. Esto es de gran interés en términos prácticos, ya que muestra que es posible encontrar familias con altos crecimientos, buena calidad y largos de internudo interesantes.

Finalmente la peor familia del ensayo es claramente la 40 que presenta los valores más bajos de crecimiento, rectitud y calidad de ramas, aunque no para el largo de internudo promedio, donde se ubica dentro de las 10 mejores.

R	VOL	REC	CRAM	LIM 1
1	BQI037	BQI036	C3	BQI038
2	BQI005	C3	BQI036	BQI021
3	BQI023	BQI022	C1	BQI012
4	BQI026	C1	BQI015	BQI017
5	BQI036	BQI035	BQI021	BQI005
6	BQI006	BQI006	BQI012	BQI022
7	BQI028	BQI033	BQI039	BQI023
8	BQI035	BQI010	BQI024	BQI027
9	BQI019	BQI019	BQI018	BQI035
10	BQI024	BQI044	BQI020	BQI040
11	BQI032	BQI015	BQI034	BQI036
12	BQI017	BQI021	BQI013	BQI020
13	BQI043	BQI032	BQI017	BQI031
14	C1	BQI024	BQI041	BQI037
15	BQI010	BQI026	BQI033	BQI013
16	BQI020	BQI020	BQI038	BQI034
17	C3	BQI017	BQI044	BQI032
18	BQI033	BQI034	C2	BQI043
19	BQI012	BQI013	BQI019	BQI028
20	BQI018	BQI037	BQI031	BQI044
21	BQI021	BQI027	BQI043	BQI006
22	BQI022	BQI018	BQI022	BQI018
23	BQI034	BQI012	BQI027	BQI015
24	BQI041	BQI039	BQI006	BQI010
25	C2	BQI043	BQI035	BQI024
26	BQI013	C2	BQI005	BQI033
27	BQI039	BQI031	BQI010	BQI041
28	BQI015	BQI041	BQI037	BQI039
29	BQI027	BQI038	BQI028	BQI026
30	BQI044	BQI023	BQI026	BQI019
31	BQI038	BQI040	BQI040	C1
32	BQI031	BQI005	BQI023	C3
33	BQI040	BQI028	BQI032	C2

Figura 8. Ranking familiar genotípico.

4.4 Análisis de variables

4.4.1 Volumen y largo de internudo promedio (LIM)

Dentro de las 33 familias del ensayo no existe ninguna relación entre el volumen y el largo de internudo promedio entre 2 y 11 m. En la figura 9 se observa que la familia con mayor largo de internudo promedio es la 38, la cual presenta bajas tasas de

crecimiento, mientras que la con mayor volumen es la familia 37 con largos de internudo promedio inferiores. Por lo tanto se puede señalar que dentro de familias con buenas tasas de crecimiento es posible encontrar individuos de internudos largos en trozas no podadas.

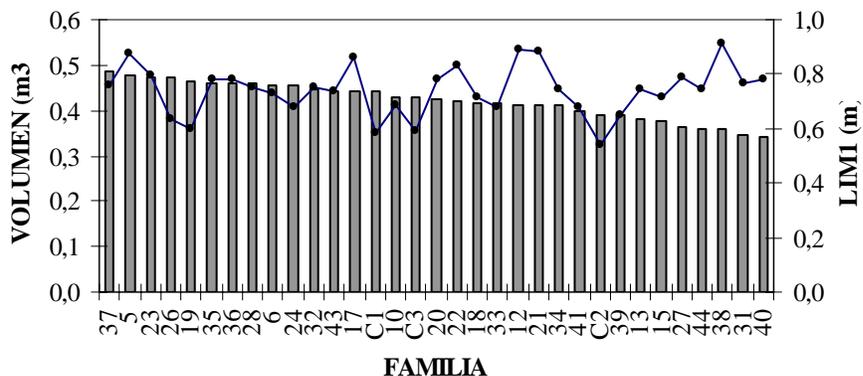


Figura 9. Comportamiento del largo de internudo promedio en relación el crecimiento volumétrico de cada familia.

4.4.2 Bifurcación

Al agrupar las cinco mejores y las cinco peores familias en cuanto a crecimiento, se obtuvo que existe en promedio un 5,7% y un 10,7 % respectivamente de árboles bifurcados por familia. Aunque pareciera ser alto el porcentaje de bifurcación en ambos grupos de familias (mejores y peores en volumen), esto no se tiene una explicación genética, ya que el grado de bifurcación es bastante homogéneo a nivel de ensayo, no existiendo diferencias significativas entre familias.

4.4.3 Rectitud

A nivel de ensayo existen, para esta variable, un 43,6% de individuos que se encuentran en la categoría superior, un 50,7 % en la categoría media y sólo un 5,7% en la inferior (Figura 10). De lo cual se puede concluir que al menos el 72% de la progenie de árboles *plus* con tendencia uninodal tiene una rectitud al menos aceptable (4 o superior).

Al analizar por separado a las cinco mejores familias del ensayo, en relación a su crecimiento, se obtuvo que en promedio un 38,2% de los individuos tienen una categoría superior en rectitud, un 55,0% una media y un 6,8% una inferior, mostrando ser levemente inferior en calidad para esta variable si la comparamos con los valores promedios del ensayo. Por otra parte las cinco peores familias presentan un 37,8% de individuos en la categoría superior, un 54,4% en la categoría media y un 7,9% en la inferior.

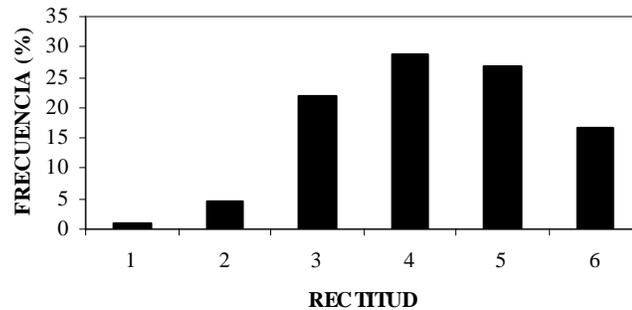


Figura 10. Frecuencia por categorías para la variable rectitud.

Aquellos árboles con categoría inferior (1 y 2) son aquellos que serán eliminados en el primer raleo a desecho, mientras que algunos con categoría media (3 y 4) serán eliminados en esta ocasión o a más tardar en un raleo comercial, y los con categoría superior (5 y 6) serán aquellos que lleguen a la cosecha final. Los resultados indican que existen familias con un alto porcentaje de árboles en la categoría superior de rectitud, los cuales son suficientes para llegar a una cosecha final con más de 350 árb/ha de muy buena rectitud.

4.4.4 Calidad de ramas

La calidad de ramas a nivel de ensayo, a diferencia de la rectitud, presentó valores inferiores. El 16,6% de los árboles se encuentra en la categoría superior, el 65,8% en la categoría media y el 17,6% en la inferior. (Figura 11). Las cinco mejores familias presentan un 12,4% de individuos en la categoría superior, un 62% en la media y un 25,6% en la inferior. Mientras que en las cinco peores se obtuvo un 9,1% de los individuos en la categoría superior un 73,5% en la media y un 17,4% en la inferior.

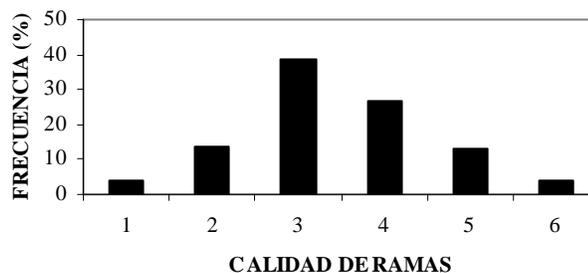


Figura 11. Frecuencia por categorías para la variable calidad de ramas.

Las mejores familias presentan una mayor cantidad de individuos en las categorías superiores a diferencia de las peores familias que tienen un mayor porcentaje de individuos en las categorías medias. Sin embargo, las mejores familias presentaron

un mayor porcentaje de individuos en las categorías inferiores, lo que estaría indicando que existen muchos individuos que presentan valores extremos de calidad de ramas, es decir existen individuos con altas tasas de crecimiento, ramas bien distribuidas, delgadas y con un buen ángulo de inserción que pudieran ser en su mayoría árboles de internudos mas cortos que aquellos que se encuentran en las categorías inferiores de calidad de ramas.

Watt *et al.* (2000) señalan que el diámetro de las ramas puede ser manipulado independientemente de otras variables tales como el volumen, la rectitud y el largo de internudo, sin embargo los resultados de este estudio indicaron que existe una tendencia a que a medida que se empeora la calidad de ramas se empeora también la rectitud.

4.4.5 Indicadores de largo de internudo

En la figura 12 se encuentran graficados los indicadores de internudos calculados para las cinco mejores y las cinco peores familias del ensayo para la variable volumen. Se observa que el largo de internudo promedio es mayor en ambas secciones del fuste para las familias que presentan un menor crecimiento volumétrico, lo mismo ocurre para el índice de internudo y el largo de internudo base.

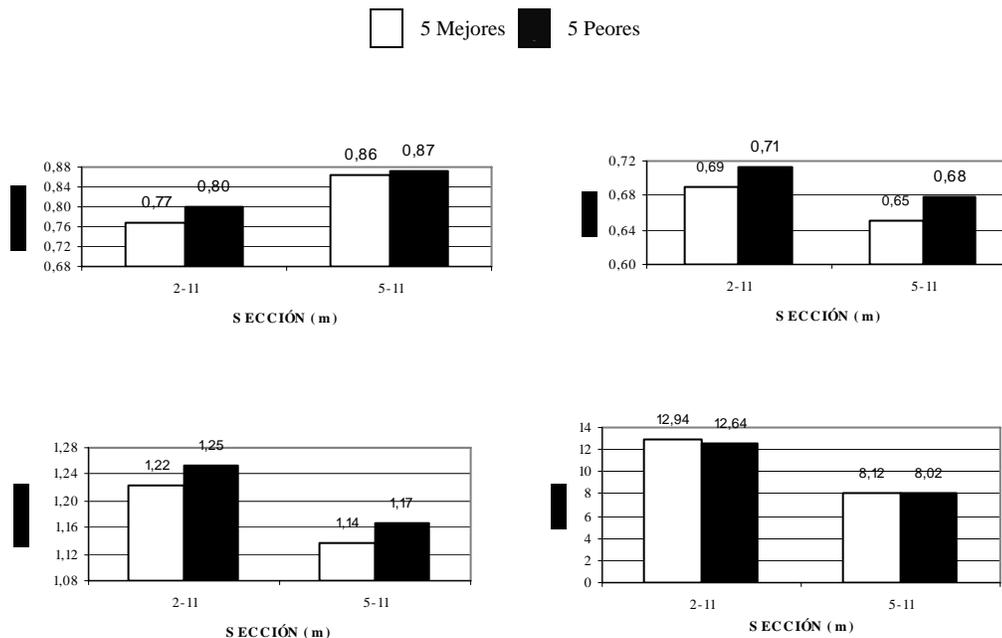


Figura 12. Indicadores de largo de internudos para las dos secciones analizadas.

Por su parte los indicadores de largo de internudo utilizados para determinar el aprovechamiento de madera *clear* (II y LIB) son superiores en la sección del fuste entre los 2 y los 11 m, pudiendo ser que los mayores largos de internudo se encontraran bajo los 5 m, contribuyendo así a mejorar los indicadores para esta sección.

Llama la atención que el número de verticilos tanto para las mejores como para las peores familias es bastante similar, siendo levemente mayores en aquellas con mejores crecimientos. Esto indicaría que las familias de mayor volumen tienen tendencia a tener un mayor número de verticilos, no obstante, los valores son tan similares que esta diferencia es despreciable.

