



**COLEGIO DE POSTGRADUADOS**

INSTITUCIÓN DE ENSEÑANZA E INVESTIGACIÓN EN CIENCIAS  
AGRÍCOLAS

**CAMPUS MONTECILLO**

**POSTGRADO FORESTAL**

**VARIACIÓN GENÉTICA Y AMBIENTAL EN UN  
ENSAYO DE PROGENIES DE *Pinus patula***

JOSÉ MANUEL SALAYA DOMÍNGUEZ

T E S I S  
PRESENTADA COMO REQUISITO PARCIAL  
PARA OBTENER EL GRADO DE:

DOCTOR EN CIENCIAS






MONTECILLO, TEXCOCO, EDO. DE MÉXICO

2012

La presente tesis titulada: **Variación genética y ambiental en un ensayo de progenies de *Pinus patula***, realizada por el alumno: José Manuel Salaya Domínguez bajo la dirección del Consejo Particular indicado, ha sido aprobada por el mismo y aceptada como requisito parcial para obtener el grado de:

**DOCTOR EN CIENCIAS  
FORESTAL**

CONSEJO PARTICULAR

CONSEJERO	 _____
	Dr. Javier López Upton
ASESOR	 _____
	Dr. J. Jesus Vargas Hernández
ASESOR	 _____
	Dr. Miguel Ángel López-López
ASESOR	 _____
	Dr. Héctor M. de los Santos Posadas
ASESOR	 _____
	Dr. David Jesús Palma López

Montecillo, Texcoco, Estado de México, Diciembre de 2012

*“La enfermedad del ignorante es ignorar su propia ignorancia” (Amos Bronson Alcott).*

*“El sabio no dice lo que sabe, y el necio no sabe lo que dice” (Proverbio chino).*

*“Muchas palabras no indican mucha sabiduría” (Tales de Mileto).*

*“Cuando menos piensan los hombres, más hablan” (Charles de Montesquieu).*

*“Los sabios son los que buscan la sabiduría, los necios piensan ya haberla encontrado” (Napoleón Bonaparte).*

*“Hay que estudiar mucho para saber poco” (Charles de Montesquieu).*

*“Una cosa es saber y otra saber enseñar” (Marco Tulio Cicerón).*

*“La ciencia se compone de errores, que a su vez son los pasos hacia la verdad” (Julio Verne).*

*“Si el estudio y la preparación sirve para ofender a mi semejante, mejor me quedo como estoy ( José Manuel Salaya Domínguez)”*

**RESUMEN GENERAL**  
**VARIACIÓN GENÉTICA Y AMBIENTAL EN UN ENSAYO DE PROGENIES DE**  
***PINUS PATULA***

**José Manuel Salaya Domínguez, Dr.**  
**Colegio de Postgraduados, 2012**

Se compara el desarrollo de progenies de *Pinus patula* Schiede ex Schltdl. et Cham. de seis años de edad con diferentes niveles de mejora genética en dos sitios en ambientes contrastantes: Aquixtla, Puebla a 2,930 m (S1) y Acaxochitlán, Hidalgo a 2,260 m (S2). Primero se evaluaron 36 familias mejoradas en Colombia y Sudáfrica (grupo M) y de 36 nativas (grupo Selectas, S). A los 6 años, la supervivencia fue de 72.7% en S1 y 90% en S2. Las progenies del grupo M fueron estadísticamente superiores en el volumen del tronco en S1 (4.3 vs. 3.6 dm<sup>3</sup>), mientras que no lo fueron en S2 (10.7 vs. 13.5 dm<sup>3</sup>). En S1, las heredabilidades ( $h^2_i$ ) para las características de crecimiento (altura, diámetro y volumen) variaron de 0.09 a 0.12, mientras que en el S2 de 0.26 a 0.35. El grupo M presentó mayor valores de  $h^2_i$  en S1, pero en S2 los valores fueron similares en los dos grupos. Las correlaciones genéticas y fenotípicas entre las variables de crecimiento en ambos sitios oscilaron entre 0.80 y 1.0. La interacción genotipo x ambiente resultó alta, los valores de  $r_B$  en ambas edades son menores a 0.70, indicando inestabilidad en algunas familias. Se midió el alargamiento periódico del brote en individuos de 5-6 años de edad de 20 familias (10 del grupo M y 10 del S) por sitio. El análisis conjunto de ambos sitios mostró diferencias significativas entre sitios en el crecimiento total, longitud promedio de los ciclos, longitud de los ciclos 2, 3 y 4, y en las fechas de inicio, terminación y duración del periodo de crecimiento. Aunque se formó el mismo número de ciclos (4) en los dos sitios, el crecimiento total y la longitud promedio de ciclos fue 10 % mayor en S<sub>2</sub>, con una mayor duración del periodo de crecimiento. La curva de crecimiento del brote ajustada a los grados-día en cada sitio muestra que el patrón estacional de crecimiento de los árboles difiere entre sitios y entre grupos de mejora (Mejorados vs. Selectos). Por último se evalúa la relación entre el estado nutrimental y el crecimiento de nueve familias, cinco mejorada y cuatro selectas. Se encontraron diferencias significativas entre los suelos de los dos sitios en pH, CE, M.O., N, CIC, Ca y P. Las concentraciones y el contenido de Mn en el follaje y el incremento en diámetro normal (IDN) y en altura (IA) resultaron diferentes entre sitios. Las familias M y S difirieron significativamente en las concentraciones de N y P, en los contenidos de Mg y B y en materia seca de 150 acículas (MS). Las correlaciones entre las concentraciones y las variables de crecimiento sólo fueron significativas en S1 para P y K con MS, el Mg con IA y el Mn con IDN. En cuanto a grupo de mejora sólo Zn se correlaciona con IA en el grupo M. En S2 se encontró correlaciones negativas entre la concentración de K y MS, entre Mg y B con IA. El diagnóstico nutrimental mediante análisis de vectores muestra deficiencias de N y K en S2, y que las familias tienen diferencias en su capacidad para absorber los nutrientes del suelo. Aparte del nivel de fertilidad del sitio, la adaptación de las familias a las condiciones ambientales del sitio influye en la capacidad de las familias para utilizar los nutrientes del suelo.

**Palabras claves:** *Pinus patula*, progenies, familias, parámetros genéticos, diagnóstico nutrimental, fenología, patrón de crecimiento, grados-día.

**GENERAL SUMMARY**  
**GENETIC AND ENVIRONMENTAL VARIATION IN A TRAIL OF *Pinus patula***  
**PROGENY**

**José Manuel Salaya Domínguez. Dr.**  
**Colegio de Postgraduados, 2012**

Six-years-old progenies of *Pinus patula* Schiede ex Schltdl. et Cham. with different levels of breeding sites are compared in two contrasting environments: Aquixtla, Puebla at 2.930 m (S1) and Acaxochitlán, Hidalgo at 2.260 m (S2). Firstly 36 families improved in Colombia and South Africa (group M) and 36 native (Selected group, S) were evaluated. At 6 years, survival was 72.7% in S1 and 90% in S2. The progeny of group M were significantly superior to group S in the trunk volume in S1 (4.3 vs. 3.6 dm<sup>3</sup>), while they were inferior in S2 (10.7 vs. 13.5 dm<sup>3</sup>). In S1, the heritabilities ( $h^2_i$ ) for growth traits (height, diameter and volume) ranged from 0.09 to 0.12, while the S2 from 0.26 to 0.35. The group M showed higher values of  $h^2_i$  in S1, but in S2 the values were similar in both groups. The genetic and phenotypic correlations between growth traits at both sites ranged between 0.80 and 1.0. The genotype x environment interaction was high,  $r_B$  values at both ages are less than 0.70, indicating instability in some families. The shoot elongation was measured in individuals of 5 (-6) years-old from 20 families (10 in group M and 10 S) per site. The joint analysis of both sites showed significant differences between sites in total growth, average length of cycles, length of the cycles 2, 3 and 4, and the starting date, duration and the termination of the growing period. Although formed the same number of cycles (4) at the two sites, the total growth and the average length of cycles was 10% higher in S2, with a longer growth period. Although it was formed the same number of cycles (4) at the two sites, the total growth and the average length of cycles was 10% higher in S2, with a longer growth period. The shoot growth curve fitted to the degree-days at each site shows that the seasonal pattern of tree growth differs between sites and between improvement groups (improved vs. selected). Finally, the relationship between nutritional status and growth of nine families, (five improved and four selected) was evaluated. Significant differences were detected between the soils of the two sites for pH, EC, MO, N, CIC, Ca and P. The concentrations and the Mn content in the foliage and the increase in normal diameter (IND) and increase in height (IH) were different among sites. M and S families differ significantly in the concentrations of N and P, the contents of Mg and B, and 150-needles dry matter (DM). The correlations between the concentrations and growth variables were significant only for P and K with DM in S1, Mg with IH and Mn with IND. Regarding improvement group only Zn correlates with IH in the M group. In S2 negative correlations were found between the concentration of K and MS, between Mg and B with IH. The nutritional diagnosis using vector analysis shows deficiencies of N and K in S2, and that families have differences in their ability to absorb nutrients from the soil. Apart from the level of site fertility, family adaptation to environmental conditions of the site influences the ability of families to use soil nutrients.

**Key words:** *Pinus patula*, progenies, families, genetic parameters, nutritional diagnosis, phenology, growth pattern, degree days.

## AGRADECIMIENTOS

**A Dios**, por darme la vida y ser mi fortaleza. Cuando la sabiduría entrare en tu corazón, y la ciencia fuere grata a tu alma, la discreción te guardará, y te preservará la inteligencia (Proverbios 2: 10-11).

**Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT)**, por haberme brindado la oportunidad y apoyo económico, para la realización de los estudios de doctorado.

**Al Colegio de Postgraduados**, Campus Montecillo, por su valioso apoyo en mi formación como graduado en Ciencias.

**A la Maestra Candita Victoria Gil Jiménez, al M.C. Jorge Arturo Díaz González, a la M. A.A. Alma Catalina Berumen Alatorre y al M. E. José Juan Sosa Ramos;** quienes atreves de la Universidad Juárez Autónoma de Tabasco apoyaron en el permiso y parte del apoyo económico en la realización de mis estudios de doctorado.

**A los Dr (s). Javier López Upton, J. Jesús Vargas Hernández, Héctor M. de los Santos Posadas, Miguel Ángel López López y David Jesús Palma López,** por sus valiosas sugerencias y orientaciones para la realización del presente trabajo; pero por sobre todo por su gran paciencia.

**Al Fondo CONAFOR-CONACYT, 2003-C03-10714** por el apoyo dentro del proyecto “Establecimiento de huertos semilleros con material genéticamente superior de *Pinus patula* y *P. greggii*”, **al Fideicomiso 2009** y a la Línea Prioritaria de Investigación No. 1 del COLPOS. A los Ingenieros Salvador Castro Zavala y León Jorge Castaños Martínez, por permitir llevar a cabo la presente investigación en su plantación en Aquixtla, Puebla y al Sr. Alfonso Suárez, en Acaxochitlan, Hidalgo. A todos los académicos del Colegio de Postgraduados por compartir sus conocimientos y experiencias científicas durante y después de los cursos en el doctorado.

## DEDICATORIA

**A la memoria de mi padre: José Salaya Sánchez (†)** por ser ejemplo de lucha y trabajo constante.

**A la memoria de mi amigo el M. C. Manuel Vargas Gutiérrez (†)** quien fuera y será por siempre mi gran amigo y hermano entrañable.

**A mi esposa Francisca Reyna Córdova** por su amor, comprensión y gran apoyo moral;  
**A mis hijas Sheila Karina, Itzel, Gabriela y a mi hijo Manuel Salaya Reyna** por ser la alegría de mi hogar y el motivo de superación al realizar mis estudios de doctorado.

**A mi madre: María de la Luz Domínguez de los Santos,** por sus consejos y aprecio.

A mis hermanos y hermanas por sus palabras de ánimo y especialmente a mi hermano **Jotam Salaya Domínguez,** por ser ejemplo de superación.

**A mi suegro José María Reyna Jiménez y a mi suegra María Luisa Córdova Jiménez,** por tenerme siempre presente en sus oraciones de bendición.

**A mi cuñada Marvin Reyna Córdova,** por ser la amiga que siempre estuvo presente al darme ánimo para seguir adelante.

**A mi amigo y padrino el Dr. David Jesús Palma López,** por su amistad que ha perdurado durante muchos años.

**A mi amigo Edmundo Gómez Méndez,** por que juntos emprendimos este duro camino, y juntos logramos las metas propuestas.

A mis grandes amigos, los trabajadores del COLPOS, Max, Chon, Lauro, por su amistad.

A las instituciones que han sido el medio para mi formación profesional:

Instituto Tecnológico Agropecuario No. 28.de Tabasco (ahora ITZO)

Al Colegio de Postgraduados, Campus Tabasco y Campus Montecillo.