4.4.6 Análisis fenotípico general

Si bien originalmente cada familia estaba representada por seis árboles en cada bloque del ensayo solo se trabajaron con cuatro para el análisis central de este estudio. Por lo tanto para verificar si existía alguna variación en las variables medidas al simular dos raleos dejando los cuatro y dos árboles con mayor volumen de cada familia respectivamente, se realizó un análisis de los valores promedios familiares para todas las características del ensayo las cuales se observan en el cuadro 5.

Cuadro 5. Valores para las variables de crecimiento y calidad con 6, 4 y 2 árboles.

	6 Árboles	4 Árboles	2 Árboles
VOL (m ³)	0,3680	0,4217	0,5038
REC	4,2	4,2	4,4
CRAM	3,6	3,4	3,2
LIM1 (m)	0,74	0,74	0,74
LIM2 (m)	0,81	0,81	0,82
II1 (%)	0,67	0,60	0,67
II2 (%)	0,61	0,61	0,62
LIB1 (m)	1,09	1,10	1,11
LIB2 (m)	1,02	1,03	1,05
NVER1	13,40	13,44	13,36
NVER2	8,55	8,57	8,47

Al ir seleccionando los mejores individuos en cuanto al volumen se observa que la rectitud mejora levemente y la calidad de ramas empeora a medida que se dejan menos árboles. La calidad de ramas empeora, ya que al ser los árboles de mayor tamaño aumenta también el diámetro de las ramas y la rectitud mejora por acción del aumento de masa en el fuste.

Las variables indicadoras de internudo, por su parte, no presentan cambios al mejorar el volumen, lo que se debe a que todos los individuos provienen de árboles *plus* seleccionados precisamente por tener tendencia a producir internudos largos por lo que los promedios no varían significativamente en el ensayo.

4.4.7 Otras variables medidas en el ensayo

Como se observa en el cuadro 6 las variables árboles quebrados (QUEB), cola de zorro (CZOR), daño mecánico (DMEC) y daño entomopatógeno (PESTE), no tienen

gran importancia dentro del análisis del ensayo, ya que presentan frecuencias muy bajas, las cuales son perfectamente normales para ensayos de este tipo.

Cuadro 6. Variables generales del ensayo.

Variable	Porcentaje de árboles (%)
SOB	88,6
QUEB	1,1
CZOR	0,4
DMEC	0,3
PESTE	0,1

Todas las familias del ensayo presentan una sobrevivencia (SOB) por sobre el 80% a excepción de la familia 26, lo cual no tiene relevancia dentro del ensayo, ya que a pesar de tener un buen desempeño en volumen, presenta una calidad media en rectitud y una calidad de ramas y largo de internudo bastante bajos en relación al resto de las familias.

4.5 Correlación entre variables

El análisis de correlación se realizó, en primera instancia, con los valores fenotípicos individuales y los promedios familiares para cada variable. Posteriormente la correlación fue hecha sólo considerando los valores genéticos aditivos de cada familia, obteniéndose mejores relaciones entre las variables analizadas. El objetivo principal de éste análisis fue determinar el grado de correlación de todas las variables entre sí, pero principalmente determinar el grado de relación existente entre el número de verticilos y las demás variables indicadoras de largo de internudo.

Cuadro 7. Correlaciones genotípicas de los VGA familiares.

	VOL	REC	GRAM	LIM1	LIM2	II1	II2	LIB1	LIB2	NVER1	NVER2
VOL	1,00										
REC	0,23	1,00									
GRAM	-0,20	0,41*	1,00								
LIM1	-0,07	-0,24	-0,17	1,00							
LIM2	-0,01	-0,31	-0,15	0,98**	1,00						
II1	0,04	-0,22	-0,19	0,91**	0,90**	1					
II2	0,00	-0,33	-0,17	0,88**	0,89**	0,93**	1				
LIB1	-0,03	-0,32	-0,23	0,93**	0,94**	0,85**	0,88**	1			
LIB2	-0,03	-0,31	-0,20	0,92**	0,93**	0,88**	0,91**	0,99**	1		
NVER1	0,02	0,22	0,22	-0,98**	-0,95**	-0,94**	-0,93	-0,93**	-0,93**	1	
NVER2	-0,02	0,27	0,17	-0,96**	-0,96**	-0,94**	-0,94**	-0,93**	-0,94**	0,98**	1

* significativo al 95% de confianza (P-Valor <0.05)

** altamente significativo al 99% de confianza (P-Valor <0.01)

En el cuadro 7 se observa que la variable volumen no presenta correlaciones estadísticamente significativas con ninguna de las variables medidas, lo mismo ocurre con la calidad de ramas y la rectitud, a excepción de la relación existente entre estas dos últimas. Por su parte las variables indicadoras del largo de internudo sólo presentan correlaciones significativas entre sí.

A pesar de que el largo de internudo promedio no captura la variación ni la distribución de las ramas a lo largo del fuste éste es buen indicador, ya que presenta correlaciones sobre 0,64 con todos los indicadores de largo de internudo calculados.

En la figura 13 se aprecia que el coeficiente de correlación existente entre el número de verticilos y el largo de internudo promedio entre los 2 y 11 m para todos los valores de VGA familiares del ensayo es de 0,95. La alta correlación entre estas dos variables y los otros indicadores (LIB e II), los que son todos mayores a 0,85, permite concluir que sólo con determinar el número de verticilos para una longitud definida se puede estimar de buena manera el largo de internudo promedio, el índice de internudo y el largo de internudo base, lo que facilita considerablemente la toma de datos en terreno para la evaluación de este tipo de ensayos a futuro, ya que la medición de ocurrencia de cada verticilo requiere de mucho tiempo de trabajo y de gran precisión. En el Anexo 8 se encuentran los coeficientes de correlación fenotípicos familiares entre todas las variables medidas.

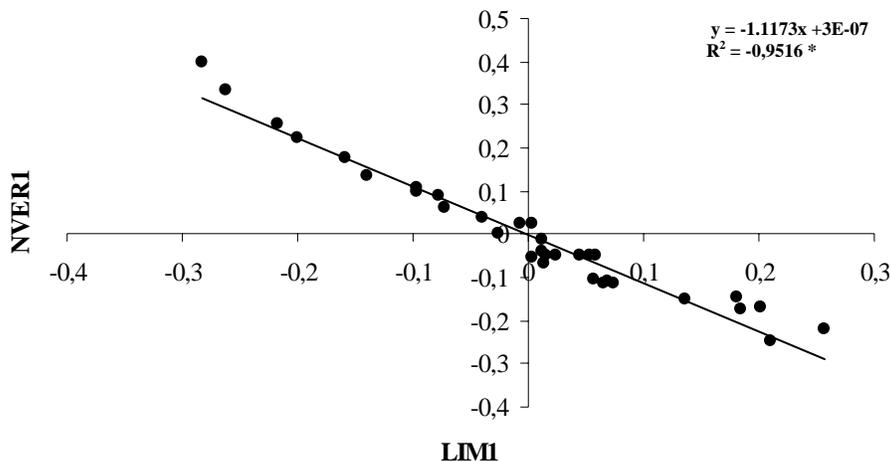


Figura 13. Correlación entre los VGA familiares del largo de internudo medio y el número de verticilos. (n = 33), (* Valor significativo al 99% de confianza)

4.6 Modelo de Grace

Como se aprecia en la figura 14, el 94% de las familias presenta su máximo largo de internudo (IMX) entre los 4 y 6 m de altura (LOC), corroborando lo citado por Grace y Carson (1993). La familia con el valor de LOC más alto es la 5 y concuerda también con ser una de las que presenta los mayores valores de IMX. Sin embargo, a pesar de tener un buen crecimiento volumétrico y buenos indicadores de largo de internudo

posee una rectitud y calidad de ramas de baja calidad, por lo que no sería una buena decisión seleccionarla para un programa de mejoramiento genético a pesar de presentar superioridad en algunas características.

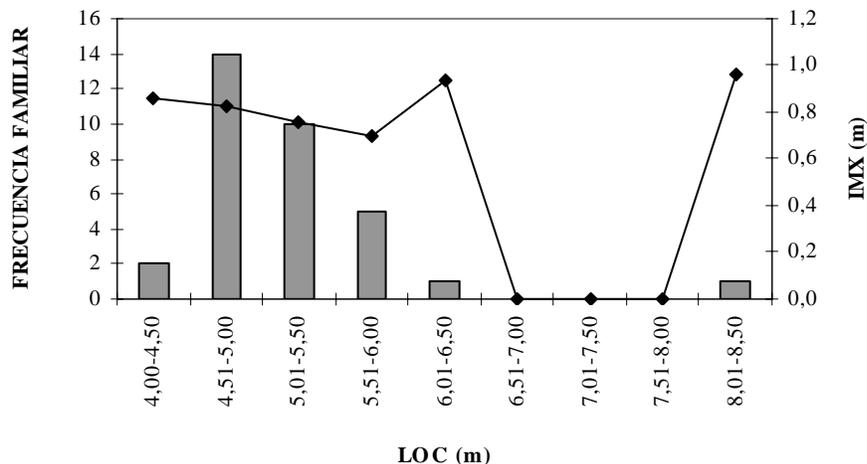


Figura 14. Distribución de LOC por clase de altura e IMX promedio por clase.

Por su parte al realizar un análisis de todos los datos del ensayo en conjunto, se aprecia una baja variabilidad entre familias, lo cual puede deberse a que todas las familias seleccionadas son provenientes de árboles con una clara tendencia a producir internudos largos. Los resultados detallados por familia obtenidos mediante del Modelo de Grace se encuentran en el Anexo 8.

4.7 Deficiencias del ensayo

Si bien el ensayo en estudio es el único en su tipo y fue establecido en los inicios del programa de mejoramiento genético existen algunos aspectos que no fueron bien considerados en el momento de su establecimiento. Las deficiencias detectadas son básicamente de cuatro tipos: sitio, selección de las familias controles, ataque de agentes entomológicos y ausencia de otros ensayos.

Una vez hecha la visita al sitio donde se encuentra establecido el ensayo en la VII región se pudo apreciar que el sitio no presentaba condiciones homogéneas de suelo, observándose en algunas zonas del rodal afloramientos rocosos, lo que indica la baja profundidad de los suelos. Esto se corrobora con los bajos crecimientos obtenidos en ciertos bloques. Conjuntamente existen zonas del rodal que presentan anegamientos que provocaron la mortalidad de algunas familias dentro de algunos bloques, como se pudo observar claramente en el bloque 10 que fue eliminado completamente del análisis de datos. Por lo tanto debe tomarse en cuenta que los valores obtenidos de heredabilidad son bajos debido principalmente al efecto del medio ambiente.

Las familias controles utilizadas en este ensayo no fueron las más adecuadas como ya se mencionó anteriormente en el punto 4.1.2. Bajo estas condiciones los datos relativos a estas familias deben ser considerados cautelosamente y la única comparación que puede hacerse respecto a los controles es con la familia control proveniente de semilla sin mejoramiento genético (C3).

Por su parte, el ataque provocado por polilla del brote, entre los años 1992 y 2000, que sufrió el ensayo, pudiera haber afectado las tasas de crecimiento, la rectitud y el largo de internudo de los árboles atacados. Este factor ambiental seguramente afectó además los valores de heredabilidad.

Como observación final no se puede dejar de mencionar que la ausencia de otros ensayos con el material utilizado (progenies de internudo largo) hace imposible realizar una comparación del comportamiento de estas familias en otros sitios.

5. CONCLUSIONES

Podría pensarse que si los árboles de internudo largo son aquellos que presentan un menor crecimiento volumétrico y tienen problemas de forma, los raleos deberían tender a eliminarlos de la población, sin embargo, esto no ocurrió en el ensayo.

Se observó que largos de internudo máximos (IMX) de progenies uninodales son mayores que en progenies multinodales y se encuentran en la sección del fuste comprendida entre los 4 a los 6 m.

El análisis del ensayo muestra que pueden obtenerse individuos de buen crecimiento con rectitudes y calidad de ramas de categoría media y superior y además buenos largos de internudo.

Todas las variables indicadoras de la longitud de internudo presentaron valores similares de heredabilidad siendo la de mayor valor el número de verticilos, esto facilita la toma de datos al momento de evaluar un ensayo de estas características, donde sería suficiente determinar el número de verticilos en secciones definidas del fuste, ratificándose con las altas correlaciones existentes entre esta variable y las demás indicadoras del largo de internudo.

Además de las variables indicadoras del largo de internudo utilizadas para este estudio, sería de gran utilidad añadir otras tales como el largo de internudo fundamental (FIL) analizadas en otros estudios referentes al tema, ya que entrega mejores correlaciones con los rendimientos *clear cuttings* que variables tales como el largo de internudo promedio (LIM) y el índice de internudos (II).

Sin duda la mejor familia del ensayo es la 36, que si bien no presenta las mejores tasas de crecimiento, es la que presenta mejor rectitud y calidad de ramas dentro de las cinco mejores familias del *ranking* de volumen, y en promedio sus largos de internudo fueron cercanos a 0,8 m. Si bien esta familia se ubica dentro del grupo que presenta superioridad en volumen, todas las familias que lo componen obtuvieron valores que no difieren de gran manera entre si.

La variable árboles bifurcados no presenta antecedentes genéticos debido a que no existen diferencias significativas entre las familias en estudio por lo que es un evento que afectó al ensayo en general. Esto se atribuye esencialmente al ataque de polilla del brote y no a un componente familiar específico.

La importancia de la elección de las familias controles queda muy clara en los resultados de este trabajo. El no elegir correctamente los controles no permite determinar de buena manera la real superioridad o inferioridad del material mejorado para alguna característica poco estudiada como lo es el largo de internudo (también para otras características de crecimiento y calidad).

De los resultados de este ensayo en particular se puede concluir que no existe ninguna relación clara entre el crecimiento volumétrico y el largo de internudo

promedio, por lo que es posible realizar selecciones para ambas características en conjunto aunque quizás no de tan buen crecimiento como en árboles seleccionados por crecimiento y forma de tendencia multinodal. Por lo tanto para que el mejoramiento genético en esta área sea rentable debe existir una compensación a favor de la madera libre de nudos corta con respecto de la madera con nudos para compensar las menores tasas de crecimiento.

6. BIBLIOGRAFÍA

- Balocchi, C; R. Delmastro. 1992. Principios de Genética Forestal. Universidad Austral de Chile. Valdivia. 180 p.
- Carson, M.J. 1988. Long internode or multinodal radiata pine. A financial analysis. New Zealand Ministry of Forestry, Forest Research Institute, FRI Bulletin nº 115. 27 p.
- Carson, M.J; C.S. Inglis. 1988. Genotype and location effects on internode length of *Pinus radiata* in New Zealand. New Zealand Journal of Forestry Science. 18(3): 267-279.
- Constabel, E. 1994. Evaluación del largo de internudos para un programa de mejoramiento genético en *Pinus radiata* D. Don. Tesis Ing. For. Universidad Austral de Chile. Facultad de Ciencias Forestales. 52 p.
- Cooperativa de Mejoramiento Genético Forestal. 2001. Normativa de medición de ensayos de EPPA y EPPC de *Pinus radiata*. Valdivia, Universidad Austral de Chile, Facultad de Ciencias Forestales. Pauta técnica, 6.2. sp.
- De Veer, C; C. Balocchi; P. Crespell; F. Droppelmann. 2001. Biocat: un programa para el análisis de ensayos genéticos forestales. In: Actas Simposio Internacional IUFRO "Desarrollando el eucalipto del futuro". Valdivia, Chile. Septiembre 2001.
- Ehrenberg, C. 1970. Breeding for stem quality. Unasyuva. 24 (2-3).
- Gallardo, W. 2003. Evaluación del largo de internudo en dos ensayos de progenie de polinización controlada de *Pinus radiata* D. Don en la Provincia del Bío-Bío, VIII Región. Tesis Ing. For. Universidad Austral de Chile. Facultad de Ciencias Forestales. 72 p.
- Grace, J.C; M.J. Carson. 1993. Prediction of internode length in *Pinus radiata* stands. New Zealand Journal of Forestry Science. 23(1): 10-26.
- Guzmán, S. 2000. Effect of internode length on timber quality. In: My job in New Zealand Forest Research about radiata pine growing in Chile. New Zealand. 24 p.
- Inglis, C; M. Cleland. 1982. Predicting final branch size in thinned pine stands. New Zealand Forest Service, Forest Research Institute, FRI Bulletin nº 3. 13 p.
- Jayawickrama, K; A. Shelbourne; M.J. Carson. 1997. New Zealand's long internode breed of *Pinus radiata*. New Zealand Journal of Forestry Science. 27(2): 126-141.

- Knowles, R; M. Kimberley. 1992. The effect of site, stocking, and genetics on second-log branching in *Pinus radiata*. New Zealand. Cooperative Report. 8 p.
- Mezzano, S. 1998. Comportamiento del aprovechamiento y calidad de la madera serrada de *Pinus radiata* D. Don a partir de las variables de las trozas. Tesis Ing. For. Universidad Austral de Chile. Facultad de Ciencias Forestales. 54 p.
- Morales, E. 2005. Diseño experimental a través del análisis de varianza y modelo de regresión lineal. Consultora Carolina. Valdivia, Chile. 248 p.
- Ocampo, J. 2001. Evaluación genética de un ensayo de progenie de polinización abierta de *Pinus radiata* D. Don. Tesis Ing. For. Universidad Austral de Chile. Facultad de Ciencias Forestales. 87 p.
- Shelbourne, C. 1997. Genetics of adding value to the end-products of radiata pine. New Zealand Forest Service, Forest Research Institute, FRI Bulletin nº 203. 13 p.
- Todoroki, C; G. West; L. Knowles. 2001. Sensivity analysis of log and branch characteristics influencing sawn timber grade. New Zealand Journal of Forestry Science. 31(1): 101-119.
- Varhola, A. 2001. Evaluación de un ensayo de progenie de polinización abierta de uninodales de *Pinus radiata*. Tesis Ing. For. Universidad Austral de Chile. Facultad de Ciencias Forestales. 36 p.
- Watt, M.S; J.A. Turner; E.G, Mason. 2000. Genetic influence on second-log branching in *Pinus radiata*. New Zealand Journal of Forestry Science. 30(3): 315-331.
- Zobel, B; J. Talbert. 1992. Técnicas de mejoramiento genético de árboles forestales. Trad. por Manuel Guzmán, Limusa. México. 545 p.

ANEXOS

Anexo 1
Abstract and Keywords

Abstract

The current study evaluated long internodes: their genetic basis and how they are related to growth (volume) and quality (straightness and branch quality) variables in *Pinus radiata* trees. Data were evaluated from an open-pollinated genetic trial in Region VII in which trees had a tendency for uninodal growth.

Data were analyzed using descriptive statistics, analysis of variance, and Duncan's multiple comparison tests.

Additive genetic variances were calculated for each variable to estimate heritability and to rank genotypes. Next, correlation analysis was undertaken between all of the variables. There were high levels of auto-correlation within the indicator variables for long internodes, but not for the growth or quality variables. Lastly, the data were analyzed to determine maximum internode length per tree and the height at which the maximum was located.

There were significant differences among families for all analyzed variables except percentage of bifurcated trees.

Family 36 had the highest genetic ranking for growth and quality, but it had low ranking in mean internode length. Number of whorls was the variable with the highest heritability.

This study shows that there is no clear relationship between tree volume and mean internode length. Therefore, selections can be made for both characteristics simultaneously.

Keywords: Pinus radiata, heritability, internode length.

Anexo 2
Esquema de ubicación y diseño del ensayo

Esquema de ubicación y diseño del ensayo

Identificación en terreno	Código Familia	Identificación en terreno
5	BQI027	27
6	BQI028	28
10	BQI031	31
12	BQI032	32
13	BQI033	33
15	BQI034	34
17	BQI035	35
18	BQI036	36
19	BQI037	37
20	BQI038	38
21	BQI039	39
22	BQI040	40
23	BQI041	41
24	BQI043	43
26	BQI044	44

Identificación en terreno	Descripción
C1	Semilla HSC El Membrillo
C2	Semilla HSC Conaf VIII
C3	Semilla de Monteáguila

Distribución de Familias

Bloque 1
C2 C1 44 43 41 40 39 38 37 36 35 34 33 32 31 28 C3
C3 27 26 24 23 22 21 20 19 18 17 15 13 12 10 6 5

Bloque 2
C3 18 39 35 C1 33 31 27 34 32 28 26 41 44 C3 38 24
22 20 36 23 21 19 C2 37 40 43 15 12 6 17 13 10 5

Bloque 3
C3 15 31 17 10 6 13 5 35 C3 37 23 33 12 C1 44 21
43 39 18 41 20 36 C2 28 34 27 32 26 22 38 54 40 19

Bloque 4
28 38 40 44 39 41 36 33 27 16 23 6 15 13 35 12 10
5 32 C3 22 31 26 20 C1 C3 17 C2 21 43 24 34 37 19

Bloque 5
27 C3 18 21 15 22 C1 41 32 37 13 20 38 40 35 12 33
36 28 23 43 26 C3 44 24 6 17 31 5 C2 19 34 10 39

Bloque 6
C2 21 C3 22 33 19 6 28 40 37 12 5 26 23 35 43 17
15 31 41 36 38 C3 20 24 27 44 39 C1 19 10 13 32 34

Bloque 7
21 37 26 44 15 6 34 C2 10 38 C3 41 32 12 17 40 22
43 35 28 20 33 C3 19 23 36 31 5 13 39 C1 24 18 27

Bloque 8
32 13 23 19 26 36 17 38 5 41 C3 6 40 43 C2 12 C3
C1 27 31 20 22 33 37 34 39 35 28 10 24 15 18 44 21

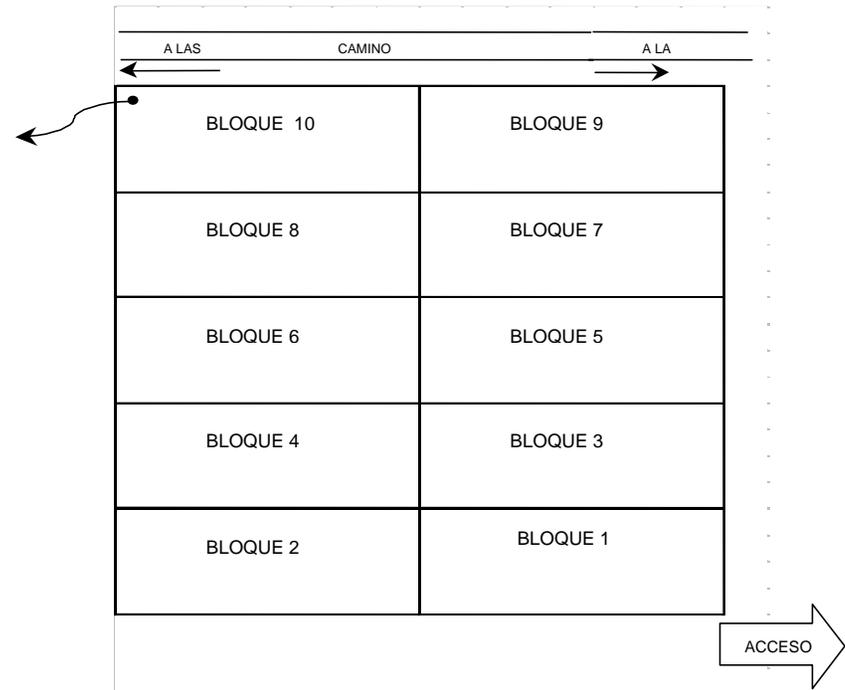
Bloque 9
37 15 33 24 35 40 31 38 20 41 C2 C3 23 39 C3 34 36
5 27 17 28 6 21 22 19 13 12 C1 26 32 43 18 44 10

Bloque 10
C3 24 34 41 22 C2 10 19 39 36 6 44 43 5 15 32 21
38 20 28 18 13 26 23 40 27 C1 31 33 12 C3 37 35 17

Distribución de

Orientación de las Familia

6
5
4
3
2
1



Anexo 3
Normativa de medición de ensayos modificada de *Pinus radiata* establecida por la
Cooperativa de Mejoramiento Genético Forestal

Normativa de medición de ensayos modificada de *Pinus radiata* establecida por la Cooperativa de Mejoramiento Genético Forestal

DESCRIPCIÓN DE LAS VARIABLES

- **RELLENO [0/1/9]**: Se registra de acuerdo a la siguiente codificación.