## ÍNDICE GENERAL

RESUMEN GENERAL .....	iii
GENERAL SUMMARY .....	Iv
AGRADECIMIENTOS.....	v
DEDICATORIA .....	vi
ÍNDICE GENERAL .....	vii
ÍNDICE DE CUADROS .....	x
ÍNDICE DE FÍGURAS.....	xiii
<b>CAPITULO I. INTRODUCCIÓN GENERAL.....</b>	<b>1</b>
1.1. Distribución natural de <i>Pinus patula</i> Schiede ex Schltld. et Cham.....	1
1.2. Conocimientos sobre el mejoramiento genético de <i>Pinus patula</i> .....	2
1.3. Aspectos sobre fenología de crecimiento .....	4
1.4. Consideraciones sobre nutrición forestal .....	8
1.5. OBJETIVOS .....	12
1.6. LITERATURA CITADA .....	13
<b>CAPITULO II. VARIACIÓN GENÉTICA Y AMBIENTAL EN UN ENSAYO DE</b>	<b>19</b>
<b>PROGENIES DE <i>PINUS PATULA</i>.</b> .....	
2.1. RESUMEN .....	19
2.2. SUMMARY .....	20
2.3. INTRODUCCIÓN .....	21
2.4. MATERIALES Y MÉTODOS .....	23
2.4.1. Variables evaluadas .....	25
2.4.2. Análisis de datos .....	25
2.4.3. Correlaciones genéticas y fenotípicas .....	26
2.4.4. Estimación de heredabilidades .....	27
2.4.5. Correlaciones <i>Tipo B</i> .....	28
2.5. RESULTADOS Y DISCUSIÓN .....	29
2.5.1. Supervivencia de los árboles .....	29
2.5.2. Análisis de varianza para las variables de crecimiento .....	31



2.5.3. Control genético de las características de crecimiento .....	32
2.5.4. Coeficientes de variación genética (CVg) y ambiental (CVa) .....	35
2.5.5. Correlaciones genéticas y correlaciones fenotípicas entre características a los 5 y 6 años de edad de los árboles .....	37
2.5.6. Correlaciones genéticas <i>Tipo B</i> .....	39
2.5.7. Implicaciones para el mejoramiento genético .....	40
2.6. CONCLUSIONES .....	41
2.7. LITERATURA CITADA .....	42
<b>CAPITULO III. EFECTOS GENÉTICOS Y AMBIENTALES EN EL PATRÓN DE CRECIMIENTO ESTACIONAL DEL BROTE TERMINAL EN ÁRBOLES JÓVENES DE <i>PINUS PATULA</i></b> .....	45
3.1. RESUMEN .....	45
3.2. SUMMARY .....	46
3.3. INTRODUCCIÓN.....	47
3.4. MATERIALES Y MÉTODOS.....	50
3.4.1 Localización del ensayo .....	50
3.4.2 Variables evaluadas en campo .....	50
3.4.3 Análisis de los componentes de crecimiento del brote .....	51
3.4.4. Análisis de la fenología y duración del periodo de crecimiento del brote .....	52
3.4.5 Relación entre la curva de crecimiento del brote y los grados-día .....	53
3.5. RESULTADOS Y DISCUSIONES.....	55
3.5.1 Variación genética y ambiental en los componentes del crecimiento del brote de <i>Pinus patula</i> .....	55
3.5.2 Variación genética y ambiental en la fenología y duración del periodo estacional de crecimiento del brote .....	59
3.5.3. Relación entre el crecimiento del brote principal y los grados-día .....	62
3.6. CONCLUSIONES.....	66
3.7. LITERATURA CITADA.....	67
<b>CAPITULO IV. ESTADO NUTRIMENTAL EN UN ENSAYO DE PROGENIES DE FAMILIAS DE <i>PINUS PATULA</i></b> .....	71

4.1. RESÚMEN .....	71
4.2. SUMMARY .....	72
4.3. INTRODUCCIÓN .....	73
4.4. MATERIALES Y MÉTODOS.....	75
4.4.1 Localización del ensayo .....	75
4.4.2. Variables evaluadas en campo .....	77
4.4.3. Muestreo de suelo, análisis físico-químico y análisis estadístico .....	77
4.4.4. Muestreo de follaje, análisis de laboratorio y análisis estadístico de las concentraciones foliares .....	78
4.5. RESULTADOS Y DISCUSIONES.....	81
4.5.1. Análisis de suelo .....	81
4.5.2. Estado nutrimental .....	82
4.5.3. Valores promedios para los grupos de familia por velocidad de crecimiento .....	84
4.5.4. Crecimiento y su relación con la concentración y contenido nutrimentales en follaje en un ensayo de progenies en dos sitios de plantación .....	86
4.5.5. Estado de N, P y K en árboles de familias de <i>Pinus patula</i> mediante análisis de vectores .....	91
4.6. CONCLUSIONES.....	95
4.7. LITERATURA CITADA.....	96
<b>CAPÍTULO V. DISCUSIÓN Y CONCLUSIONES GENERALES .....</b>	<b>100</b>
5.1. LITERATURA CITADA .....	105

## ÍNDICE DE CUADROS

Cuadro 2.1	Procedencia de las familias de <i>Pinus patula</i> mejoradas en Sudáfrica y Colombia, y selectas (COLPOS), establecidas en un ensayos de progenies .....	24
Cuadro 2.2	Valores medios por sitio de prueba, grupo de mejora y por sitio x grupo de mejora para las variables de crecimiento, medidas a los 5 y 6 años de edad en familias mejoradas (M) y no mejoradas (S) de <i>Pinus patula</i> creciendo en dos sitios contrastantes (2,200 y 2,930 m) .....	31
Cuadro 2.3	Heredabilidad individual ( $h^2_i$ ) y de medias de familia ( $h^2_f$ ) para las características de crecimiento (DN, ALT y VOL) a los cinco y seis años de edad en un ensayo de progenies (sitios 1 y 2) de <i>Pinus patula</i> .....	33
Cuadro 2.4	Heredabilidades individual y de medias de familias para las características de crecimiento evaluadas por sitio y por grupo de mejora a los 5 y 6 años de edad en un ensayo de progenies de <i>Pinus patula</i> .....	34
Cuadro 2.5	Valores de heredabilidad a los 5 y 6 años de edad para el diámetro normal, altura total y volumen obtenidos del análisis conjunto de los dos sitios en un ensayo de progenies de <i>Pinus patula</i> en general y por grupo de familias (M y S) .....	35
Cuadro 2.6.	Coeficientes de variación genética (CVg) y ambiental (CVa) y relación CVg/CVa por sitio y por grupo de familias, para las diferentes características de crecimiento evaluadas .....	36
Cuadro 2.7	Correlaciones genéticas (izquierda de la diagonal, con error estándar entre paréntesis) y correlaciones fenotípicas (derecha de la diagonal), entre las características de crecimiento en un ensayo de progenies de <i>Pinus patula</i> .....	38
Cuadro 2.8.	Correlaciones <i>Tipo B</i> usando todas las familias de <i>Pinus patula</i> y por grupo de familias a los cinco y seis años de edad, en dos ensayos de progenies, y en dos ambientes contrastantes .....	39
Cuadro 3. 1.	Significancia estadística (p) del efecto de sitios, del mejoramiento genético y de la velocidad de crecimiento en los componentes de	

	crecimiento del brote terminal en árboles jóvenes de <i>Pinus patula</i> , obtenida del análisis conjunto y por cada sitio de los datos .....	56
Cuadro 3.2.	Valores promedio por sitio y por grupo de familias (M y S) de los componentes de crecimiento del brote terminal en árboles jóvenes de <i>Pinus patula</i> , obtenidos del análisis conjunto de los datos .....	57
Cuadro 3.3.	Número de árboles (y porcentaje del total) por sitio y por grupo de familias (M y S) que presentaron cada uno de los ciclos de crecimiento del brote terminal en el año 2009 y prueba de contingencia ( $X^2$ ) para evaluar diferencias entre sitios y entre grupos de mejora en cada sitio .....	59
Cuadro 3.4.	Significancia estadística (p) del efecto de sitios, del mejoramiento genético y de la velocidad de crecimiento en las fechas de inicio, terminación y duración del periodo de crecimiento en árboles jóvenes de <i>Pinus patula</i> , obtenida del análisis conjunto y por cada sitio de los datos.	60
Cuadro 3.5.	Valores promedio por sitio y por grupo de familias (M y S) de las fechas de inicio y terminación, y duración del periodo de crecimiento del brote terminal en árboles jóvenes de <i>Pinus patula</i> , obtenidos del análisis conjunto de los datos .....	61
Cuadro 4.1.	Altura media a los 5 años de edad, de las familias seleccionadas por sitio (Aquixtla S1 y Acaxochitlan S2), por grupo de mejora (mejorados: M y selectos: S) y por velocidad de crecimiento (Vcre): rápido (R) y lento (L).....	76
Cuadro 4.2	Procedencias y datos geográficos de las familias plantadas en Acaxochitlán, Hidalgo y en Aquixtla, Puebla .....	76
Cuadro 4.3.	Análisis físico y químico de suelo (0-20 cm) en el ensayo de progenies de <i>Pinus patula</i> establecido en dos sitios, en Aquixtla, Puebla (S1) y Acaxochitlán, Hidalgo (S2) .....	82
Cuadro 4.4.	Efectos de sitios de plantación y niveles de mejoramiento genético en el experimento en su conjunto y por sitio de plantación, sobre concentración y contenido de nutrimentos en el follaje y variables de crecimiento, en nueve familias de <i>Pinus patula</i> .....	84
Cuadro 4.5.	Valores promedios por velocidad de crecimiento en nueve familias de	

	diferente grado de mejoramiento <i>Pinus patula</i> en dos sitios de plantación	85
Cuadro 4.6.	Coeficientes de correlación de Pearson entre las variables de crecimiento y las concentraciones y contenidos nutrimentales foliares en el sitio 1.....	87
Cuadro 4.7.	Coeficientes de correlación de Pearson entre las variables de crecimiento con las concentraciones y los contenidos nutrimentales foliares en el sitio 2.....	90

## ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1.1.	Distribución natural de <i>Pinus patula</i> en México .....	1
Figura 2.1.	Supervivencia y mortalidad por heladas y sequía en Aquixtla, Pue. (sitio 1, a 2,930 m s.n.m.) y en Acaxochitlán, Hgo. (sitio 2, a 2,200 m) por grupo de familias mejoradas (M) y selectas (S) de <i>Pinus patula</i> .....	30
Figura 3.1.	Curvas de crecimiento promedio del brote (a) en los sitios 1 y 2 y (b) de los grupos de familias mejoradas (M) y selectas (S) en cada sitio con respecto a los grados-día (base 6 °C) acumulados a lo largo del periodo de marzo a diciembre de 2009 en árboles jóvenes de <i>Pinus patula</i> .....	64
Figura 4.1.	Estado nutrimental de familias de <i>Pinus patula</i> creciendo en Aquixtla, Pue. (Columna izquierda) y Acaxochitlán, Hgo. (Columna derecha) .....	93

# CAPITULO I

## INTRODUCCIÓN GENERAL

### 1.1. Distribución natural de *Pinus patula* Schiede ex Schltdl. et Cham.

*Pinus patula* Schiede ex Schltdl. et Cham. crece de manera natural en los estados mexicanos de Tamaulipas, Querétaro, Hidalgo, México, Puebla, Oaxaca, Tlaxcala y Veracruz. Se encuentra disperso dentro de las latitudes 17° a 24° N y las longitudes 85° y 100° O (Perry, 1991; Gillespie, 1992; Dvorak *et al.*, 2000) (Figura 1.1). Ha sido plantado extensamente fuera de su área de distribución a través de los trópicos y zonas templadas desde la década de 1940, incluyendo el sur de África, la India, América del Sur y Australia. *P. patula* ha tenido éxito en estos lugares y muy probablemente se ha naturalizado en por lo menos algunos de ellos; por ejemplo, en la India y el sur de África (Gillespie, 1992; Dvorak *et al.*, 2000).



**Figura 1.1.** Distribución natural de *Pinus patula* en México (Modificado de Dvorak *et al.*, 2000).

## 1.2. Conocimientos sobre el mejoramiento genético de *Pinus patula*

*Pinus patula* Schiede ex Schltdl. et. Cham. es el pino mexicano más plantado dentro y fuera de México. Este pino endémico de México tiene su distribución natural sobre la sierra Madre Oriental y la de Juárez, y ha sido el sustento de las comunidades que cuentan con bosques o plantaciones de la especie. Desde su inclusión en los programas de plantaciones en países como Sudáfrica, Zimbabwe, Australia, Nueva Zelanda y Colombia, el interés hacia la especie es grande debido al rápido crecimiento, calidad de su madera y su facilidad de manejo (Wormald, 1975; Wright *et al.*, 1995; Dvorak *et al.*, 2000). El establecimiento de plantaciones comerciales inicia con el establecimiento de un plan de mejoramiento genético, que incluye la selección de las procedencias y las familias con mejor adaptación y crecimiento.

El mejoramiento genético forestal está mayormente enfocado a mejorar el crecimiento y calidad de los árboles y su adaptabilidad a cambios ambientales (White *et al.*, 2007). Varias empresas forestales en otros países realizan diversas investigaciones sobre mejoramiento genético en *P. patula* y han desarrollado individuos con mejor crecimiento que los materiales silvestres con que iniciaron sus recolectas (Dvorak *et al.*, 2000; CAMCORE, 2007). Aunque los materiales han sido mejorados por velocidad de crecimiento, pero pueden ser más susceptibles en condiciones diferentes del medio (Sáenz *et al.*, 1994), especialmente cuando la mejora se debe a que los árboles inician más temprano y terminan más tarde su crecimiento en el año, exponiéndose a bajas temperaturas o deficiencias de humedad (Gómez *et al.*, 1998).

Inicialmente se selecciona árboles superiores con base en su apariencia externa (fenotipo), la que es producto de factores ambientales y el genotipo (White *et al.*, 2007). Por lo que es esencial determinar la calidad de plantas que estos árboles producen a través de la evaluación del crecimiento de su progenie en los terrenos donde se establecen las plantaciones



(Zobel y Talbert, 1988). Sin embargo, cuando son establecidos en varias localidades se genera un comportamiento diferencial entre las progenies de diferentes árboles según el ambiente en que particularmente crecen, lo que se llama interacción genotipo x ambiente (White *et al.*, 2007). Sin embargo, uno de los problemas asociados al mejoramiento genético de árboles forestales es el tiempo requerido para su evaluación, debido a la longevidad de estas especies. Una opción para acelerar este proceso es utilizar la selección temprana, que consiste en seleccionar genotipos con base en una característica que se manifieste a edades jóvenes, con el fin de mejorar una característica en edades posteriores (Vargas-Hernández y Adams, 1992).