- 0. Árbol normal
- 1. Árbol de replante (misma familia)
- 2. Árbol anormal (no medible)
- 9. Árbol de relleno (no pertenece a la familia)

- **SOBREVIVENCIA [0/1/2]**: Se registra si el árbol está vivo, muerto o raleado.

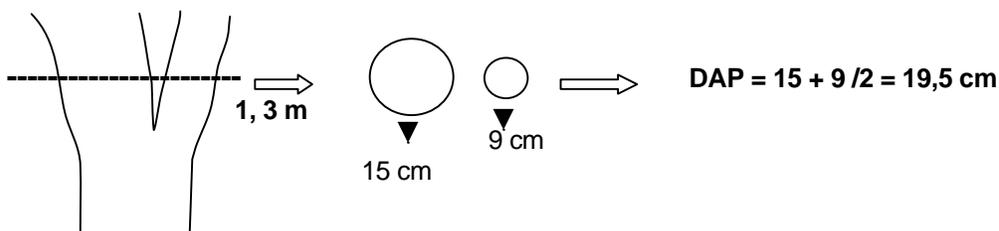
- 0. Árbol muerto
- 1. Árbol vivo
- 2. Árbol raleado

- **ALTURA [m]**: Altura total en metros al decímetro más cercano. Ejemplo: 5,1, 5,6, etc.

- **DAP [cm]**: Diámetro a la altura del pecho (1,3 metros) al 0,1 cm más cercano. (Ejemplo: 20,1, 20,3, 20,6, etc).

En caso de bifurcación bajo 1,3 m, el DAP se calcula midiendo ambos pies (sean estos de igual diámetro ó uno grueso y otro delgado) y utilizando la fórmula siguiente:

$$DAP = DAP_{\text{grueso}} + \frac{1}{2} DAP_{\text{delgado}}$$



- **BIFURCADO [0/1]**: Se registra si el árbol esta bifurcado. Se entenderá como bifurcado si el diámetro de la rama menor es a lo menos la mitad del diámetro de la rama dominante.

- 0. Árbol sin bifurcación.
- 1. Árbol con bifurcación

- **QUEBRADO [0/1]**: Se registra si el árbol esta quebrado en la punta.

- 0. Árbol no quebrado
- 1. Árbol quebrado

- **DAÑO MECANICO [0/1]**: Se registra si el árbol presenta daños debido a agentes tales como rayos, granizos, ramoneo severo o daños producidos por actividades silviculturales como fertilización, raleo, etc.

- 0. Árbol sin daño mecánico
- 1. Árbol con daño mecánico

- **PESTE [0/1]:** Se registra si el árbol presenta evidencias de daños por insectos o enfermedades.

- 0. Árbol sin peste
- 1. Árbol con peste

- **COLA DE ZORRO [0/1]:** Se registra si el árbol presenta cola de zorro.

- 0. Árbol sin cola de zorro
- 1. Árbol con cola de zorro

- **RECTITUD [1/2/3/4/5/6]:** La rectitud se califica sólo en los primeros 2/3 de la altura total del árbol. No se consideran las curvaturas basales, normalmente producto de inclinación inicial por viento. Se debe aislar el efecto de daño por polilla, toda vez que exista clara evidencia de dicho agente. La evaluación de esta variable se debe realizar en dos etapas:

- 1ª etapa: observar y clasificar el árbol en una de las siguientes tres categorías:

Categoría inferior : árbol para raleo, sólo utilizables para pulpa (1-2).

Categoría media : árbol acompañante a los remanentes en caso de no existir mejores, presenta pérdida parcial de productividad (3-4).

Categoría superior : árbol remanente de raleo, deseable para la corta final (5-6).

- 2ª etapa: se realiza la clasificación definitiva dentro de cada categoría según la siguiente pauta:

1. Árbol con curvatura que lo descalifica en el medio inferior (1ª troza).
2. Árbol con curvatura que lo descalifica en el medio superior (2ª troza).
3. Árbol con pérdida económica por curvatura en el medio inferior (1ª troza).
4. Árbol con pérdida de productividad en el medio superior (2ª troza).
5. Árbol con leve deficiencia en el medio inferior (1ª troza).
6. Árbol sin problemas, puede tener una leve curvatura en la zona superior.

Ante la duda en la asignación de la categoría asignar la inmediatamente mejor, calificando dentro de ésta con el valor menor. Cuando la categoría está clara, pero existe duda en la calificación dentro de ella, asignar el valor mayor.

- **CALIDAD DE RAMAS [1/2/3/4/5/6]:** La calificación de esta variable debe ser realizada combinando diámetro de ramas, ángulo de inserción, distribución y número de verticilos en el fuste. La distribución está asociada a la faena de poda, en el sentido de que luego de su ejecución el árbol no quede ni sobre o sub podado por efecto de una distribución de verticilos irregular. La mayor ponderación debe ser asignada a las dos primeras trozas.

La evaluación de esta variable se debe realizar en dos etapas:

- 1ª etapa: observar y clasificar el árbol en una de las siguientes tres categorías:

Categoría inferior : árbol con serias limitaciones para producción de madera libre de defectos, para raleo, sólo utilizables para pulpa (1-2).

Categoría media : árbol con deficiencias en una o más variables que aumentará el cilindro defectuoso, acompañante a los remanentes en caso de no existir mejores, presenta pérdida parcial de productividad (3-4).

Categoría superior: árbol con todas las variables de ramificación en buen estado, deseable para la corta final (5-6).

- 2ª etapa: se realiza la clasificación definitiva dentro de cada categoría según la siguiente pauta:
 1. Árbol con deficiencia extrema en diámetro de ramas y otra variable.
 2. Árbol con deficiencia extrema en diámetro o ángulo de ramas con una distribución en cualquiera de las categorías.
 3. Árbol con deficiencia extrema en alguna variable, excepto en diámetro de ramas. (Ejemplo: ramas de diámetro regular, ángulo regular y distribución mala).
 4. Árbol con deficiencias no extremas en todas las variables de rama. Podría tener deficiencia extrema en alguna variable, excepto en diámetro de ramas. (Ejemplo: ramas de ángulo agudo, de bajo diámetro y adecuada distribución).
 5. Árbol con alguna deficiencia en alguna de las variables, no puede presentar deficiencia en diámetro y ángulo a la vez.
 6. Árbol sin problemas, presenta una óptima combinación de todas las variables que califican ramas.

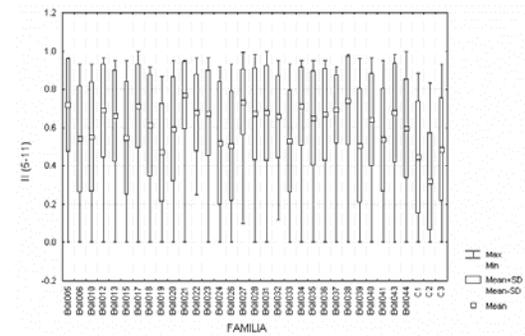
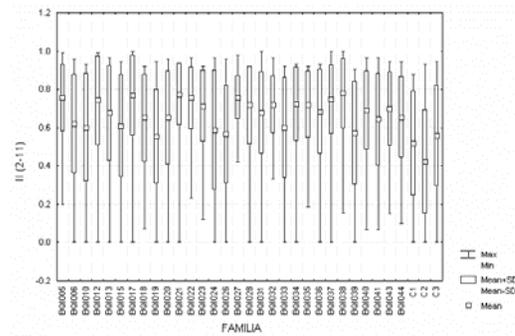
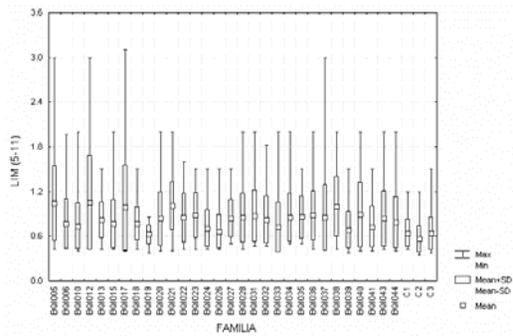
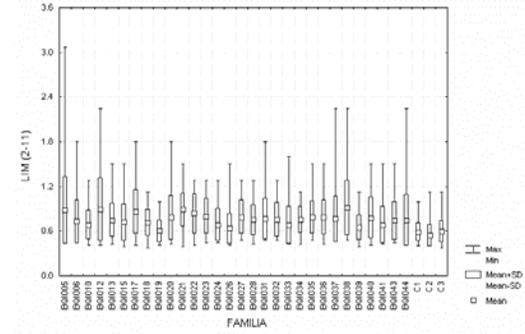
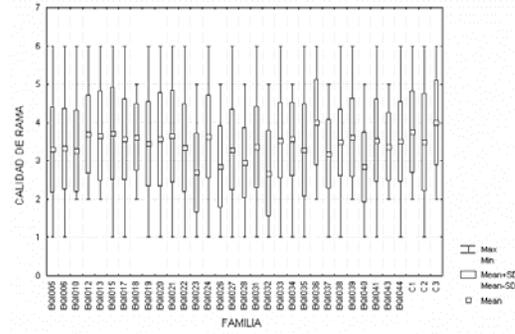
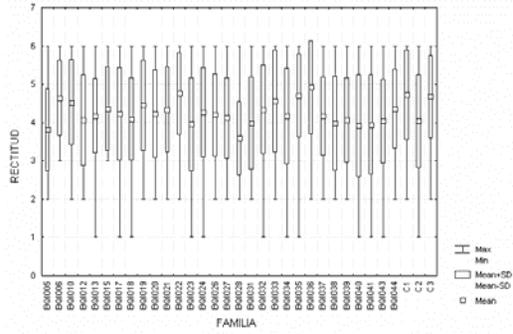
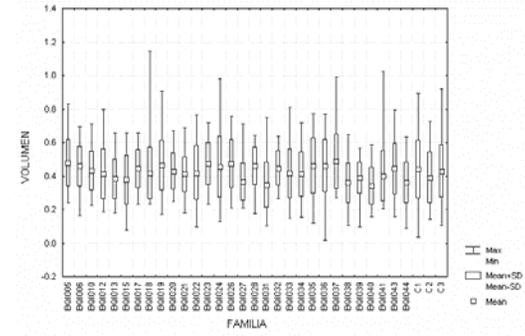
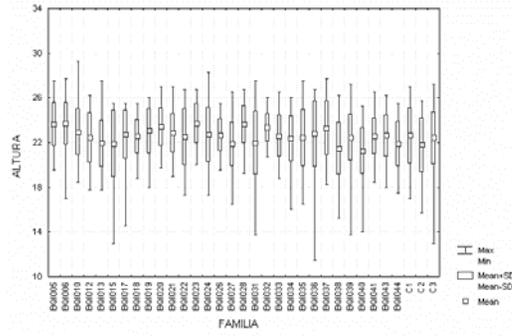
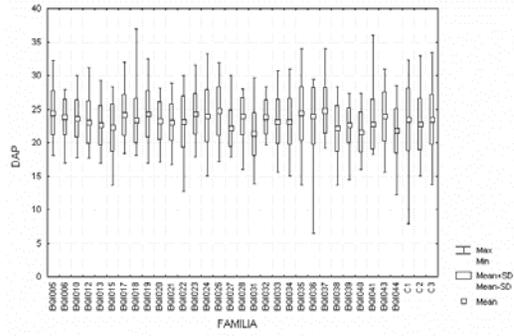
Ante la duda en la asignación de la categoría asignar la inmediatamente mejor, calificando dentro de ésta con el valor menor. Cuando la categoría está clara, pero existe duda en la calificación dentro de ella, asignar el valor mayor.

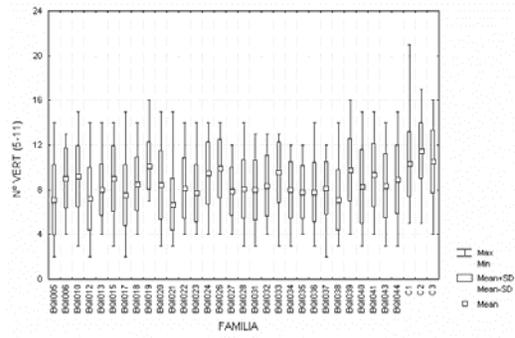
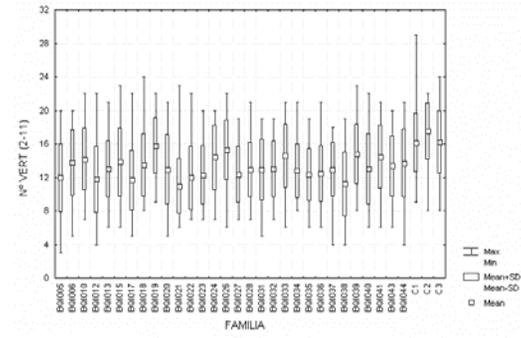
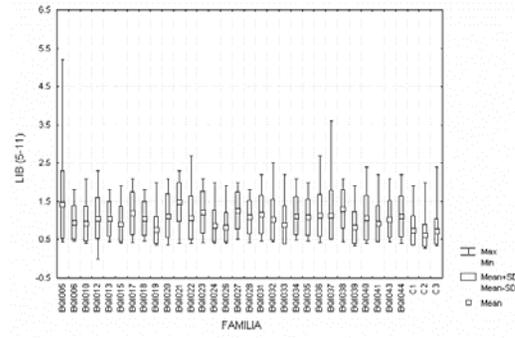
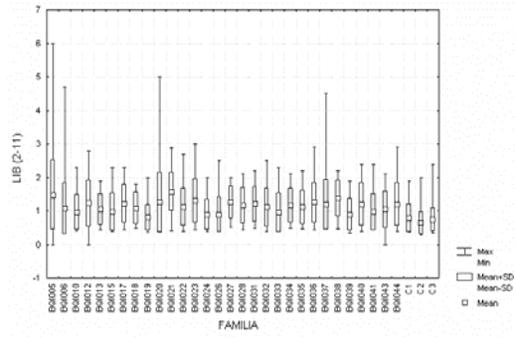
- **OBSERVACIONES [0-99]:** Se registra cualquier característica del árbol, de acuerdo a una tabla confeccionada por el interesado.

El código "0" indica "Sin Información", los códigos "1" al "99" pueden ser completados por el interesado.

Anexo 4
Estadística descriptiva

Gráficos estadística descriptiva





Anexo 5
Análisis de varianza

Análisis de varianza

VOL

Fuente de Variación	Grados Libertad	Suma Cuadrados	Cuadrados medios	Valor F	P-Valor
Familia	32	1,8846	0,0589	3,20	0,0000**
Bloque	8	1,3866	0,1733	9,41	0,0000**
Error	1166	21,4699	0,0184		
Total (correg.)	1206	24,7472			

REC

Fuente de Variación	Grados Libertad	Suma Cuadrados	Cuadrados medios	Valor F	P-Valor
Familia	32	113,6120	3,5504	2,90	0,0000**
Bloque	8	114,2450	14,2807	11,68	0,0000**
Error	1166	1426,2000	1,2232		
Total (correg.)	1206	1654,3100			

CRAM

Fuente de Variación	Grados Libertad	Suma Cuadrados	Cuadrados medios	Valor F	P-Valor
Familia	32	132,9360	4,1543	3.81	0.0000**
Bloque	8	78,4239	9,8030	9.00	0.0000**
Error	1166	1270,2900	1,0894		
Total (correg.)	1206	1481,2600			

LIM1

Fuente de Variación	Grados Libertad	Suma Cuadrados	Cuadrados medios	Valor F	P-Valor
Familia	32	10,3848	0,3245	5,09	0,0000**
Bloque	8	2,1832	0,2729	4,28	0,0000**
Error	1166	74,3249	0,0637		
Total (correg.)	1206	86,7970			

LIM2

Fuente de Variación	Grados Libertad	Suma Cuadrados	Cuadrados medios	Valor F	P-Valor
Familia	32	18,0839	0,5651	4,95	0,0000**
Bloque	8	3,1571	0,3946	3,45	0,0006**
Error	1166	133,2060	0,1142		
Total (correg.)	1206	154,2690			

II1

Fuente de Variación	Grados Libertad	Suma Cuadrados	Cuadrados medios	Valor F	P-Valor
Familia	32	13,0935	0,4092	5,19	0,0000**
Bloque	8	2,0559	0,2570	3,26	0,0011**
Error	1166	91,9702	0,0789		
Total (correg.)	1206	107,0280			

II2

Fuente de Variación	Grados Libertad	Suma Cuadrados	Cuadrados medios	Valor F	P-Valor
Familia	32	19,5520	0,6110	5,84	0,0000**
Bloque	8	1,7877	0,2235	2,14	0,0300*
Error	1166	121,9260	0,1046		
Total (correg.)	1206	143,1610			

LIB1

Fuente de Variación	Grados Libertad	Suma Cuadrados	Cuadrados medios	Valor F	P-Valor
Familia	32	47,3940	1,4811	6,12	0,0000**
Bloque	8	5,6308	0,7039	2,91	0,0033**
Error	1163	281,6440	0,2422		
Total (correg.)	1203	334,3130			

LIB2

Fuente de Variación	Grados Libertad	Suma Cuadrados	Cuadrados medios	Valor F	P-Valor
Familia	32	46,2610	1,4457	6,59	0,0000**
Bloque	8	3,9075	0,4884	2,23	0,0235*
Error	1165	255,6870	0,2195		
Total (correg.)	1205	305,6040			

NVER1

Fuente de Variación	Grados Libertad	Suma Cuadrados	Cuadrados medios	Valor F	P-Valor
Familia	32	2944,6000	92,0187	7,01	0,0000**
Bloque	8	546,2120	68,2765	5,20	0,0000**
Error	1166	15299,5000	13,1214		
Total (correg.)	1206	18767,7000			

NVER2

Fuente de Variación	Grados Libertad	Suma Cuadrados	Cuadrados medios	Valor F	P-Valor
Familia	32	1542,7800	48,2118	6,57	0,0000**
Bloque	8	194,3490	24,2936	3,31	0,0010**
Error	1166	8560,0600	7,3414		
Total (correg.)	1206	10286,2000			

*: significativo al 95% de confianza (P-Valor <0.05)

** : altamente significativo al 99% de confianza (P-Valor <0.01)

Anexo 6
Análisis de comparaciones múltiples de Duncan

Comparaciones múltiples de Duncan

VOL

Lugar	Familia	NºObs	Media	Grupos *
1	37	36	0,4879	a
2	5	35	0,4779	a b
3	23	36	0,4729	a b
4	26	31	0,4724	a b
5	19	36	0,4636	a b
6	35	36	0,4607	a b
7	36	36	0,4606	a b
8	28	36	0,4579	a b
9	6	36	0,4568	a b
10	24	35	0,4543	a b
11	32	36	0,4464	a b
12	43	36	0,4431	a b
13	17	36	0,4427	a b
14	C1	35	0,4402	a b
15	10	35	0,4313	a b
16	C3	72	0,4274	a b
17	20	36	0,4270	a b
18	22	36	0,4184	a b
19	18	36	0,4177	a b
20	33	36	0,4161	a b
21	12	35	0,4106	a b
22	21	36	0,4102	a b
23	34	36	0,4099	a b
24	41	34	0,3988	a b
25	C2	36	0,3902	a b
26	39	35	0,3880	a b
27	13	36	0,3829	a b
28	15	34	0,3776	a b
29	27	36	0,3630	a b
30	44	34	0,3589	a b
31	38	36	0,3588	a b
32	31	36	0,3466	b
33	40	36	0,3399	b

RECT

Lugar	Familia	NºObs	Media	Grupos *
1	36	36	4,9	a
2	22	36	4,8	a
3	C1	35	4,7	a b
4	35	36	4,7	a b
5	C3	72	4,7	a b
6	6	36	4,6	a b
7	33	36	4,6	a b
8	10	35	4,5	a b
9	19	36	4,4	a b
10	44	34	4,4	a b
11	15	34	4,4	a b
12	32	36	4,3	a b
13	21	36	4,3	a b
14	24	35	4,3	a b
15	17	36	4,2	a b
16	20	36	4,2	a b
17	26	31	4,2	a b
18	13	36	4,2	a b
19	37	36	4,2	a b
20	34	36	4,2	a b
21	27	36	4,1	a b
22	18	36	4,1	a b
23	12	35	4,1	a b
24	39	35	4,1	a b
25	43	36	4,0	a b
26	C2	36	4,0	a b
27	31	36	4,0	a b
28	38	36	4,0	a b
29	23	36	3,9	a b
30	41	34	3,9	a b
31	40	36	3,9	a b
32	5	35	3,8	a b
33	28	36	3,6	b

CRAM

Lugar	Familia	NºObs	Media	Grupos *
1	C3	72	4,0	a
2	36	36	4,0	a b
3	C1	35	3,7	a b c
4	15	34	3,7	a b c
5	12	35	3,7	a b c
6	13	36	3,6	a b c
7	21	36	3,6	a b c
8	24	35	3,6	a b c
9	18	36	3,6	a b c
10	39	35	3,6	a b c
11	34	36	3,6	a b c
12	17	36	3,6	a b c
13	20	36	3,6	a b c
14	41	34	3,5	a b c
15	33	36	3,5	a b c
16	44	34	3,5	a b c
17	38	36	3,5	a b c
18	C2	36	3,5	a b c
19	19	36	3,4	a b c
20	31	36	3,4	a b c
21	43	36	3,4	a b c
22	22	36	3,3	a b c
23	6	36	3,3	a b c
24	5	35	3,3	a b c
25	27	36	3,3	a b c
26	35	36	3,3	a b c
27	10	35	3,3	a b c
28	37	36	3,2	a b c
29	28	36	2,9	a b c
30	26	31	2,8	a b c
31	40	36	2,8	a b c
32	23	36	2,7	b c
33	32	36	2,7	c