A pesar de que a *Pinus patula* se le utiliza en forma intensiva en plantaciones con material mejorado en algunos países Africanos y de América, en su área de origen se aprovecha únicamente del bosque natural y solo esfuerzos aislados se han iniciado con objetivos de mejoramiento genético como el establecimiento de áreas y huertos semilleros (Rebolledo-Camacho *et al.*, 1999; Sáenz *et al.*, 1994; Valencia y Vargas, 2001). En Sudáfrica y Colombia a través de los trabajos de la cooperativa CAMCORE (Programa Internacional para el Mejoramiento Genético y Conservación de Especies Forestales) se establecieron ensayos de progenies hace más de dos décadas, y se seleccionaron individuos de rápido crecimiento y buena forma bajo dichas condiciones (Dvorak *et al.*, 2000; CAMCORE, 2007). Existe la posibilidad de utilizar material mejorado reintroductiéndolos a su lugar de origen en áreas donde el bosque original ya desapareció o está deteriorado. Para esto se debe conocer el desempeño de los materiales reintroducidos comparándolos con árboles generados a partir de semillas recolectadas en el bosque natural del mismo sitio u otros sitios similares. Además, con evaluaciones a edades tempranas se puede dejar en pie los mejores individuos de las mejores familias, raleando los inferiores para convertir el estudio en un área de producción de semillas.

### 1.3. Aspectos sobre fenología de crecimiento

#### Patrones de crecimiento en altura de los árboles forestales.

Pese a que algunos autores sostienen la existencia de hasta diez patrones de crecimiento en altura de los árboles forestales, Morey (1977) concentra en las coníferas solo tres.

**Floración única.** Consiste en la elongación de la yema apical, normalmente al principio del periodo de crecimiento, desde que inicia el periodo hasta que concluye, sin pausas, ni interrupciones. La yema apical hiberna con todos los primordios de los órganos preformados en estado embrional y en primavera el brote abre y comienza a crecer y a madurar.

**Recurrente.** Presenta dos o más épocas de crecimiento en longitud, separadas por periodos de inactividad.

**Continuo.** La maduración del brote telescópico preformado puede ser seguida, inmediatamente, por un nuevo alargamiento, incluyendo ambos la formación y desarrollo de nuevas hojas.

El crecimiento estacional de las especies vegetales es un parámetro muy influenciado por las condiciones del medio en el que habitan (Kozlowski, 1971; Cremer, 1973). Además, el período de crecimiento depende en gran medida de las características genéticas de cada especie o ecotipo.

El crecimiento de los brotes no se ha investigado en gran detalle en muchas especies forestales. En las zonas templadas, los brotes se expanden generalmente en un corto período de tiempo, pero esta expansión varía mucho incluso entre árboles de un mismo género. Kozlowski (1971), menciona datos que van de sólo seis semanas a más de cinco meses en diversas especies de pinos norteamericanos.

En las regiones de clima templado hay una época con temperatura y humedad adecuadas, para el crecimiento que suele incluir la primavera y el verano. También hay una estación fría, que presenta condiciones desfavorables para el metabolismo del árbol. Por ejemplo, en el invierno la temperatura baja retrasa las reacciones químicas y el agua se torna viscosa, o se congela en el suelo dificultando la absorción. Como resultado de cambios pronunciados en el ambiente, la fenología de los árboles incluye los estados anuales de actividad y letargo, sincronizados con el ciclo anual del clima. Las fechas exactas de cada condición, varían según la latitud, altitud, especie entre otros factores ambientales (López, 2005).

El papel del patrón estacional de crecimiento del brote terminal en la adaptación de los individuos es particularmente importante cuando las plantaciones se establecen en sitios que presentan condiciones ambientales diferentes a las del área de distribución natural de la especie (Zobel *et al.*, 1987).

### **Crecimiento de algunas especies de *Pinus***

El crecimiento en altura de la especie *Pinus* se caracteriza por presentar varios elementos que nos ayudan a identificar y separar el crecimiento del brote líder en componentes. Los componentes más evidentes del brote son el número y longitud de ciclos de crecimiento que se forman durante las condiciones ambientales favorables para su desarrollo en el año (Cannell *et al.*, 1976).

López *et al.*, (1999) encontró una amplia variación genética entre y dentro de poblaciones de *P. greggii* Engelm. ex Parlatore en la tasa de crecimiento en altura, asociada fundamentalmente a diferencias en el número y longitud promedio de los ciclos de crecimiento. En otros estudios realizados en *P. taeda* L. y *P. patula*, también se han encontrado resultados similares (Allen y Wentworth, 1993; Gómez *et al.*, 1998). Aunque en algunos casos se ha

encontrado que no existe una relación significativa entre el crecimiento anual en altura y alguno de sus componentes (Vargas y Jacob, 1993). Lo anterior implica que la importancia relativa de los componentes del crecimiento en la altura puede variar de una especie a otra o incluso entre poblaciones dentro de una misma especie.

Con el propósito de determinar la variación inter e intraespecífica en la tasa de crecimiento en altura y el número de ciclos, Salazar *et al.*, (1999) evaluó una plantación experimental de 18 meses de edad, establecida en Patoltecoya, Puebla, durante un periodo de 12 meses. La plantación incluye un total de 30 procedencias de cuatro especies de *Pinus* (10 de *P. greggii*, 11 de *P. patula*, 4 de *P. tecunumanii* (Schw.) Eguluz *et* Perry y 5 procedencias de *P. maximinoi* H. E. Moore). No se encontró un efecto significativo del sitio, en ninguna de las variables de crecimiento evaluadas, pero sí variación significativa entre y dentro de especies en estas características. *Pinus maximinoi* y *P. tecunumanii* presentaron las mayores tasas de crecimiento en altura 2.50 y 2.44 m/año, respectivamente, mientras que *P. patula* presentó las menores con 1.92 m/año. En *P. tecunumanii* y *P. patula* la tasa de crecimiento se asoció en forma negativa con una  $r = -0.98$  en la primera y en forma positiva con  $r = 0.75$  en la segunda con el número de ciclos de crecimiento, mientras que en *P. greggii* y *P. maximinoi* no se encontró una correlación significativa entre estas características.

### **Patrón de crecimiento en *Pinus patula***

Ampliando los resultados de Gómez *et al.*, (1998), *Pinus patula* Schiede ex Schltdl. *et* Cham. presenta un patrón de crecimiento anual del brote relativamente complejo, el cual podría influir sobre la productividad y la capacidad de adaptación en sitios fuera de su área de distribución natural. Por lo anterior mencionado y con el objetivo de establecer las relaciones entre el patrón de crecimiento anual del brote terminal y sus componentes en esta especie, estos

autores evaluaron el alargamiento periódico del brote en 101 individuos de cuatro años de edad en una plantación establecida en Lomas de San Juan, Texcoco, México durante dos estaciones de crecimiento. Los resultados indican que el brote terminal desarrolló el mismo número promedio de ciclos de crecimiento ( $4 \pm 1$ ) en dos años de evaluación, pero la longitud total del brote y la longitud promedio de los ciclos se redujeron en la segunda estación. Durante el segundo año (1992), la estación de crecimiento duró más de 300 días y los ciclos presentaron fuertes traslapes en su alargamiento, con una duración promedio que varió de 110 a 255 días y una tasa de crecimiento de 0.67 a 1.24 mm día<sup>-1</sup>. En ambas estaciones los componentes más importantes en el alargamiento del brote fueron la longitud media de los ciclos ( $r \geq 0.70^{**}$ ) y el número total de unidades de crecimiento del brote ( $r \geq 0.76^{**}$ ). El número y la longitud de las unidades de crecimiento presentaron una correlación negativa ( $-0.26^{**} > r > -0.51^{**}$ ) entre sí.

### **Temperatura y concepto de grados-día (unidades calor) en la fenología del crecimiento**

La temperatura controla la velocidad de desarrollo de muchos organismos. Las plantas y los animales invertebrados, incluyendo los insectos y los nematodos, requieren de un cierto monto de calor para pasar de un punto de desarrollo a otro dentro de su ciclo biológico. Esta medición de calor acumulado es conocida como tiempo fisiológico. Teóricamente este tiempo fisiológico provee un patrón común para el desarrollo de los organismos. El monto de calor requerido para el completo desarrollo de un organismo dado no sufre variaciones, así la combinación de temperatura (entre umbrales) y tiempo será siempre la misma. El tiempo fisiológico es a menudo expresado y aproximado en unidades llamadas grados (Allen, 1976; Wilson y Barnett, 1983; Zalom *et al.*, 1983).

A veces llamados unidades de calor, los grados días son el producto acumulado de tiempo y temperatura entre umbrales de desarrollo para cada día. Es decir, un día-grado es un día (24

horas) con una temperatura de un grado por encima del umbral de desarrollo inferior. Por ejemplo si el umbral mínimo de desarrollo para un organismo es de 10°C y la temperatura se mantiene en 11°C (o 1°C sobre el umbral mínimo) por 24 horas, se acumula un día grado (UC IPM, 2002).

En ese contexto, para completarse una etapa fenológica para un organismo determinado, es necesaria la acumulación del requerimiento térmico, medido y expresado en grados día sobre una temperatura base o umbral mínimo de desarrollo. En todos los modelos de grados día se parte de la base que el desarrollo de las plantas y de los poikilotermos (entre los cuales están los insectos), está directamente relacionado con la temperatura ambiente y el tiempo (Carlson y Gage, 1989), vale decir con las unidades de calor acumulado desde el comienzo de la estación de crecimiento.

#### **1.4. Consideraciones sobre nutrición forestal**

En México se carece de antecedentes sobre requerimientos nutrimentales en las especies forestales. La falta de información dificulta el diagnóstico nutrimental y, en consecuencia, la puesta en marcha de programas de fertilización y de estudios científicos relacionados con su nutrición. Resalta la necesidad de generar información o buscar procedimientos que permitan determinar los factores nutrimentales que limitan el crecimiento de los árboles (López y Estañol, 2006).

Uno de los sistemas más utilizados para el diagnóstico de deficiencias nutricionales y la determinación de las fertilizaciones más adecuadas es el análisis foliar (Bonneau, 1995; Lambert *et al.*, 1984). Sin embargo el estudio de la concentración foliar de un determinado nutrimento, en ausencia de información adicional, no indica si este elemento está limitando el crecimiento o no. Es necesario integrar este resultado con el crecimiento para poder determinar un diagnóstico

sobre las condiciones nutrimentales, pues una concentración estable en un determinado nutrimento puede estar asociada con un cese en el crecimiento (Weetman, 1989; Imo y Timmer, 1997). No obstante, la interpretación de resultados de concentración nutrimental y crecimiento puede producir diagnósticos equivocados si existen otros factores distintos a los elementos añadidos que estén limitando el crecimiento de la vegetación. Además, el estudio de la concentración de un elemento no informa sobre el equilibrio entre diferentes nutrientes (Bigg y Schalau, 1990).

Existen distintos métodos para la interpretación de los análisis foliares. El más comúnmente empleado es el sistema de los niveles críticos. Para cada nutrimento, el nivel crítico es aquella concentración foliar por debajo de la cual el crecimiento se encuentra limitado por ese elemento. Por encima del nivel crítico no se espera una respuesta positiva en crecimiento ante el aporte extra del nutrimento en cuestión (Ballard y Carter, 1986). Sin embargo, un inconveniente de este sistema es que cada nutrimento se analiza independientemente y no se considera las posibles interacciones que puedan existir entre distintos nutrimento (Svenson y Kimberley, 1988). Otros sistemas de diagnóstico, como el uso de las relaciones entre pares de nutrimento (Ballard y Carter, 1986) o el sistema DRIS (Diagnosis and Recommendation Integrated System) (Beaufils, 1973), son alternativas que solventan este inconveniente al analizar simultáneamente las condiciones de distintos nutrimentos (Needham *et al.*, 1990). Aunque el sistema DRIS se desarrolló para cultivos agrarios, cada vez es más utilizado en el sector forestal (Zas, 2003; Romanya y Vallejo, 1996). El sistema DRIS utiliza las relaciones entre las concentraciones foliares de todos los posibles pares de nutrimentos para el cálculo de un índice para cada nutrimento, que evalúa el nivel nutricional de éste en relación con el resto de nutrimentos.

Como consecuencia de la ocurrencia de tasas diferenciales de crecimiento, aun en árboles de igual edad creciendo sobre un mismo tipo de suelo (Garten *et al.*, 1994; Li y Yang, 2004), se generan procesos de dilución y concentración nutrimental dentro de los tejidos de los árboles (Mengel y Kirkby, 1982). Esto indica que el crecimiento de los árboles no solo depende de la concentración nutrimental en sus tejidos, como de manera lógica se espera. La concentración nutrimental es, a su vez, un resultado del proceso de crecimiento del árbol.

La interpretación de los resultados del análisis de tejido vegetal en especies forestales, ya sea con fines de diagnóstico nutrimental o investigación científica, suele ser una tarea complicada (Timmer, 1991; Lopez-Lopez *et al.*, 2009). Actualmente, se han desarrollado varias técnicas para tal fin. En el ámbito forestal, una de las técnicas de interpretación de análisis vegetal que ha tenido un creciente auge y aceptación durante los últimos años, especialmente en el medio científico, es la denominada “análisis de vectores”, desarrollada por Timmer y Stone (1978).