LIM1

Lugar	Familia	NºObs	Media	Grupos *
1	38	36	0,91	a
2	12	35	0,89	a b
3	21	36	0,89	a b
4	5	35	0,88	a b
5	17	36	0,86	a b c
6	22	36	0,83	a b c
7	23	36	0,80	a b c d
8	27	36	0,79	a b c d e
9	35	36	0,78	a b c d e
10	36	36	0,78	a b c d e
11	20	36	0,78	a b c d e
12	40	36	0,78	a b c d e f
13	31	36	0,77	a b c d e f g
14	37	36	0,76	a b c d e f g
15	28	36	0,75	a b c d e f g
16	32	36	0,75	a b c d e f g
17	34	36	0,75	a b c d e f g
18	13	36	0,75	a b c d e f g
19	44	34	0,75	a b c d e f g
20	43	36	0,74	a b c d e f g
21	6	36	0,73	a b c d e f g
22	15	34	0,72	b c d e f g h
23	18	36	0,71	b c d e f g h
24	10	35	0,68	c d e f g h
25	41	34	0,68	c d e f g h
26	24	35	0,68	c d e f g h
27	33	36	0,68	c d e f g h
28	39	35	0,65	d e f g h
29	26	31	0,63	d e f g h
30	19	36	0,60	e f g h
31	C3	72	0,59	f g h
32	C1	35	0,59	g h
33	C2	36	0,54	h

LIM2

Lugar	Familia	NºObs	Media	Grupos *
1	12	35	1,05	a
2	5	35	1,04	a
3	21	36	1,01	a b
4	38	36	0,99	a b
5	17	36	0,98	a b
6	40	36	0,89	a b c
7	23	36	0,88	a b c
8	36	36	0,88	a b c
9	31	36	0,86	a b c d
10	35	36	0,85	a b c d
11	37	36	0,85	a b c d
12	34	36	0,85	a b c d
13	28	36	0,84	a b c d
14	22	36	0,84	a b c d
15	27	36	0,84	a b c d
16	20	36	0,83	a b c d
17	43	36	0,83	a b c d
18	32	36	0,82	a b c d
19	13	36	0,81	a b c d
20	44	34	0,78	b c d e
21	18	36	0,77	b c d e
22	6	36	0,76	b c d e
23	15	34	0,76	b c d e
24	10	35	0,73	c d e
25	41	34	0,72	c d e
26	33	36	0,72	c d e
27	24	35	0,70	c d e
28	39	35	0,68	c d e
29	26	31	0,66	c d e
30	C1	35	0,64	c d e
31	C3	72	0,64	c d e
32	19	36	0,62	d e
33	C2	36	0,56	e

II1

Lugar	Familia	NºObs	Media	Grupos *
1	38	36	0,78	a
2	21	36	0,77	a b
3	17	36	0,77	a b
4	27	36	0,76	a b c
5	5	35	0,75	a b c
6	22	36	0,75	a b c
7	37	36	0,75	a b c d
8	12	35	0,74	a b c d e
9	34	36	0,72	a b c d e f
10	35	36	0,72	a b c d e f
11	32	36	0,72	a b c d e f
12	28	36	0,72	a b c d e f
13	23	36	0,71	a b c d e f
14	43	36	0,70	a b c d e f
15	40	36	0,69	a b c d e f
16	36	36	0,68	a b c d e f g
17	31	36	0,68	a b c d e f g
18	13	36	0,68	a b c d e f g
19	44	34	0,65	a b c d e f g
20	18	36	0,65	a b c d e f g
21	20	36	0,65	a b c d e f g
22	41	34	0,64	a b c d e f g
23	6	36	0,62	a b c d e f g
24	15	34	0,61	b c d e f g
25	10	35	0,60	c d e f g
26	33	36	0,60	c d e f g
27	24	35	0,59	d e f g
28	39	35	0,57	e f g
29	26	31	0,56	f g h
30	C3	72	0,56	f g h
31	19	36	0,55	f g h
32	C1	35	0,52	g h
33	C2	36	0,42	h

II2

Lugar	Familia	NºObs	Media	Grupos *
1	21	36	0,77	a
2	38	36	0,74	a
3	27	36	0,73	a b
4	5	35	0,72	a b c
5	17	36	0,71	a b c
6	34	36	0,71	a b c
7	37	36	0,69	a b c d
8	12	35	0,69	a b c d
9	22	36	0,68	a b c d
10	43	36	0,68	a b c d e
11	31	36	0,68	a b c d e
12	23	36	0,67	a b c d e
13	28	36	0,67	a b c d e f
14	36	36	0,67	a b c d e f
15	13	36	0,66	a b c d e f
16	32	36	0,66	a b c d e f
17	35	36	0,65	a b c d e f
18	40	36	0,64	a b c d e f
19	18	36	0,61	a b c d e f g
20	44	34	0,60	a b c d e f g
21	20	36	0,59	a b c d e f g
22	10	35	0,55	b c d e f g
23	15	34	0,54	b c d e f g
24	6	36	0,54	c d e f g
25	41	34	0,54	c d e f g
26	33	36	0,53	c d e f g
27	24	35	0,52	d e f g
28	39	35	0,51	d e f g
29	26	31	0,50	e f g h
30	C3	72	0,48	e f g h
31	19	36	0,47	f g h
32	C1	35	0,44	g h
33	C2	36	0,32	h

LIB1

Lugar	Familia	NºObs	Media	Grupos *
1	21	36	1,58	a
2	5	35	1,48	a b
3	38	36	1,38	a b c
4	23	36	1,31	a b c
5	27	36	1,27	a b c
6	20	36	1,25	a b c
7	36	36	1,25	a b c
8	12	35	1,23	a b c
9	17	36	1,22	a b c
10	31	36	1,21	a b c
11	40	36	1,20	a b c
12	44	34	1,20	a b c
13	37	36	1,19	a b c
14	34	36	1,17	a b c
15	28	36	1,16	a b c
16	22	36	1,11	a b c
17	32	36	1,11	a b c
18	35	36	1,11	a b c
19	18	36	1,08	a b c
20	6	36	1,07	a b c
21	13	36	1,05	a b c
22	43	36	1,04	a b c
23	15	34	0,98	a b c
24	41	34	0,97	a b c
25	10	35	0,96	a b c
26	33	36	0,95	a b c
27	26	31	0,89	a b c
28	24	35	0,89	a b c
29	39	35	0,89	a b c
30	19	36	0,81	a b c
31	C1	35	0,78	a b c
32	C3	72	0,75	b c
33	C2	36	0,64	c

LIB2

Lugar	Familia	NºObs	Media	Grupos *
1	21	36	1,48	a
2	5	35	1,41	a b
3	38	36	1,29	a b c
4	27	36	1,25	a b c
5	23	36	1,21	a b c
6	17	36	1,19	a b c
7	31	36	1,14	a b c
8	37	36	1,13	a b c
9	36	36	1,13	a b c
10	34	36	1,11	a b c
11	20	36	1,11	a b c
12	44	34	1,10	a b c
13	35	36	1,08	a b c
14	28	36	1,08	a b c
15	22	36	1,07	a b c
16	40	36	1,06	a b c
17	12	35	1,05	a b c
18	18	36	1,04	a b c
19	13	36	1,04	a b c
20	43	36	1,03	a b c
21	32	36	1,01	a b c
22	6	36	0,94	a b c
23	41	34	0,92	a b c
24	10	35	0,91	a b c
25	15	34	0,90	a b c
26	33	36	0,88	a b c
27	24	35	0,85	a b c
28	39	35	0,82	a b c
29	26	31	0,81	a b c
30	19	36	0,75	a b c
31	C1	35	0,74	a b c
32	C3	72	0,71	b c
33	C2	36	0,60	c

NVER1

Lugar	Familia	NºObs	Media	Grupos *
1	C2	36	17,53	a
2	C3	72	16,21	a b
3	C1	35	16,11	a b c
4	19	36	15,75	a b c
5	26	31	15,23	a b c
6	39	35	14,80	a b c
7	33	36	14,56	a b c
8	41	34	14,44	a b c
9	24	35	14,37	a b c
10	10	35	14,14	a b c
11	15	34	13,82	a b c
12	6	36	13,75	a b c
13	44	34	13,68	a b c
14	18	36	13,47	a b c
15	43	36	13,36	a b c
16	32	36	13,00	a b c
17	40	36	12,97	a b c
18	13	36	12,97	a b c
19	37	36	12,94	a b c
20	20	36	12,94	a b c
21	31	36	12,92	a b c
22	28	36	12,86	a b c
23	34	36	12,78	a b c
24	36	36	12,44	a b c
25	27	36	12,36	a b c
26	35	36	12,31	a b c
27	23	36	12,25	a b c
28	22	36	11,94	a b c
29	5	35	11,94	a b c
30	12	35	11,74	a b c
31	17	36	11,64	a b c
32	38	36	11,22	b c
33	21	36	10,94	c

NVER2

Lugar	Familia	NºObs	Media	Grupos *
1	C2	36	11,47	a
2	C3	72	10,50	a b
3	C1	35	10,29	a b c
4	19	36	10,11	a b c
5	26	31	9,87	a b c
6	39	35	9,74	a b c
7	33	36	9,53	a b c
8	24	35	9,46	a b c
9	41	34	9,29	a b c
10	10	35	9,20	a b c
11	6	36	8,97	a b c
12	15	34	8,97	a b c
13	44	34	8,91	a b c
14	18	36	8,50	a b c
15	20	36	8,39	a b c
16	32	36	8,36	a b c
17	43	36	8,33	a b c
18	40	36	8,25	a b c
19	37	36	8,11	a b c
20	22	36	8,11	a b c
21	28	36	8,06	a b c
22	13	36	8,00	a b c
23	31	36	7,97	a b c
24	34	36	7,97	a b c
25	27	36	7,83	a b c
26	35	36	7,78	a b c
27	36	36	7,78	a b c
28	23	36	7,67	a b c
29	17	36	7,47	a b c
30	12	35	7,17	a b c
31	5	35	7,09	a b c
32	38	36	7,06	b c
33	21	36	6,67	c