López-López y Alvarado-López (2010) proponen una clave para la interpretación de nomogramas que permite profundizar en el análisis de los vectores y producir una mayor gama de posibilidades de efectos de los tratamientos que cuando se utiliza la tradicional guía tabular. Las ventajas mencionadas permiten generar una mayor discusión de los resultados del trabajo y, probablemente, producir resultados finales más confiables y provechosos.

Por los motivos mencionados en el capítulo I, se propone el capítulo II el objetivo de probar el desempeño de material mejorado fuera de su hábitat natural y reintroducido a sus condiciones naturales en dos ensayos a diferente elevación. Cada uno contiene material de 36 familias mejoradas en Sudáfrica y Colombia y 36 familias de árboles selectos de rodales naturales de Hidalgo y Puebla.



Sin embargo, debido a la variación y a la diferencia significativa encontrada entre sitios, en las variables de crecimiento del capítulo II, se procedió a realizar el capítulo III, en este caso evaluando los componentes del crecimiento y el efecto de los grados días sobre el crecimiento del brote principal, se usaron 10 familias del grupo Mejorado (M) y 10 del grupo Seleccionado fenotípicamente (S). Subsecuentemente se estableció otro experimento para desarrollar el capítulo IV, en la búsqueda de otras características que expliquen la variación entre sitios, para este caso se analizan las propiedades físicas y químicas del suelo, las concentraciones nutrimentales en el follaje de nueve familias de las cuales cuatro familias pertenecen al grupo M y 5 familias al grupo S, con los datos de concentración se realizaron los diagnósticos nutrimentales de las familias. En consecuencia, en los capítulos II, III y IV se proponen los siguientes objetivos:

## 1.5. OBJETIVOS

### Objetivo general

Evaluar el comportamiento en el crecimiento y supervivencia de familias mejoradas y no mejoradas de *Pinus patula* Schiede ex Schltdl. et. Cham. establecidas en un ensayo de progenies en dos sitios diferentes, así como determinar el comportamiento de algunos parámetros genéticos, el patrón de crecimiento y condiciones nutrimentales en dichas familias.

### Objetivos específicos

1. Estimar los parámetros genéticos y la interacción genotipo ambiente en un ensayo de progenies de *Pinus patula* establecida con material de diferente grado de mejoramiento.
2. Analizar la variación genética y ambiental en los componentes del crecimiento y en el patrón de crecimiento estacional del brote terminal en un ensayo de progenie de *Pinus patula*.
3. Evaluar el estado nutrimental y su influencia sobre el crecimiento de progenies de *Pinus patula* establecidas en dos sitios diferentes.

## 1.6. LITERATURA CITADA

- Allen, H.L. and T.R. Wentworth. 1993. Vegetation control and site preparation affect patterns of shoot elongation for 3-year-old loblolly pine. *Can. J. For. Res.* 23 (10): 2110-2115.
- Allen, J.C. 1976. A Modified Sine Wave Method for Calculating Degree-Days. *Environmental Entomology.* 5(3):388-396.
- Ballard, T.M. and R.E. Carter 1986. Evaluating forest stand nutrient status. Land Management Report, No. 20, Ministry of Forest. Victoria, British Columbia. 60 p.
- Beaufils, E.R. 1973. Diagnosis and recommendation Integrated System (DRIS). Department of Soil Science and Agrometeorol. University of Natal, Soil. Sci. Bull. No. 1, Pietermaritzburg, SA. 132 p.
- Bigg, W.L. and J.W. Schalau 1990. Mineral nutrition and the target seedling. *In:* R. Rose, S.J. Campbell, T.D. Landis (eds.). Target Seedling Symposium: Proceedings, Combined Meeting of The Western Forest Nursery Associations; 13-17 Aug 1990; Roseburg, OR. Fort Collins CO. USDA Forest Service, Rocky Mountain Forest and Range Experiment Station. General Technical Report RM-200. p: 139-160.
- Bonneau, M. 1995. Fertilization des forêts dans les pays tempérés: théorie, bases du diagnostic, conseils pratiques, realizations expérimentales. ENGREF. Nancy, France. 376 p.
- CAMCORE (Programa Internacional para el Mejoramiento Genético y Conservación de Especies Forestales). 2007. Boletín de noticias CAMCORE para México y Centroamérica. Vol. 1 No. 2. Raleigh. 6 p.

- Cannell, M.G.R., S. Thompson and R. Lines. 1976. An analysis of inherent differences in shoot growth within some north temperate conifers. *In*: M.G.R. Cannell and F.T. Last (eds.). *Tree Physiology and Yield Improvement*. Academic Press. London. pp: 173-206.
- Carlson, J.D. y H. Gage. 1989. Influence of temperature upon crop and insect pest phenologies for field corn and the role of planting date upon their interrelationships. *Agricultural and Forest Meteorology* 45: 313-324.
- Cremer, K.W. 1973. Seasonal patterns of shoot development in *Pinus radiata* var. *Aust. For. Res.* 6: 31-52.
- Dvorak, W.S., G.R. Hodge, J.E. Kietzka, F. Malan, L.F. Osorio and T. K. Stanger. 2000. *Pinus patula*. *In*: Conservation & Testing of Subtropical & Subtropical Forest Tree Species by the CAMCORE Cooperative College of Natural Resources, NCSU. Raleigh. pp: 149-173.
- Garten, C.T., M.A. Huston and C.A. Thomas. 1994. Topographic variation of soil nitrogen dynamics at Walker Branch Watershed, Tennessee. *For. Sci.* 40:497-512.
- Gillespie, A.J.R. 1992. *Pinus patula* Schiede and Deppe. Patula pine. SO-ITF-SM-54. New Orleans, LA: U.S. Department of Agriculture, Forest Service, Southern Forest Experiment Station. 5 p.
- Gómez C., M., J.J. Vargas Hernández, J. Jasso M., A. Velázquez M. y C. Rodríguez F. 1998. Patrón de crecimiento anual del brote terminal en árboles jóvenes de *Pinus patula*. *Agrociencia* 32:357-364.
- Imo, M. and V.R. Timmer. 1997. Vector diagnosis of nutrient dynamics in mesquite seedlings. *For. Sci.* 43: 268-273.

- Kozłowski, T.T. 1971. Growth and Development of Trees. Physiological Ecology. Academic Press. New York. 443 p.
- Lambert, M.J., D.C. Grey, A.P. G Schonau and C.J. Schutz. 1984. The use of foliar analysis in fertilizer research. IUFRO Symposium on Site and Productivity of Fast Growing Plantations. Vol. 1. Pretoria, South African Forest Research Institute. pp: 269-291.
- Li, M. and J. Yang. 2004. Effects of microsite on growth of *Pinus cembra* in the subalpine zone of the Austrian Alps. Ann. For. Sci. 61: 319-325.
- López-Ayala, J.L., J.J. Vargas-Hernández, C. Ramírez-Herrera y J. López-Upton. 1999. Variación intraespecífica en el patrón de crecimiento del brote terminal en *Pinus greggii* Engelm. Revista Chapingo Serie Ciencias Forestales y del Ambiente. 5 (2) 133-140.
- López-López, M.A. y J. Alvarado-López. 2010. Interpretación de nomogramas de análisis de vectores para diagnóstico nutrimental de especies forestales. Madera y Bosques 16(1):99-108.
- López-López, M.A., R.M. Reich, C. Aguirre-Bravo and A. Velázquez-Martínez. 2009. Pine growth and nutrient status as related to pine/alder ratio in mixed stands. J. Biol. Sci. 9(7):637-647.
- López L., M.A. y E. Estañol B. 2006. Detección de deficiencias de hierro en *Pinus leiophylla* a partir de los efectos de dilución y concentración nutrimental. Terra Latinoamericana 25 (1): 9-15.
- López R., G.F. 2005. Ecofisiología de árboles. Universidad Autónoma de Chapingo. México. D. F. 484 p.

- Mengel, K. and A.E. Kirkby. 1982. Principles of Plant Nutrition. International Potash Institute. Berna, Suiza. 687 p.
- Morey, P.R. 1977. Cómo Crecen los Árboles. Ediciones Omega. Barcelona, España. 65 p.
- Needham, T.D., J.A. Burger and R.G. Oderwald. 1990. Relationship between diagnosis and recommendation integrated system (DRIS) optima and foliar nutrient critical level. Soil. Sci. Soc. Am. J. 54(3): 883-886.
- Perry, J.P. 1991. The Pines of Mexico and Central America. Timber Press, Portland, OR. USA. 231 p.
- Rebolledo C., V., L. del C. Mendizábal H. y J. Alba L. 1999. Evaluación de familias comunes de *Pinus patula* Schl. et Cham. en dos ensayos de progenie. Foresta Veracruzana 1: 19-24.
- Romanya, J. and V.R. Vallejo. 1996. Nutritional status and deficiency diagnosis of *Pinus radiata* plantations in Spain. Forest Science 42 (2): 192-197.
- Sáenz R., C., H. Nienstaedt and J.J. Vargas H. 1994. Performance of *Pinus patula* genotypes selected in South Africa and growing in their native Mexican environment. Silvae Genetica 43: 73-81.
- Salazar G., J.G., J.J. Vargas H., J. Jasso M., J.D. Molina G., C. Ramírez H. y J. López U. 1999. Variación en el patrón de crecimiento en altura de cuatro especies de *Pinus* en edades tempranas. Madera y Bosques 5(2):19-34.
- Svenson, G.A. and M.O. Kimberley. 1988. Can DRIS improve diagnosis of nutrient deficiency in *Pinus radiata*? New Zealand Journal of Forestry Science 18 (1): 33-42.

- Timmer, V. R. and E.L. Stone. 1978. Comparative foliar analysis of young Balsam Fir fertilized with nitrogen, phosphorus, potassium and lime. *Soil Science Society of American Journal* 42:125-130.
- Timmer, V.R. 1991. Interpretation of seedling analysis and visual symptoms. *In*: R. van den Driessche (ed.). *Mineral Nutrition of Conifer Seedlings*. CRC Press. Boca Raton, FL, EE.UU. pp: 113-134.
- UC IPM. 2002. Statewide IPM Program, Agriculture and Natural Resources, University of California. How to Manage pests. Degree-days. En línea: <http://www.ipm.ucdavis.edu/WEATHER/ddconcepts.html> (consultado:13 de Noviembre 2011).
- Valencia M., S. y J.J. Vargas H. 2001. Correlaciones genéticas y selección simultanea del crecimiento y densidad de la madera en *Pinus patula*. *Agrociencia* 35: 109-120.
- Vargas H., J.J. and W.T. Adams. 1992. Age-age correlation and early selection for wood density in young coastal Douglas-Fir. *Forest Science* 38:467-477.
- Vargas H., J.J. y V. Jacob C. 1993. Variación genética en la elongación del brote terminal de *Pinus patula*. Resúmenes de ponencias del Primer Congreso Mexicano Sobre Recursos Naturales Forestales. Saltillo, Coah., México. p. 94.
- Weetman, G.F. 1989. Graphical vector analysis technique for testing stand nutritional status. *In*: W.J. Dyck and C.A. Mees (eds.). *Research Strategies for Long Term Site Productivity*. Proc. IEA/BE A3 Workshop. Seattle, WA. August 1988. IEA/BE A3 Report No. 8. Bulletin 152. Forest Research Institute. Nueva Zelanda. pp: 93-109.
- White, T.L., W.T. Adams and D.B. Neale. 2007. *Forest Genetics*. CABI. Oxfordshire. 682 p.

- Wilson, L. T. and W. W. Barnett. 1983. Degree-Days: An Aid in Crop and Pest Management. California Agriculture. 37:4-7.
- Wormald, P.J. 1975. *Pinus patula*. Tropical Forestry Paper No. 7. Tropical Forestry Institute. Commonwealth Forestry Institute. Oxford, England. 172 p.
- Wright, J.A., L.F. Osorio and W.S. Dvorak. 1995. Recent developments in a tree improvement program with *Pinus patula* in Colombia. Forest Ecology and Management 72: 229-234.
- Zalom, F.G., P.B. Goodell, L.T. Wilson, W.W. Barnett and W.J. Bentley. 1983. Degree-Days: The Calculation and Use of Heat Units in Pest Management. University of California Division of Agriculture and Natural Resources Leaflet 21373.
- Zas, R. 2003. Interpretación de las concentraciones foliares en nutrientes en plantaciones jóvenes de *Pinus radiata* D. Don en tierras agrarias en Galicia. Investigación Agraria: Sistemas y Recursos Forestales 12 (2): 3-11.
- Zobel, B.J., G. van Wyk and P. Stahl. 1987. Growing Exotic Forest. John Wiley and Sons. New York. USA. 508. p.
- Zobel, B.J. y J. Talbert. 1988. Técnicas de Mejoramiento Genético de Árboles Forestales. Limusa, México, D.F. 545 p.



## CAPITULO II

### 2.1. RESUMEN

#### VARIACIÓN GENÉTICA Y AMBIENTAL EN UN ENSAYOS DE PROGENIES DE *PINUS PATULA*

*Pinus patula* Schiede ex Schltdl. et Cham. es un pino endémico de México, mejorado en el extranjero por ser de rápido crecimiento, que al ser reintroducido debe evaluarse. Se compara el desarrollo de progenies con diferentes niveles de mejora genética en dos ensayos en ambientes contrastantes: Aquixtla, Puebla, a 2,930 m (S1) y Acaxochitlán, Hidalgo, a 2,260 m de elevación (S2). A los 6 años de edad se evaluó la supervivencia y a los 5 y 6 años el diámetro normal (DN), la altura total (ALT), y el volumen del tronco (VOL) de 36 familias mejoradas en Colombia y Sudáfrica (grupo M) y de 36 nativas, seleccionadas fenotípicamente (grupo S). A los 6 años, la supervivencia fue de 72.7% en S1 y de 90% en S2, con mejores crecimientos en este último sitio. Se encontraron diferencias significativas ( $p \leq 0.05$ ) entre los dos grupos de familias en todas las variables evaluadas en ambos años. Las progenies del grupo M fueron superiores en el volumen del tronco en S1 (4.3 vs. 3.6 dm<sup>3</sup>), mientras que no lo fueron en S2 (10.7 vs. 13.5 dm<sup>3</sup>). En S1, las heredabilidades ( $h^2_i$ ) para las características de crecimiento variaron de 0.09 a 0.12, mientras que en el S2 variaron de 0.26 a 0.35. Las familias del grupo M presentaron mayores valores de  $h^2_i$  en S1, mientras que en S2 los valores fueron similares en los dos grupos. Las correlaciones genéticas y fenotípicas estimadas entre las variables de crecimiento para S1 y S2, oscilaron entre 0.80 y 1.0 ( $\geq 0.80$ ) en las dos edades. La interacción genotipo x ambiente (GxA) resultó alta, ya que los valores de  $r_b$  en ambas edades son menores a 0.70, y en algunos casos de 0.0. El grupo de familias M presentó menor interacción GxA en todas las variables evaluadas.

**Palabras claves:** *Pinus patula*, gxa, progenies, parámetros genéticos, reintroducción.

## 2.2. SUMMARY

### GENETIC AND ENVIRONMENTAL VARIATION IN A TRAIL OF *Pinus patula* PROGENY

*Pinus patula* Schiede ex Schltdl. et. Cham. is an endemic pine of México improved abroad because of its fast growth rate and should be evaluated to be reintroduced into the country. In this study the development of progenies with different breeding levels was compared in two trials in contrasting environments: Aquixtla, Puebla, at 2930 m (S1) and Acaxochitlán, Hidalgo, at 2260 m elevation (S2). Survival was evaluated at 6 years of age and at 5 and 6 years normal diameter (ND), total height (ALT), and stem volume (VOL) of 36 families improved in Colombia and South Africa (group M) and of 36 native families phenotypically selected (group S). At 6 years, survival was 72.7 % in S1 and 90 % in S2, with better growth in the latter site. There were significant differences ( $p \leq 0.05$ ) between the two groups of families in all variables in both years. Progenies of the M group were higher in the volume of the trunk in S1 (4.3 vs. 3.6 dm<sup>3</sup>) but not in S2 (10.7 vs. 13.5 dm<sup>3</sup>). In S1, heritabilities  $h^2$  for growth traits ranged from 0.09 to 0.12 and in S2 from 0.26 to 0.35. Families of M Group had higher values of  $h^2$  in S1 but in S2 values were similar. Genetic and phenotypic correlations between the growth variables for S1 and S2 ranged from 0.80 to 1.0 ( $\geq 0.80$ ) at both ages. The genotype x environment interaction (GXA) was high because the values of  $r_b$  in both ages were lower than 0.70 and 0.0 in some cases. The group of M families had lower GXA interaction in all variables evaluated.

**Key words:** *Pinus patula*, GXA, progenies, genetic parameters, reintroduction.

### 2.3. INTRODUCCIÓN

*Pinus patula* Schiede ex Schltdl. et Cham. es el pino mexicano más plantado dentro y fuera de México. Desde su inclusión en los programas de plantaciones en países como Sudáfrica, Zimbabwe, Australia, Nueva Zelanda y Colombia, el interés en la especie ha aumentado debido su rápido crecimiento, calidad de madera y facilidad de manejo (Wormald, 1975; Wright *et al.*, 1995; Dvorak *et al.*, 2000). Las plantaciones comerciales inician con el establecimiento de un plan de mejoramiento genético, que incluye la selección de las procedencias y las familias con mayor adaptación y crecimiento. El mejoramiento genético forestal se enfoca a mejorar el incremento y calidad de los árboles y su adaptabilidad a cambios ambientales (White *et al.*, 2007). Varias empresas forestales en otros países realizan diversas investigaciones sobre la mejora genética de *Pinus patula* y han desarrollado individuos con mejores características de crecimiento que los materiales silvestres con que iniciaron sus programas (Dvorak *et al.*, 2000; CAMCORE, 2007). Aunque los materiales han aumentado su productividad y tasa de crecimiento, es posible que se haya modificado su adaptación (Sáenz *et al.*, 1994), en especial cuando producto de la mejora, los árboles inician más temprano y terminan más tarde su crecimiento en el año, exponiéndose a bajas temperaturas o deficiencias de humedad en el ambiente de reintroducción (Gómez *et al.*, 1998). Un programa de mejora genética inicia con la selección de árboles superiores con base en su apariencia externa (fenotipo), producto de factores ambientales y del genotipo, por lo que es esencial determinar la calidad de estos árboles a través de la evaluación del crecimiento de su progenie en los terrenos donde se establecen las plantaciones (White *et al.*, 2007). Sin embargo, cuando los ensayos de evaluación se establecen en varias localidades se genera un comportamiento diferencial entre las progenies de diferentes árboles, según el ambiente particular en que crecen, conocido como interacción genotipo x

ambiente (White *et al.*, 2007). Debido a la longevidad y tasa de crecimiento de los árboles, se requiere de muchos años para la evaluación; una forma de acelerar el proceso es utilizar la selección temprana, que consiste en seleccionar genotipos con base en una característica que se manifieste a edades jóvenes, con el fin de mejorar otra en edades posteriores (Vargas y Adams, 1992). A pesar de que a *Pinus patula* se le utiliza en forma intensiva en plantaciones con material mejorado en algunos países Africanos y de América, en su área de origen se aprovecha sólo del bosque natural y con esfuerzos aislados como el establecimiento de áreas y huertos semilleros (Sáenz *et al.*, 1994; Rebolledo *et al.*, 1999; Valencia y Vargas, 2001). En Sudáfrica y Colombia, a través de los trabajos de la cooperativa CAMCORE (Programa Internacional para el Mejoramiento Genético y Conservación de Especies Forestales), se establecieron ensayos de progenies hace más de dos décadas, y se seleccionaron individuos de rápido crecimiento y forma superior (Dvorak *et al.*, 2000; CAMCORE, 2007). Existe la posibilidad de utilizar material mejorado reintroduciéndolo a su lugar de origen, en áreas donde el bosque original está deteriorado o ya desapareció. Para esto se debe conocer el desempeño de los materiales reintroducidos, comparándolos con árboles generados a partir de semillas recolectadas en el bosque natural del mismo sitio u otros similares. Además, con evaluaciones a edades tempranas se puede dejar en pie los mejores individuos de las mejores familias, raleando los inferiores para convertir el estudio en un área de producción de semillas (huerto semillero sexual). Con el objetivo de evaluar el desempeño de material mejorado fuera de su hábitat natural y reintroducido a sus condiciones naturales, se estableció un ensayos de progenie de *Pinus patula* a diferente elevación. Otro objetivo fue: comparar el desarrollo de dos grupos de materiales entre localidades con ambientes diferentes, y estimar algunos parámetros genéticos útiles en un programa inicial de mejora genética de la especie.

## 2.4. MATERIALES Y MÉTODOS

En agosto de 2004, usando el método de cepa común con un espaciamiento de 2.5 x 2.5 m se establecieron los ensayos en dos sitios con ambientes contrastantes; uno en un predio del municipio de Aquixtla, Puebla (Sitio 1), localizado a 19°43'11.9" Latitud Norte 97°59'21.3" Longitud Oeste, a 2,930 m, en terreno de uso forestal con suelo moderadamente profundo, de textura franco-arenosa y fertilidad media, ubicado en un bosque mezclado de *Abies religiosa* [HBK] Schltdl. & Cham. y *P. patula*; el otro se estableció en Acaxochitlán, Hidalgo (Sitio 2), ubicado a 20°09'52" L.N., 98°13'31" L.O., a 2,200 m, en terreno de uso agrícola dentro de un bosque mezclado de *P. patula*, *P. teocote* Schltdl. & Cham. y *Quercus* sp., de fertilidad media, profundo y de textura limo-arcillosa, sin horizonte orgánico. Se utilizaron dos grupos con diferente niveles de selección genética, cada uno con 36 familias de polinización libre; un grupo mejorado (M) por medio de selección en ensayos de progenie establecidos fuera de México y otro, de árboles sin mejora genética, seleccionados en campo por su fenotipo superior (S). El material mejorado proviene de Colombia (18 familias) y de Sudáfrica (18 familias), de los miembros de la cooperativa CAMCORE seleccionados por su crecimiento en volumen, adaptación y rectitud de fuste. Los árboles del grupo S fueron seleccionados por el método comparativo en de rodales naturales en los estados de Hidalgo, Veracruz y Puebla (Cuadro 2.1), considerando su mayor talla, rectitud de fuste y sanidad. En ambos sitios se utilizó un diseño experimental de bloques completos al azar con 17 (en S1) y 6 repeticiones (en S2), con parcelas de un solo árbol por familia. Se usó un arreglo en parcelas divididas, con los grupos (M y S) en las parcelas grandes y las familias en las chicas.

**Cuadro 2.1.** Procedencia de las familias de *Pinus patula* mejoradas en Sudáfrica y Colombia, y selectas (COLPOS), establecidas en un ensayos de progenies.

Procedencia	Estado	Fuente	No. de familias	Latitud	Longitud	Altitud (m)
				N	O	
Conrado Castillo	Tamaulipas	Sudáfrica	2	23° 56'	99° 27'	1780
Pinal de Amoles	Querétaro	Sudáfrica	2	21° 07'	99° 41'	2465
La Encarnación	Hidalgo	Colombia	3	20° 53'	99° 13'	2525
Zacualtipán	Hidalgo	Sudáfrica	3	20° 39'	98° 40'	2090
Potrero de Monroy	Veracruz	Sudáfrica	2	20° 24'	98° 25'	2400
Cumbre de Muridores	Hidalgo	Colombia	4 <sup>†</sup>	20° 19'	98° 21'	2430
La Cruz	Hidalgo	Colombia	1	20° 17'	98° 18'	2375
Acaxochitlán	Hidalgo	Colombia	7	20° 09'	98° 10'	2475
Tlacotla	Tlaxcala	Colombia	3 <sup>†</sup>	19° 40'	98° 05'	2832
Tlacotla	Tlaxcala	Sudáfrica	1	19° 40'	98° 05'	2832
Ingenio del Rosario	Veracruz	Sudáfrica	1	19° 31'	97° 06'	2820
Corralitla	Veracruz	Sudáfrica	3	18° 38'	97° 06'	2115
Santa María Pápalo	Oaxaca <sup>¶</sup>	Sudáfrica	1	17° 49'	96° 48'	2495
Carrizal de Bravo	Guerrero	Colombia	1	17° 34'	99° 53'	2210
Ixtlán	Oaxaca	Sudáfrica	1	17° 24'	96° 27'	2735
Cuajimoloyas	Oaxaca	Sudáfrica	1	17° 10'	96° 21'	2610
El Tlacuache	Oaxaca	Sudáfrica	1	16° 44'	97° 09'	2460
Zacualtipan	Hidalgo	COLPOS	6	20°39'	98° 40'	2220
Estación Apulco	Hidalgo	COLPOS	5	20° 24'	98° 22'	2200
Zacualpan	Veracruz	COLPOS	10	20°20'	98° 25'	1850
Acaxochitlán	Hidalgo	COLPOS	5	20°06'	98° 12'	2190
Zacatlán Norte	Puebla	COLPOS	10	19°57'	97° 55'	2120

<sup>†</sup>Por falta de planta, la familia 31 de Cumbre de Muridores, Hgo., no se estableció en Acaxochitlán, y la 16 de Tlacotla, Tlax., no se plantó en Aquixtla. Así, de Colombia se establecieron 19 familias en los dos sitios, pero 17 son comunes a ambos. <sup>¶</sup> Los materiales de Oaxaca corresponden a *P. patula* var. *longipedunculata* Loock ex Martínez.

### 2.4.1. Variables evaluadas

Se determinó la supervivencia acumulada de los árboles durante los años 2005-2010, considerando la mortalidad por heladas (evaluada a fines de febrero en cada año) y por sequía (en el mes de mayo, al inicio del periodo de lluvias). En febrero del 2009 y 2010 (a los 5 y 6 años de edad desde la siembra de la semilla) se determinó: el diámetro del tallo en cm (DN5 y DN6) medido a 1.3 m de altura con un vernier digital y la altura total del árbol en m (ALT5 y ALT6), medida con un estadal graduado. Con estos datos se estimó el volumen del fuste en  $\text{dm}^3$  a las dos edades (VOL5 y VOL6), para lo cual se usó la ecuación de volumen para fuste total con corteza de *P. patula* generada por Carrillo *et al.* (2004):

$$V = e^{-9.768843} (\text{DN}^2 A)^{0.945122} \quad (2.1)$$

donde, V es volumen ( $\text{dm}^3$ ), e es la función exponencial, DN es el diámetro del tallo a 1.3 m de altura y A es la altura total del árbol.

### 2.4.2. Análisis de datos

El análisis de la varianza para los dos sitios en conjunto y para cada sitio se realizó utilizando el procedimiento MIXED de SAS, obteniéndose los componentes de varianza a través del método REML (Máxima verosimilitud restringida) (SAS Institute, 2002). Se consideró el efecto de familias anidado en grupos de mejora.