Anexo 7
Ranking familiar genotípico según VGA de cada familia

Ranking familiar genotípico según VGA de cada familia

Rank	FAM	VOL		Nº Arb	REC		GRAM		BIF		LIM1		LIM2		II1		II2		LIB1		LIB2		NVER1		NVER2	
		VGA	Pctl		VGA	Pctl																				
1	37	0,182	3	36	-0,030	61	-0,094	85	0,055	9	0,025	42	0,039	42	0,149	15	0,096	36	0,052	39	0,073	27	-0,051	61	-0,052	61
2	5	0,146	6	35	-0,146	97	-0,054	79	-0,009	64	0,181	15	0,249	3	0,128	21	0,147	9	0,253	6	0,259	6	-0,148	85	-0,185	91
3	23	0,144	9	36	-0,098	91	-0,240	97	-0,045	88	0,074	21	0,069	21	0,039	42	0,098	30	0,128	12	0,131	15	-0,115	82	-0,101	79
4	26	0,132	12	31	-0,002	45	-0,166	91	0,033	27	-0,159	88	-0,154	88	-0,159	85	-0,091	82	-0,127	85	-0,152	85	0,175	15	0,156	18
5	36	0,128	15	36	0,216	3	0,199	6	0,055	6	0,058	33	0,076	18	0,035	45	0,090	42	0,095	21	0,080	24	-0,103	73	-0,114	85
6	6	0,114	18	36	0,127	18	-0,045	73	0,012	42	-0,007	64	-0,038	67	-0,092	82	-0,111	85	-0,012	64	-0,049	67	0,025	39	0,061	33
7	28	0,110	21	36	-0,215	100	-0,143	88	-0,005	58	0,004	58	0,034	45	0,092	30	0,097	33	0,042	45	0,036	45	-0,055	67	-0,072	64
8	35	0,105	24	36	0,142	15	-0,053	76	-0,070	97	0,066	27	0,051	30	0,062	36	0,018	48	0,006	55	0,037	42	-0,115	79	-0,089	76
9	19	0,099	27	36	0,063	27	0,009	58	0,038	15	-0,201	91	-0,202	94	-0,225	97	-0,220	94	-0,192	94	-0,199	91	0,224	12	0,211	9
10	24	0,085	30	35	0,004	42	0,070	24	-0,030	73	-0,077	76	-0,107	82	-0,040	67	-0,053	67	-0,122	82	-0,116	82	0,090	27	0,068	27
11	32	0,060	33	36	0,026	39	-0,244	100	0,055	3	0,012	52	0,005	58	0,059	39	-0,002	55	0,010	52	-0,009	64	-0,042	48	-0,007	45
12	17	0,054	36	36	-0,017	52	0,046	39	-0,071	100	0,185	12	0,191	15	0,190	6	0,126	18	0,089	24	0,121	18	-0,176	94	-0,155	88
13	43	0,051	39	36	-0,070	76	-0,012	64	-0,022	70	0,012	55	0,046	33	0,024	48	0,103	24	-0,011	61	0,003	61	-0,011	45	-0,018	48
14	C1	0,035	42	35	0,151	12	0,107	9	0,009	48	-0,218	94	-0,178	91	-0,188	91	-0,193	91	-0,187	91	-0,200	94	0,257	9	0,194	12
15	10	0,033	45	35	0,085	24	-0,064	82	0,033	30	-0,073	73	-0,075	73	-0,025	61	-0,037	64	-0,084	73	-0,079	70	0,063	30	0,053	36
16	20	0,033	48	36	-0,016	48	0,059	30	0,015	36	0,053	36	0,025	52	0,004	55	-0,020	61	0,082	27	0,059	33	-0,051	58	-0,043	55
17	C3	0,021	52	72	0,167	6	0,232	3	-0,014	67	-0,262	97	-0,225	97	-0,201	94	-0,225	97	-0,275	97	-0,282	97	0,336	6	0,316	6
18	33	-0,016	55	36	0,096	21	0,036	45	0,031	33	-0,097	79	-0,100	76	-0,030	64	-0,142	88	-0,091	79	-0,099	79	0,108	21	0,098	24
19	12	-0,019	58	35	-0,065	70	0,076	18	-0,032	76	0,202	9	0,222	6	0,151	12	0,093	39	0,104	15	0,046	39	-0,168	91	-0,191	97
20	18	-0,020	61	36	-0,051	67	0,064	27	0,011	45	-0,026	67	-0,027	61	-0,067	70	-0,016	58	-0,004	58	0,017	55	0,003	42	0,007	42
21	21	-0,021	64	36	0,028	36	0,080	15	0,014	39	0,210	6	0,217	12	0,199	3	0,238	3	0,294	3	0,325	3	-0,249	100	-0,268	100
22	22	-0,026	67	36	0,167	9	-0,020	67	-0,005	61	0,136	18	0,041	36	0,124	24	0,038	45	0,012	48	0,030	48	-0,149	88	-0,044	58
23	34	-0,031	70	36	-0,028	55	0,053	33	-0,046	91	0,014	48	0,041	39	0,109	27	0,131	15	0,052	42	0,065	30	-0,066	70	-0,077	70
24	41	-0,080	73	34	-0,091	85	0,042	42	0,053	12	-0,097	82	-0,104	79	-0,087	79	-0,089	79	-0,088	76	-0,079	73	0,098	24	0,119	21
25	C2	-0,083	76	36	-0,079	79	0,020	55	0,038	18	-0,282	100	-0,264	100	-0,327	100	-0,402	100	-0,285	100	-0,299	100	0,398	3	0,334	3
26	13	-0,097	79	36	-0,029	58	0,052	36	-0,004	55	0,015	45	0,007	55	0,090	33	0,115	21	-0,027	67	0,014	58	-0,047	52	-0,105	82
27	39	-0,100	82	35	-0,065	73	0,070	21	-0,033	79	-0,140	85	-0,147	85	-0,187	88	-0,078	73	-0,139	88	-0,154	88	0,136	18	0,170	15
28	15	-0,123	85	34	0,028	33	0,106	12	0,036	21	-0,039	70	-0,051	70	-0,075	73	-0,062	70	-0,083	70	-0,094	76	0,037	33	0,034	39
29	27	-0,153	88	36	-0,049	64	-0,034	70	-0,048	94	0,068	24	0,029	48	0,134	18	0,140	12	0,102	18	0,159	12	-0,110	76	-0,079	73
30	44	-0,167	91	34	0,042	30	0,023	52	-0,003	52	0,003	61	-0,030	64	-0,076	76	-0,079	76	0,070	36	0,051	36	0,027	36	0,067	30

31	38	-0,169	94	36	-0,092	88	0,023	48	-0,041	82	0,257	3	0,221	9	0,168	9	0,185	6	0,181	9	0,189	9	-0,220	97	-0,189	94
32	31	-0,206	97	36	-0,087	82	-0,005	61	-0,041	85	0,045	39	0,068	24	0,019	52	0,102	27	0,082	30	0,086	21	-0,050	55	-0,077	67
33	40	-0,217	100	36	-0,114	94	-0,190	94	0,034	24	0,059	30	0,066	27	0,001	58	0,004	52	0,073	33	0,028	52	-0,051	64	-0,022	52

Anexo 8
Coeficientes de correlaciones entre variables

Coeficientes de correlación entre todas las variables utilizando los valores fenotípicos familiares del ensayo (n = 33).

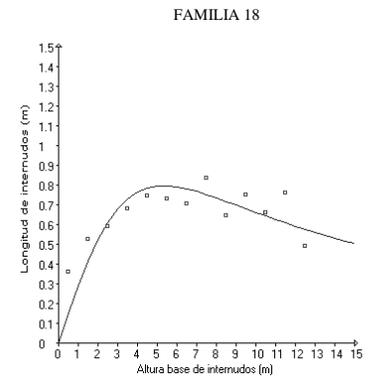
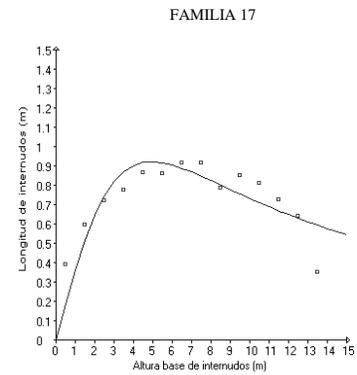
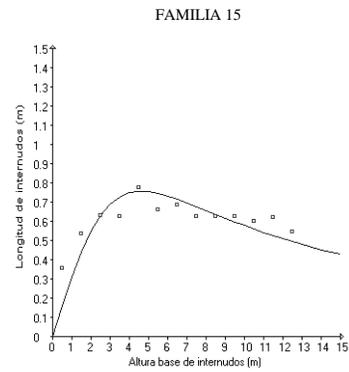
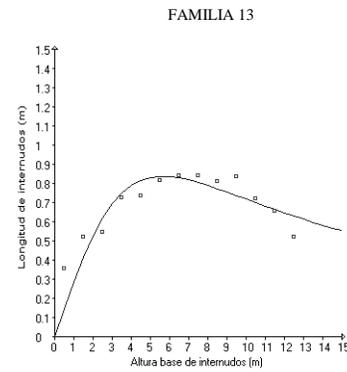
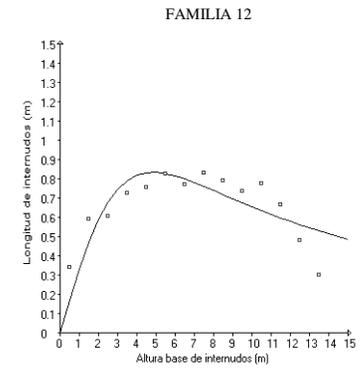
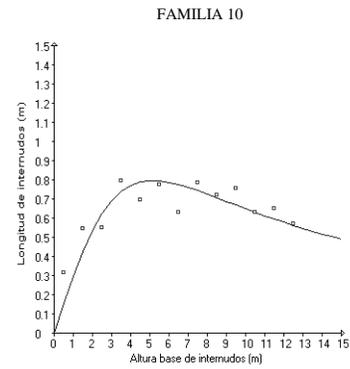
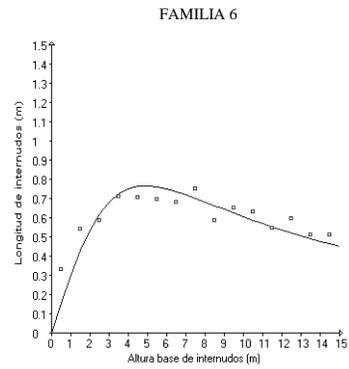
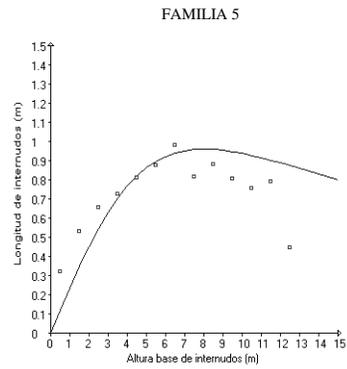
	VOL	REC	CRAM	LIM1	LIM2	II1	II2	LIB1	LIB2	NVER1	NVER2
VOL	1										
REC	0,22	1									
CRAM	-0,19	0,41*	1								
LIM1	-0,08	-0,22	-0,13	1							
LIM2	-0,04	-0,29	-0,12	0,97**	1						
II1	0,00	-0,24	-0,23	0,93**	0,91**	1					
II2	-0,04	-0,25	-0,19	0,91**	0,90**	0,98**	1				
LIB1	-0,06	-0,28	-0,19	0,92**	0,92**	0,88**	0,90**	1			
LIB2	-0,05	-0,28	-0,17	0,91**	0,90**	0,90**	0,92**	0,98**	1		
NVER1	0,04	0,19	0,17	-0,97**	-0,94**	-0,96**	-0,95**	-0,92**	-0,92**	1	
NVER2	0,02	0,25	0,16	-0,96**	-0,96**	-0,95**	-0,97**	-0,94**	-0,94**	0,99**	1

* significativo al 95% de confianza (P-Valor <0.05)

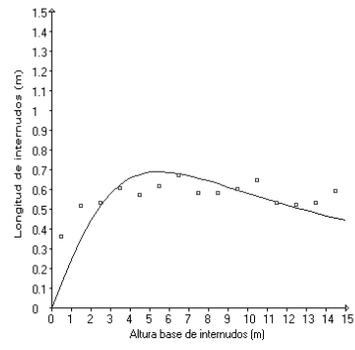
** altamente significativo al 99% de confianza (P-Valor <0.01)

Anexo 9
Modelo de Grace

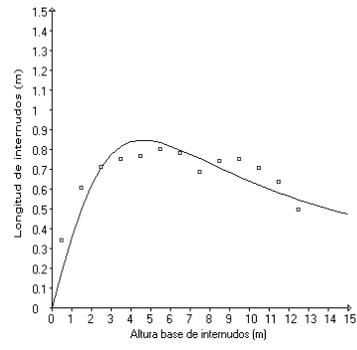
Curvas por familia según el modelo de Grace



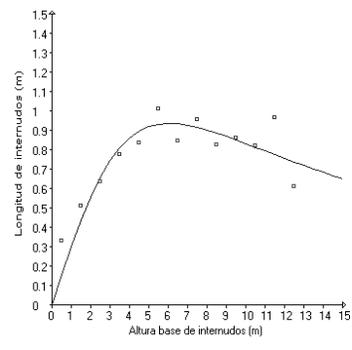
FAMILIA 19



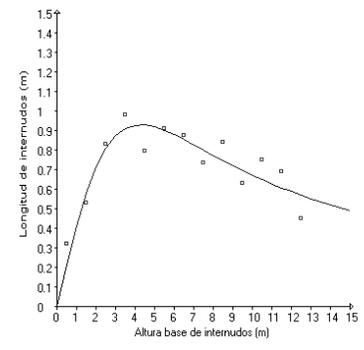
FAMILIA 20



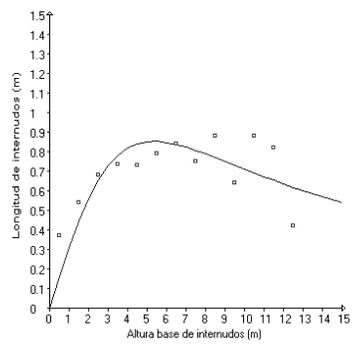
FAMILIA 21



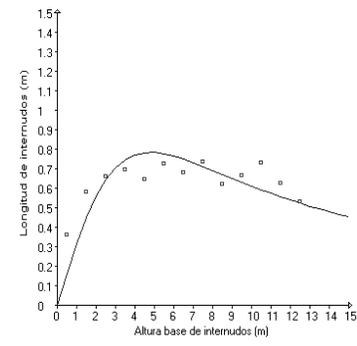
FAMILIA 22



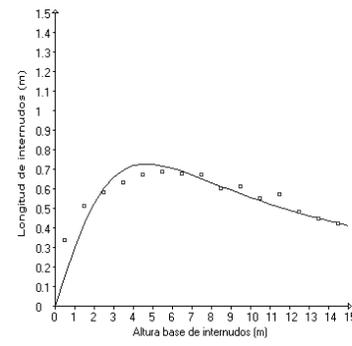
FAMILIA 23



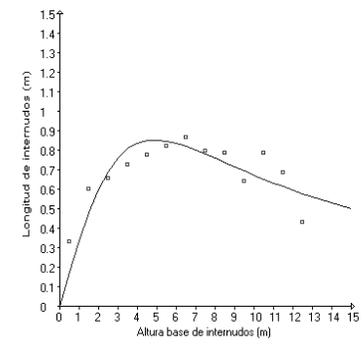
FAMILIA 24



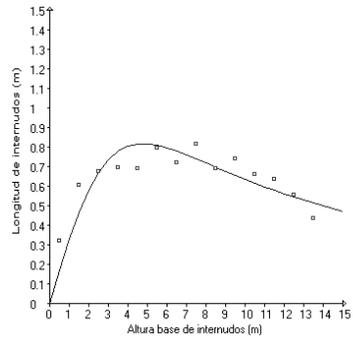
FAMILIA 26



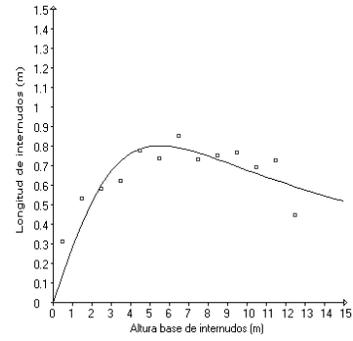
FAMILIA 27



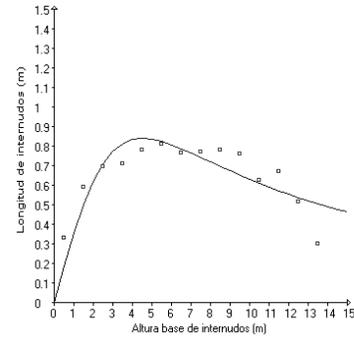
FAMILIA 28



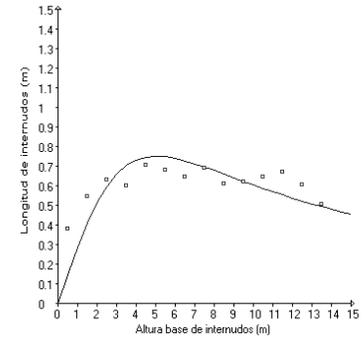
FAMILIA 31



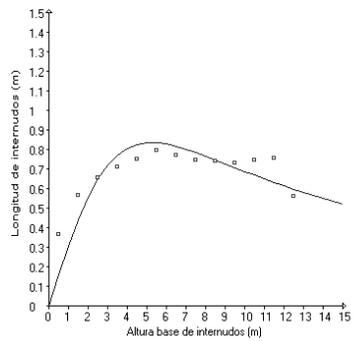
FAMILIA 32



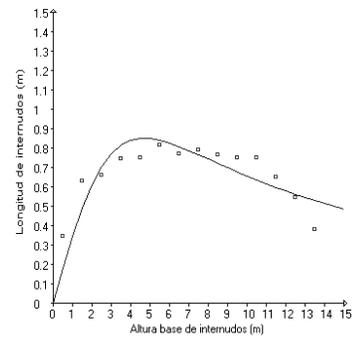
FAMILIA 33



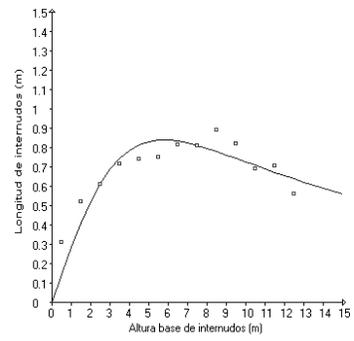
FAMILIA 34



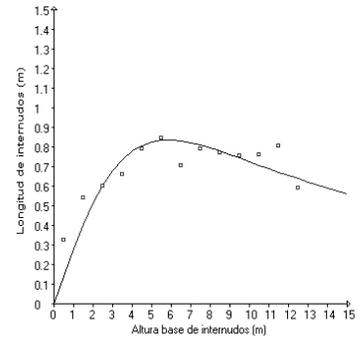
FAMILIA 35

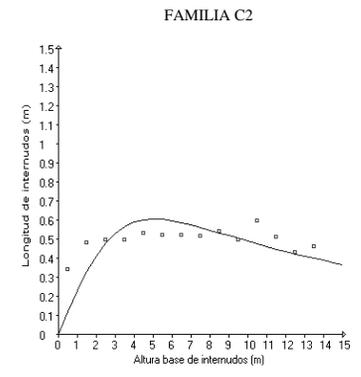
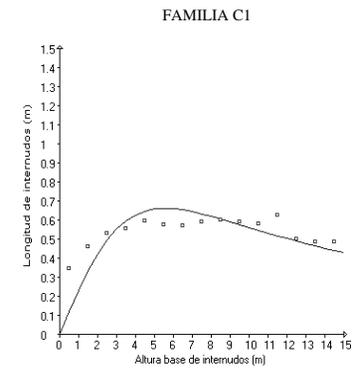
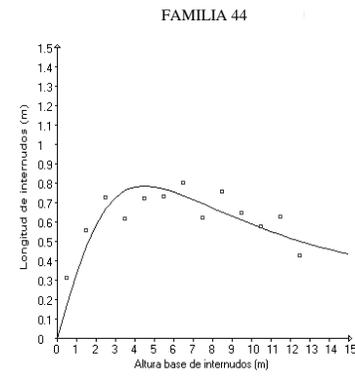
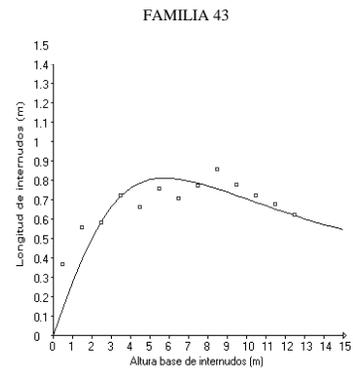
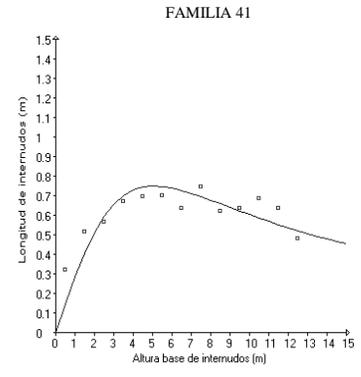
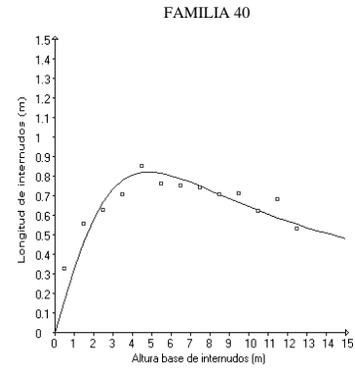
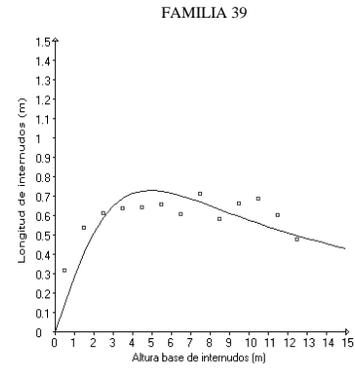
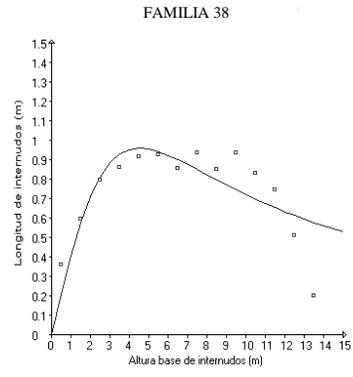


FAMILIA 36

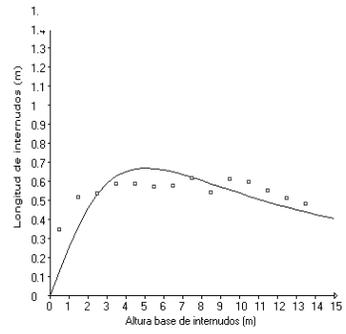


FAMILIA 37





FAMILIA C3



Coeficientes de regresión, IMX y LOC por familia

Familia	Nº Obs.	d	e	IMX (m)	LOC (m)	R ²
5	53	4,168	0,065	0,96	8,01	0,24
6	53	3,197	0,133	0,77	4,90	0,88
10	49	3,240	0,122	0,80	5,16	0,78
12	42	2,899	0,124	0,83	4,84	0,65
13	48	3,379	0,106	0,84	5,66	0,81
15	48	3,071	0,142	0,76	4,65	0,87
17	54	2,671	0,110	0,92	4,92	0,71
18	52	3,354	0,118	0,80	5,34	0,73
19	52	3,957	0,133	0,69	5,46	0,73
20	52	2,705	0,129	0,85	4,58	0,87
21	53	3,238	0,088	0,94	6,07	0,82
22	50	2,303	0,126	0,93	4,28	0,82
23	50	3,137	0,110	0,85	5,35	0,57
24	50	3,048	0,134	0,78	4,78	0,76
26	42	3,208	0,148	0,73	4,66	0,91
27	47	2,861	0,120	0,85	4,88	0,75
28	53	2,920	0,128	0,82	4,77	0,79
31	49	3,426	0,113	0,80	5,50	0,76
32	53	2,698	0,132	0,84	4,53	0,72
33	54	3,362	0,132	0,75	5,05	0,79
34	52	3,141	0,114	0,84	5,25	0,88
35	48	2,775	0,125	0,85	4,71	0,74
36	51	3,428	0,103	0,84	5,76	0,86
37	52	3,486	0,103	0,83	5,82	0,84
38	50	2,356	0,115	0,96	4,52	0,64
39	50	3,364	0,140	0,73	4,90	0,73
40	50	2,959	0,126	0,82	4,85	0,90
41	48	3,388	0,132	0,75	5,07	0,82
43	48	3,555	0,107	0,81	5,77	0,79
44	44	2,854	0,141	0,79	4,49	0,73
C1	46	4,191	0,137	0,66	5,54	0,82
C2	50	4,199	0,163	0,61	5,08	0,61
C3	53	3,845	0,147	0,67	5,12	0,80

d y e: coeficientes de regresión; IMX: máximo largo de internado;
 LOC: altura de ocurrencia del máximo largo de internado.