El modelo lineal utilizado para el análisis de los ensayos en conjunto fue:

$$Y_{ijkl} = \mu + S_i + \beta_{i(l)} + G_j + SG_{jl} + \beta_{G_{ijl}} + F_{k(j)} + SF_{jkl} + \epsilon_{ijkl} \quad (2.2)$$

donde,  $Y_{ijkl}$  es el valor observado del individuo de la k-ésima familia, dentro del j-ésimo grupo de mejora, en el i-ésimo bloque anidado en el l-ésimo sitio,  $\mu$  es la media poblacional,  $S_i$  es el efecto fijo del l-ésimo sitio,  $\beta_{i(l)}$  es el efecto aleatorio de bloque anidado en sitio  $\sim \text{NID}(0, \sigma_{bs}^2)$ ;  $G_j$  es el efecto fijo del j-ésimo grupo (selecto vs. mejorado);  $SG_{jl}$  es el efecto fijo de la interacción

sitio por grupo de mejora;  $\beta G_{ij}$  es el efecto aleatorio de la interacción bloque por grupo  $\sim \text{NID}(0, \sigma_{bg}^2)$ ,  $F_{k(j)}$  es el efecto aleatorio de la k-ésima familia anidada en grupo  $\sim \text{NID}(0, \sigma_{f(g)}^2)$ ;  $SF_{jkl}$  es el efecto aleatorio de la interacción sitio por familia dentro de grupo de mejora  $\sim \text{NID}(0, \sigma_{sfg}^2)$ ; y  $\epsilon_{ijkl}$  es el error asociado a dichos efectos  $\sim \text{NID}(0, \sigma_e^2)$ ,  $l = \text{Aquixtla y Acaxochitlán}$ ;  $i = 1, 2, \dots, 17$  o  $1, 2, \dots, 6$  bloques;  $j = \text{mejorados y selectos}$ ; y  $k = 1, 2, \dots, 36$  familias por grupo de mejora.

Para el análisis de cada sitio se utilizó el mismo modelo general, eliminando todos los términos donde aparece el efecto de sitios.

$$Y_{ijk} = \mu + \beta_i + G_j + \beta G_{ij} + F_{k(j)} + \epsilon_{ijk} \quad (2.3)$$

Con el fin de comparar el comportamiento dentro de cada grupo de mejora, en la estimación de heredabilidad y correlación genética los análisis se hicieron eliminando el efecto de grupos de mejora de las ecuaciones 2.2 y 2.3. Debido a la heterogeneidad de varianzas entre sitios y bloques, las variables se estandarizaron dividiendo cada observación entre la raíz cuadrada de su respectiva varianza total para cada combinación sitio-bloque (Hodge *et al.*, 1996).

### 2.4.3. Correlaciones genéticas y fenotípicas

Se calcularon las correlaciones fenotípicas y genéticas entre DN, ALT y VOL, tanto a la misma edad como entre las dos edades. Las correlaciones fenotípicas entre cada par de variables se estimaron con base en el coeficiente de correlación de Pearson, usando las variables estandarizadas.

Las correlaciones genéticas (*tipo A*) se calcularon utilizando la ecuación descrita por Falconer y Mackay (1996):

$$r_{gxy} = \sigma_{fxy} / \sigma_{fx} \sigma_{fy} \quad (2.4)$$

donde,  $r_{gxy}$  es la correlación genética entre x e y, evaluada sobre un mismo individuo,  $\sigma_{fxy}$  es la covarianza entre x e y,  $\sigma_{fx}$  y  $\sigma_{fy}$  son las desviaciones estándar de familias de las variables x e y.



La covarianza  $\sigma_{fxy}$  se estimó con el procedimiento descrito por White y Hodge (1989):

$$\sigma_{fxy} = [\sigma_{f(X+Y)}^2 - (\sigma_{fx}^2 + \sigma_{fy}^2)]/2 \quad (2.5)$$

donde,  $\sigma_{f(X+Y)}^2$  es la varianza de familias de la variable X + Y;  $\sigma_{fx}^2$  es la varianza de familias de la variables X; y  $\sigma_{fy}^2$  es la varianza de familias de la variable Y.

El error estándar de las correlaciones genéticas (EE( $r_g$ )) se estimó de acuerdo al procedimiento descrito por Falconer y Mackay (1996):

$$EE(r_g) = 1 - r_{gxy}^2 [EE(h_x^2) EE(h_y^2) / 2h_x^2 h_y^2]^{1/2} \quad (2.6)$$

donde,  $r_{gxy}^2$  es la correlación genética entre las variables x e y,  $EE(h_x^2)$  y  $EE(h_y^2)$  son los errores estándar de las heredabilidades individuales de la variable x e y, respectivamente, y  $h_x^2$  y  $h_y^2$  son las heredabilidades de las variables x e y.

#### 2.4.4. Estimación de heredabilidades

En especies forestales la correlación intraclase de hermanos obtenidos por polinización libre en general es mayor de 1/4 (Squillace, 1974), lo que genera una sobreestimación de la varianza aditiva ( $\sigma^2_A$ ) y, por tanto, de la heredabilidad (Namkoong, 1966). Por lo anterior, se empleó un coeficiente de determinación genética de 3 para el cálculo de la varianza genética aditiva, suponiendo que la correlación genética entre hermanos es de 0.33. Con las varianzas estimadas para cada característica se calculó la heredabilidad en sentido estricto, a nivel individual y de medias de familias por sitio individual y en conjunto (Falconer y Mackay, 1996).

Sitios individuales:

$$h^2_i = 3 \sigma_{f(g)}^2 / [\sigma_{f(g)}^2 + \sigma_e^2] \quad (2.7)$$

$$h^2_f = \sigma_{f(g)}^2 / [(\sigma_{f(g)}^2) + (\sigma_e^2 / b)] \quad (2.8)$$

Sitios en conjunto:

$$h^2_i = 3 \sigma_{f(g)}^2 / [\sigma_{f(g)}^2 + \sigma_{sf(g)}^2 + \sigma_e^2] \quad (2.9)$$

donde,  $h^2_i$  es la heredabilidad individual,  $h^2_f$  es la heredabilidad de medias de familias,  $\sigma^2_{f(g)}$  es la varianza de familias,  $\sigma^2_{sf(g)}$  es la varianza de la interacción sitio-familia anidada en grupos de mejora,  $\sigma^2_e$  es la varianza residual y  $b$  es la media armónica del número de repeticiones (parcelas) existentes para cada familia, calculada con la siguiente ecuación:

$$b = 1 / (1/n(1/x_1 + 1/x_2 + \dots + 1/x_n)) \quad (2.10)$$

donde,  $x_1$ ,  $x_2$  y  $x_n$  indican las observaciones de cada variable.

El error estándar de la heredabilidad individual ( $EE(h^2_i)$ ) se calculó utilizando la metodología de Dickerson (1969), que es un método conservador de estimación:

$$EE(h^2_i) = [3^2 \sigma^2_{f(g)} / (\sigma^2_{f(g)} + \sigma^2_e)]^{1/2} \quad (2.11)$$

El coeficiente de variación genética (CVg) y el Coeficiente de variación ambiental (CVa), fueron calculados con las siguientes ecuaciones:

$$CVg = [\sigma^2_g]^{1/2} / X (100) \quad (2.12)$$

$$CVa = [\sigma^2_a]^{1/2} / X (100) \quad (2.13)$$

donde,  $\sigma^2_g$  es varianza genética,  $\sigma^2_a$  es la varianza ambiental y  $X$  es la media general.

#### **2.4.5. Correlaciones *Tipo B***

Para medir la interacción genotipo x ambiente entre los sitios se estimó la correlación genética *Tipo B* ( $r_B$ ) (Yamada, 1962), tanto a nivel de grupos de mejora como de familia en conjunto sin separar grupos de mejora:

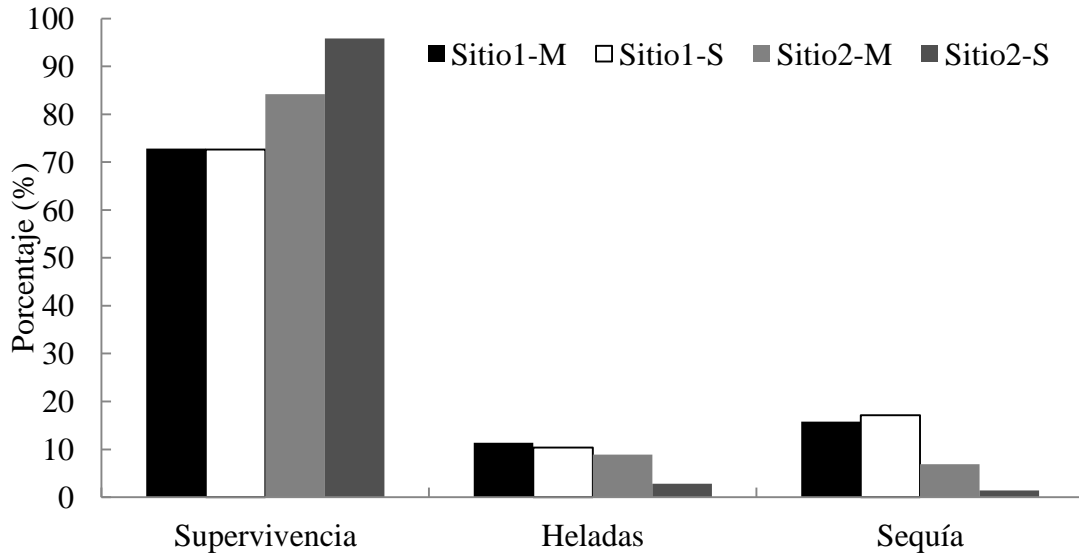
$$r_B = \sigma^2_{f(g)} / [\sigma^2_{f(g)} + \sigma^2_{sf(g)}] \quad (2.14)$$

donde,  $\sigma^2_{f(g)}$  es varianza de familias,  $\sigma^2_{sf(g)}$  es la varianza estimada de la interacción sitio-familia anidada en grupos de mejora.

## 2.5. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

### 2.5.1. Supervivencia de los árboles

En el sitio 1 la supervivencia fue de 72.7%, mientras que en el sitio 2 alcanzó 90.0 % a los 6 años de edad. En el sitio 1, el de mayor elevación (Aquixtla, 2,930 m), hubo mayor mortalidad por bajas temperaturas, casi el doble que en el sitio 2 (10.9 vs. 5.8 %), de menor elevación (Acaxochitlán, 2,200 m). La mitad de la mortalidad por heladas en el sitio 1 y la mayor parte de los daños en el sitio 2 ocurrieron durante el primer invierno (evaluación hacia fines de febrero 2005). Además, en el sitio 1 hubo mayor porcentaje de plantas muertas debido a la falta de humedad en el suelo, el triple de lo registrado en el sitio 2 (16.4 vs. 4.4%). El año 2005 fue muy seco en Aquixtla, con un inicio de lluvias muy tardío en la primavera. En el sitio 1 no hubo diferencias de mortalidad entre los grupos M y S, con 27.2 y 27.4 %; sin embargo, en el sitio 2 fue notoria la diferencia en tal variable entre los dos grupos, 15.8% en el grupo M vs. 4.2 % en el grupo S (Figura 2.1). Las heladas ocasionaron mortalidades de 11.4 y 8.9 % de los individuos en las familias del grupo M en los sitios 1 y 2, y de 10.4 y 2.8 % en las familias del grupo S en los mismos sitios. Sin embargo, las sequías ocasionaron pérdidas de 15.8 y 6.9 % de los individuos en las familias del grupo M en los sitios 1 y 2, y de 17.1 y 1.4 % en las familias del grupo S, en los mismos sitios.



**Figura 2.1.** Supervivencia y mortalidad por heladas y sequía en Aquixtla, Pue. (sitio 1, a 2,930 m s.n.m.) y en Acaxochitlán, Hgo. (sitio 2, a 2,200 m) por grupo de familias mejoradas (M) y selectas (S) de *Pinus patula*.

No se cuenta con registros climáticos para los sitios durante el periodo de evaluación, sin embargo, los datos históricos correspondientes a la temperatura media en S1 muestran que es de 15.6 °C, e igual a 15.1 °C en S2 (datos del Servicio Meteorológico Nacional, periodo 1971-2000).

La precipitación total anual es igual a 718 mm en S1, y a 920 mm en S2. Estos factores climáticos son importantes condicionantes que influyen sobre la mortalidad de los árboles en las plantaciones, como también afectan los lugares de origen de cada una de las familias, dado que provienen de una amplia área geográfica (Cuadro 2.1), y se encuentran adaptadas a otras condiciones ambientales, diferentes a las de los sitios donde se establecieron los ensayos.

### 2.5.2. Análisis de varianza para las variables de crecimiento

Debido a las diferencias entre sitios y a la significancia de sus interacciones con grupos y familias, se realizó el análisis por separado para cada sitio (Cuadro 2.2). En el análisis por grupos de mejoras para sitios en conjunto, sólo VOL5 presentó significancia.

El análisis de varianza para el sitio 1 (Aquixtla), mostró diferencias significativas ( $p < 0.05$ ) en todas las variables de crecimiento para los factores grupos y familias dentro de grupos. De la misma manera se encontró significancia para el sitio 2.

En el análisis por sitio se determinaron diferencias significativas entre los dos grupos de mejora en todas las variables evaluadas en ambos años (Cuadro 2.2). Sin embargo, en el análisis conjunto las diferencias entre los grupos no fueron significativas, salvo en VOL5, lo que se debe a que el grupo M es superior en el lugar de mayor elevación, mientras que el grupo S presentó mayor crecimiento en el sitio de menor elevación en todo el periodo de evaluación.

**Cuadro 2.2.** Valores medios por sitio de prueba, grupo de mejora y por sitio x grupo de mejora para las variables de crecimiento, medidas a los 5 y 6 años de edad en familias mejoradas (M) y no mejoradas (S) de *Pinus patula* creciendo en dos sitios contrastantes (2,200 y 2,930 m).

Variable	Análisis conjunto						Análisis por sitio					
	Sitios			Grupo			Sitio 1			Sitio 2		
	1	2	P	M	S	P	M	S	P	M	S	P
DN5 (cm)	2.57	4.99	**	3.78	3.79	Ns	2.74	2.40	**	4.81	5.16	*
ALT5 (m)	2.41	4.08	**	3.18	3.31	Ns	2.49	2.34	**	3.88	4.28	**
VOL5 (dm <sup>3</sup> )	1.10	5.30	**	3.07	3.33	*	1.24	0.96	**	4.91	5.70	*
DN6 (cm)	4.41	6.99	**	5.64	5.76	Ns	4.62	4.21	**	6.67	7.32	**
ALT6 (m)	3.47	5.08	+	4.14	4.41	Ns	3.54	3.40	**	4.74	5.43	**
VOL6(dm <sup>3</sup> )	3.73	11.47	**	7.48	8.55	Ns	4.28	3.58	**	10.69	13.5	**

\*\*<0.01; \*<0.03; +<0.06; Ns=No significativo

### 2.5.3. Control genético de las características de crecimiento

El control genético de las características evaluadas fue bajo en el sitio 1, con valores de  $h^2_i$  de 0.09 para ALT5 hasta 0.12 para VOL5 y VOL6 (Cuadro 2.3), mientras que en el sitio 2 los valores alcanzaron de 0.26 a 0.35, considerados como una heredabilidad moderada (Stanfield, 1971). Los valores de  $h^2_i$  en el sitio 1 se asemejan a los obtenidos por Valencia *et al.* (1995), con  $h^2_i$  de 0.09, 0.14 y 0.15 para DN, ALT y VOL, respectivamente, en un ensayo de *P. patula* de 6 años de edad. Sin embargo, los valores de  $h^2_f$ , de 0.17 a 0.28, son menores a los obtenidos por dichos autores ( $h^2_f \leq 0.55$ ) para características de crecimiento similares

Por otra parte, Kariuki (1998) encontró valores de  $h^2_f$  de 0.69, 0.61 y 0.70 para DN, ALT y VOL, respectivamente, en un ensayo de *P. patula* de ocho años establecido en Kenya. Ladrach y Lambeth (1991) encontraron valores de 0.31 y 0.71 para  $h^2_i$  y de 0.59 y 0.84 para  $h^2_f$  en la altura y volumen, a los siete años de edad en un ensayo establecido en Colombia, pero ellos utilizaron un coeficiente de determinación de 4. De acuerdo con Stanfield (1971), los caracteres se consideran de heredabilidad alta cuando  $h^2_i$  es mayor que 0.50, media si alcanza entre 0.50 y 0.20, y baja si  $h^2_i < 0.20$ . Sin embargo, la heredabilidad de medias de familia depende del número promedio de individuos por familia y de la supervivencia en los ensayos, pues a mayor tamaño promedio de familias, mayor  $h^2_f$  (White *et al.*, 2007).

**Cuadro 2.3.** Heredabilidad individual ( $h^2_i$ ) y de medias de familia ( $h^2_f$ ) para las características de crecimiento (DN, ALT y VOL) a los cinco y seis años de edad en un ensayo de progenies (sitios 1 y 2) de *Pinus patula*.

Sitio	DN5	ALT5	VOL5	DN6	ALT6	VOL6
1 (Aquixtla)						
$h^2_i$	0.10 (0.06) <sup>†</sup>	0.09 (0.01)	0.12 (0.61)	0.10 (0.04)	0.10 (0.01)	0.12(0.20)
$h^2_f$	0.19	0.17	0.21	0.19	0.19	0.21
2 (Acaxochitlán)						
$h^2_i$	0.30 (0.07)	0.33 (0.01)	0.35 (0.30)	0.27 (0.05)	0.26 (0.01)	0.28(0.13)
$h^2_f$	0.25	0.27	0.28	0.23	0.22	0.24

<sup>†</sup>Error estándar de  $h^2_i$  entre paréntesis.

A nivel de cada grupo de familias también se encontró un mayor control genético en todas las características en el sitio 2 (Cuadro 2.4), a pesar de tener un menor número de repeticiones; lo anterior puede deberse a una menor variabilidad ambiental, ya que en este sitio se realizó un mejor control de la maleza, y en general el sitio es más uniforme y casi sin pendiente, y con una mayor supervivencia. En Aquixtla no se llevó a cabo un control adecuado de la maleza y el sitio presenta afloramientos rocosos, lo que aumenta la variabilidad dentro y entre bloques, y reduce las posibilidades de encontrar una variación genética significativa, al aumentar la varianza ambiental. El manejo cultural mejora la estimación de los parámetros genéticos, aumentando sus valores (López *et al.*, 1999). Asimismo, la tasa de mortalidad relativamente alta pudo haber aumentado la heterogeneidad ambiental, provocando en algunos individuos un crecimiento mayor al que hubiera ocurrido si todos los árboles tuvieran un ambiente de competencia similar. Las familias del grupo M presentaron mayores valores de heredabilidad en el sitio Aquixtla, lo que se esperaba, ya que el efecto del mejoramiento es aumentar la uniformidad dentro de las familias (White *et al.*, 2007). Sin embargo, esto no ocurrió

en el sitio de Acaxochitlán, en donde el control genético estimado fue mayor en las familias del grupo S.

En el análisis conjunto, el control genético de las características de crecimiento fue muy bajo, tanto para las familias mejoradas como para las selectas (Cuadro 2.5), lo cual significa que hay un importante efecto de la interacción genotipo X ambiente entre los dos sitios, que aumentó la variación ambiental. Los valores de  $h^2$  estimados en análisis conjunto de sitios son siempre menores a los estimados a partir de análisis de sitios individuales, por lo que se les denomina heredabilidades insesgadas (White *et al.*, 2007).

**Cuadro 2.4.** Heredabilidades individual y de medias de familias para las características de crecimiento evaluadas por sitio y por grupo de mejora a los 5 y 6 años de edad en un ensayo de progenies de *Pinus patula*.

	DN5	ALT5	VOL5	DN6	ALT6	VOL6
Sitio 1 Aquixtla						
Mejorados						
$h^2_i$	0.15(0.06) <sup>†</sup>	0.22(0.01)	0.13(0.56)	0.21(0.05)	0.24(0.01)	0.17(0.22)
$h^2_f$	0.26	0.34	0.23	0.32	0.35	0.28
Selectos						
$h^2_i$	0.07(0.05)	0.00(0.00)	0.13(0.76)	0.00(0.00)	0.00(0.00)	0.04(0.14)
$h^2_f$	0.10	0.00	0.17	0.00	0.00	0.07
Sitio 2 Acaxochitlán						
Mejorados						
$h^2_i$	0.24(0.05)	0.29(0.01)	0.18(0.20)	0.28(0.05)	0.34(0.01)	0.21(0.11)
$h^2_f$	0.20	0.23	0.15	0.22	0.26	0.18
Selectos						
$h^2_i$	0.35(0.08)	0.37(0.01)	0.53(0.40)	0.25(0.05)	0.18(0.01)	0.34(0.15)
$h^2_f$	0.30	0.31	0.39	0.23	0.18	0.29

<sup>†</sup>Error estándar de  $h^2_i$  entre paréntesis.



**Cuadro 2.5.** Valores de heredabilidad a los 5 y 6 años de edad para el diámetro normal, altura total y volumen obtenidos del análisis conjunto de los dos sitios en un ensayo de progenies de *Pinus patula* en general y por grupo de familias (M y S).

	DN5	ALT5	VOL5	DN6	ALT6	VOL6
$h^2_i$ todas las familias	0.01	0.07	0.02	0.06	0.04	0.02
$h^2_i$ M	0.01	0.13	0.03	0.13	0.14	0.09
$h^2_i$ S	0.01	0.01	0.01	0.00	0.00	0.00

#### 2.5.4. Coeficientes de variación genética (CVg) y ambiental (CVa)

Los valores de los CVg por sitio y por grupo de familias fueron bajos para todas las características analizadas, por lo que la relación CVg/CVa fue menor o igual a 0.36 en todos los casos (Cuadro 2.6). Vencovsky (1987) afirma que se obtiene mayor ganancia por selección cuando la relación CVg/CVa tiende a uno, ya que en estos casos la variación genética es alta. En forma conjunta, el CVg y la heredabilidad dan una idea del potencial para efectuar una posible selección en los genotipos analizados. Las familias del grupo M tuvieron una mayor relación CVg/CVa que las del grupo S.

**Cuadro 2.6.** Coeficientes de variación genética (CVg) y ambiental (CVa) y relación CVg/CVa por sitio y por grupo de familias, para las diferentes características de crecimiento evaluadas.

	DN5	ALT5	VOL5	DN6	ALT6	VOL6
<b>Sitio 1 (Aquixtla)</b>						
General (72 familias)						
CVg	7.78	3.77	18.45	6.21	3.95	14.86
CVa	38.85	24.16	87.36	32.96	22.73	71.28
CVg/CVa	0.20	0.16	0.21	0.19	0.17	0.21
Grupo M						
CVg	8.91	6.57	18.86	8.79	6.52	17.47
CVa	38.26	23.15	88.59	31.77	22.17	70.60
CVg/CVa	0.23	0.28	0.21	0.28	0.29	0.25
Grupo S						
CVg	5.32	0.95	15.96	2.75	1.86	9.57
CVa	39.50	23.93	83.61	34.17	22.70	71.58
CVg/CVa	0.13	0.04	0.19	0.08	0.08	0.13
<b>Sitio 2 (Acaxochitlán)</b>						
General (72 familias)						
CVg	9.02	6.95	21.79	7.84	6.51	17.61
CVa	27.29	19.70	59.82	24.98	21.17	55.13
CVg/CVa	0.33	0.35	0.36	0.31	0.31	0.32
Grupo M						
CVg	9.13	7.29	18.09	9.19	8.41	18.33
CVa	31.03	22.35	71.99	28.46	23.35	66.72
CVg/CVa	0.29	0.33	0.25	0.32	0.36	0.27
Grupo S						
CVg	8.80	6.59	23.29	6.62	4.93	16.56
CVa	51.90	30.88	301.16	38.33	30.66	174.86
CVg/CVa	0.17	0.21	0.08	0.17	0.16	0.09

### **2.5.5. Correlaciones genéticas y correlaciones fenotípicas entre características a los 5 y 6 años de edad de los árboles**

Las correlaciones genéticas ( $r_g$ ) estimadas entre las características de crecimiento para el sitio 1 fueron positivas, oscilando entre 0.80 y 1.0. Las correlaciones fenotípicas ( $r_p$ ) variaron desde 0.76 hasta 0.94. Para el sitio 2, las  $r_g$  fluctuaron entre 0.87 y 1.0 y las  $r_p$  oscilaron entre 0.82 y 0.95 (Cuadro 2.7).

El comportamiento de  $r_g$  y  $r_p$  fue similar en ambos sitios; en todos los casos, al realizar la selección de un carácter sería afectado de manera positiva el comportamiento de otro carácter. El alto valor de la  $r_g$  estimada entre todas las características se puede atribuir a genes comunes que influyen en ambas características (Falconer y Mackay, 1996). En *P. patula* se encontraron valores de  $r_g \geq 0.89$  y  $r_p \geq 0.78$  para diámetro, altura y volumen en plantaciones con seis años de edad (Valencia y Vargas, 2001). Al igual que en el trabajo de Farfán *et al.* (2002) en *P. ayacahuite* Ehren. ex Schltdl. var. *ayacahuite*, se puede usar el diámetro normal para mejorar tanto la altura como el volumen, incluso un año antes, debido a los valores altos de la  $r_g$ . Las correlaciones ( $r_g$  y  $r_p$ ) entre las características entre las dos edades son cercanas a 1 (Cuadro 7). Esto es, al seleccionar un carácter a los cinco años, también se selecciona alta y positivamente a los seis años, por lo que es posible acortar el tiempo para la selección de las mejores familias. La correlación fenotípica señala que la combinación de correlaciones debidas a efectos genéticos y ambientales comunes es alta.

**Cuadro 2.7.** Correlaciones genéticas (izquierda de la diagonal, con error estándar entre paréntesis) y correlaciones fenotípicas (derecha de la diagonal), entre las características de crecimiento en un ensayo de progenies de *Pinus patula*.

Características	DN5	ALT5	VOL5	DN6	ALT6	VOL6
<b>Sitio 1 (Aquixtla)</b>						
DN5		0.90	0.93	0.93	0.82	0.91
ALT5	0.96 (0.008)		0.83	0.90	0.86	0.84
VOL5	0.97 (0.030)	0.98 (0.010)		0.84	0.76	0.94
DN6	1.00 (0.000)	0.94 (0.009)	1.00 (0.000)		0.85	0.92
ALT6	0.83 (0.024)	0.92 (0.005)	0.83 (0.074)	0.80 (0.023)		0.84
VOL6	0.97 (0.021)	0.94 (0.020)	1.00 (0.000)	0.98 (0.010)	0.83 (0.044)	
<b>Sitio 2 (Acaxochitlán)</b>						
DN5		0.88	0.94	0.95	0.82	0.90
ALT5	0.99 (0.001)		0.88	0.90	0.94	0.90
VOL5	0.98 (0.007)	0.97 (0.005)		0.88	0.83	0.95
DN6	0.98 (0.002)	0.96 (0.002)	0.92 (0.023)		0.86	0.93
ALT6	0.89 (0.006)	0.97 (0.001)	0.87 (0.015)	0.92 (0.007)		0.91
VOL6	0.99 (0.002)	1.00 (0.000)	0.97 (0.015)	0.97 (0.005)	0.98 (0.001)	

### 2.5.6. Correlaciones genéticas Tipo B

En estos casos la interacción genotipo x ambiente resultó alta, ya que los valores de  $r_B$  en ambas edades son bajos (White *et al.*, 2007). El grupo de familias M presentó, para todas las características, valores de correlación genética tipo B mayores que los obtenidos para las familias del grupo S (Cuadro 2.8). Lo anterior implica que el grupo M es una colección de familias más estables al plantarse en diferentes ambientes, lo que puede ser producto del mejoramiento. El grupo de progenies de las familias S, es propiamente de materiales silvestres, muy inestables al cambiar las condiciones ambientales, por lo que la determinación de los genotipos superiores para plantaciones comerciales dependerá del ambiente de establecimiento. Al respecto, Molina (1992) menciona que el común denominador de todos los programas de evaluación de genotipos, es su comportamiento inestable en los diferentes ambientes de prueba; en ocasiones los resultados llegan a discrepar tanto de lo esperado, que tomar una decisión con respecto a cuál es el mejor genotipo, resulta difícil y dudoso.

**Cuadro 2.8.** Correlaciones Tipo B usando todas las familias de *Pinus patula* y por grupo de familias a los cinco y seis años de edad, en dos ensayos de progenies, y en dos ambientes contrastantes.

	DN5	ALT5	VOL5	DN6	ALT6	VOL6
Todas las familias	0.08	0.40	0.16	0.41	0.26	0.19
Familias grupo M	0.08	0.59	0.18	0.70	0.56	0.52
Familias grupo S	0.04	0.06	0.04	0.00	0.00	0.00

M: Familias mejoradas, S: familias selectas.

### **2.5.7. Implicaciones para el mejoramiento genético**

La utilización de dos ambientes disímolos para establecer los ensayos de evaluación, provocó una fuerte interacción genotipo x ambiente en el comportamiento de los grupos de familias M y S. La mortalidad de los árboles, la heterogeneidad del ambiente y el manejo relativamente diferente en los dos sitios contribuyeron a ello. También influyó que las familias en ambos grupos (M y S) vienen de una región geográfica muy amplia y diversa (Cuadro 1) y es evidente que tienen un comportamiento muy distinto en estos ambientes contrastantes.

El sitio de menor elevación (Acaxochitlán, Hgo.) presentó un ambiente más favorable, con mayor supervivencia y con el doble de crecimiento en volumen del fuste a los seis años que en el sitio de mayor elevación (Aquixtla, Pue.). En Aquixtla, la mortalidad entre grupos de familia fue similar, cercana a 11%, mientras que en Acaxochitlán el grupo M tuvo tres veces más fallas que el grupo de progenies de las familias S.

El grupo de familias M resultó ser una colección de familias más estable al plantarse en diferentes ambientes, lo que puede ser producto del ciclo de mejoramiento al que estuvieron expuestas. En cambio, el grupo de familias S consta de materiales silvestres, inestables al modificar las condiciones ambientales del sitio de evaluación, por lo que la determinación de los genotipos superiores a ser usados como fuentes de germoplasma en plantaciones comerciales, dependerá del ambiente de establecimiento.

## 2.6. CONCLUSIONES

En el sitio de baja elevación, la supervivencia y crecimiento de los árboles fueron superiores a los del sitio a mayor altitud. En el primero hubo mayor mortalidad por heladas y menor crecimiento en el material mejorado que en las familias selectas. En el sitio alto la mortalidad fue similar, pero el grupo mejorado presentó crecimiento superior en diámetro normal, altura y volumen.

Las heredabilidades individual y de medias de familia para las variables de crecimiento en el sitio elevado, son menores comparadas con las del sitio bajo, lo cual en parte es atribuible a la diferencia en el manejo cultural dentro de cada plantación.

Los materiales mejorados presentaron mayores valores de heredabilidad en el sitio alto. Caso contrario, en el sitio bajo, pues a pesar del menor número de repeticiones, se determinaron valores de moderados a altos en ambos grupos de mejora.

El comportamiento de  $r_g$  y  $r_p$  en ambos sitios fue similar, con valores adecuados para tomar el mejor criterio de selección por pares de características. En todos los casos, al realizar la selección de un carácter se afectaría de forma positiva el comportamiento de otro carácter. Las correlaciones tipo B ( $r_B$ ) fueron bajas, lo cual implica que existe interacción genotipo x ambiente, siendo más interactivas las familias selectas. La inconsistencia en los resultados puede tener su origen en el grado de diversidad de los genotipos y/o de los ambientes.

## 2.7. LITERATURA CITADA

- CAMCORE (Programa Internacional para el Mejoramiento Genético y Conservación de Especies Forestales). 2007. Boletín de noticias CAMCORE para México y Centroamérica. Vol. 1 No. 2. Raleigh. 6 p.
- Carrillo A., F., M. Acosta M., G. Tenorio G. y F. Becerra L. 2004. Tabla de volumen para *Pinus patula* Schl. et Cham. en el estado de Hidalgo. Folleto Técnico No. 2. Centro de Investigación Regional del Centro, Campo Experimental Pachuca. INIFAP. 16 p.
- Dickerson, G.E. 1969. Techniques for research in quantitative animal genetics. *In: Techniques and Procedures in Animal Science Research*. Am. Soc. Anim. Res. Albany. pp: 36-79.
- Dvorak, W.S., G.R. Hodge, J.E. Kietzka, F. Malan, L.F. Osorio and T.K. Stanger. 2000. *Pinus patula*. *In: Conservation & Testing of Subtropical & Subtropical Forest Tree Species by the CAMCORE Cooperative College of Natural Resources, NCSU*. Raleigh. pp: 149-173.
- Falconer, D.S. and T.F.C. Mackay. 1996. *Introduction to Quantitative Genetics*. Addison Wesley Longman Limited, Edinburgh. 484 p.
- Farfán V., E. G, J. Jasso M., J. López Upton, J.J. Vargas Hernández y C. Ramírez Herrera. 2002. Parámetro genéticos y eficiencia de la selección temprana en *Pinus ayacahuite* Ehren. var. *ayacahuite*. *Revista Fitotécnica Mexicana* 25: 239-246.
- Gómez C., M., J. J. Vargas Hernández, J. Jasso M., A. Velázquez M. y C. Rodríguez F. 1998. Patrón de crecimiento anual del brote terminal en árboles jóvenes de *Pinus patula*. *Agrociencia* 32:357-364.
- Hodge, G. R., P. W. Volker, B. M. Potts and J. U. Owen. 1996. A comparison of genetics information from open-pollinated and control-pollinated progeny tests in two eucalypt species. *Theoretical and Applied Genetics* 92: 53-63.



- INEGI. 2009. Prontuario de información geográfica municipal de los Estados Unidos Mexicanos. Acaxochitlán, Hidalgo. Clave geoestadística 13002. s.p.
- Kariuki, J.G. 1998. Provenance and family-within-provenance variation in *Pinus patula*, *Pinus patula* subespecie *tecunumanii* and *Pinus oocarpa* planted at Turbo, Kenya. *Forest Ecology and Management* 107: 127-133.
- Ladrach, W.E. and C. Lambeth. 1991. Growth and heritability estimates for a seven-year-old open-pollinated *Pinus patula* progeny test in Colombia. *Silvae Genetica* 40: 169-173.
- López U., J., T.L. White and D.A. Huber. 1999. Effects of site and intensive culture on family differences in early growth and rust incidence of loblolly and slash pine. *Silvae Genetica* 48: 284-293.
- Molina G., J.D. 1992. Introducción a la Genética de Poblaciones y Cuantitativa (Algunas Implicaciones en Genotecnia). AGT Editor. México. 349 p.
- Namkoong, G. 1966. Inbreeding effects on estimation of genetic additive variance. *Forest Science* 12: 8-13.
- Rebolledo C., V., L. del C. Mendizábal H. y J. Alba L. 1999. Evaluación de familias comunes de *Pinus patula* Schl. et Cham. en dos ensayos de progenie. *Foresta Veracruzana* 1: 19-24.
- Sáenz R., C., H. Nienstaedt and J.J. Vargas H. 1994. Performance of *Pinus patula* genotypes selected in South Africa and growing in their native Mexican environment. *Silvae Genetica* 43: 73-81.
- SAS (Statistical Analysis System) Institute. 2002. SAS/STAT Computer Software. Release 9.00. SAS Institute Inc. Cary.
- Squillace, A.E. 1974. Average genetic correlations among offspring from open-pollinated forest trees. *Silvae Genetica* 23:149-156.

- Stanfield, W.D. 1971. Genética. Teoría y 400 problemas resueltos. Serie Schaum. McGraw Hill. México. 405 p.
- Valencia M., S. y J.J. Vargas H. 2001. Correlaciones genéticas y selección simultanea del crecimiento y densidad de la madera en *Pinus patula*. *Agrociencia* 35: 109-120.
- Valencia M., S., C. Ramírez H. y J.J. Vargas H. 1995. Comparación de diferentes métodos de selección en un ensayo de progenie de polinización libre de *Pinus patula*. *In: Avances en la producción de semillas forestales en América Latina: memoria del simposio*. R. Salazar (ed.) Managua. pp: 63-69.
- Vargas H., J.J. and W.T. Adams. 1992. Age-age correlation and early selection for wood density in young coastal Douglas-Fir. *Forest Science* 38:467-477.
- Vencovsky, R. 1987. Herança quantitativa. *In: E. Paterniani (ed.). Melhoramento e Produção do Milho no Brasil*. Edição da Fundação Cargill. Instituto de Genética, Esc. Sup. Agricultura Luis de Queiroz, Universidad de São Paulo. Piracicaba. São Paulo. pp: 122-199.
- White, T.L. and G.R. Hodge. 1989. Predicting Breeding Values with Applications in Forest Tree Improvement. Kluwer Academic Publishers. The Netherlands. 368 p.
- White, T. L., W.T. Adams and D.B. Neale. 2007. *Forest Genetics*. CABI. Oxfordshire. 682 p.
- Wormald, P. J. 1975. *Pinus patula*. Tropical Forestry Paper No. 7. Tropical Forestry Institute. Commonwealth Forestry Institute. Oxford, England. 172 p.
- Wright, J. A., L. F. Osorio and W. S. Dvorak. 1995. Recent developments in a tree improvement program with *Pinus patula* in Colombia. *Forest Ecology and Management* 72: 229-234.
- Yamada, Y. 1962. Genotype by environment interaction and genetic correlation of the same trait under different environments. *Japan Journal of Genetics* 37: 498-509.

## CAPITULO III

### 3.1. RESUMEN

#### **EFFECTOS GENÉTICOS Y AMBIENTALES EN EL PATRÓN DE CRECIMIENTO ESTACIONAL DEL BROTE TERMINAL EN ÁRBOLES JÓVENES DE *PINUS PATULA***

*Pinus patula* presenta un patrón de crecimiento anual del brote relativamente complejo, el cual podría influir en su productividad y adaptación en sitios fuera de su área de distribución natural. Con el objetivo analizar la variación genética y ambiental en los componentes del crecimiento y en el patrón de crecimiento del brote terminal en un ensayo de progenie de *P. patula*, establecido en Aquixtla, Puebla ( $S_1$ ) y en Acaxochitlán, Hidalgo ( $S_2$ ), se midió el alargamiento periódico del brote en individuos de 5 años de edad de 20 familias con diferente nivel de mejoramiento (grupos M y S). El análisis conjunto para ambos sitios mostró diferencias significativas ( $p < 0.10$ ) entre sitios en el crecimiento total, longitud promedio de los ciclos, longitud de los ciclos 2, 3 y 4 y en las fechas de inicio, terminación y duración del periodo de crecimiento. Aunque se formó el mismo número de ciclos (4) en los dos sitios, el crecimiento total y la longitud promedio de ciclos fue 10 % mayor en  $S_2$ , con una mayor duración del periodo de crecimiento. No se encontraron diferencias entre los grupos de mejora (M y S) en ninguno de los componentes del crecimiento ni en la fenología del brote, pero si en la interacción Sitio x Grupos, entre las familias dentro de Grupos y en su interacción con sitios. En  $S_1$  los dos grupos tuvieron un porcentaje similar de árboles en cada ciclo de crecimiento, pero en  $S_2$ , el grupo M tuvo un menor porcentaje de árboles que formaron los ciclos 3, 4 y 5. La curva de crecimiento del brote ajustada a los grados-día en cada sitio muestra que el patrón estacional de crecimiento de los árboles difiere entre sitios y entre grupos de mejora, factor importante para la adaptación de las familias a estos ambientes, en el contexto del cambio climático.

**Palabras claves:** *Pinus patula*, fenología, patrón de crecimiento, periodo de crecimiento, grados-día.

### 3.2. SUMMARY

#### GENETIC AND ENVIRONMENTAL EFFECTS ON THE PATTERN OF SEASONAL GROWTH OF THE TERMINAL SHOOT IN YOUNG TREES OF *PINUS PATULA*

*Pinus patula* has a relatively complex pattern of annual shoot growth, which could influence its productivity and adaptability in areas outside its natural range. To analyze the genetic and environmental variation in shoot growth components and pattern of terminal shoot growth in a progeny trial of *P. patula*, established in Aquixtla, Puebla (S<sub>1</sub>) and Acaxochitlán, Hidalgo (S<sub>2</sub>), periodic shoot elongation was measured in 5-year-old trees of 20 families with different levels of genetic improvement (groups M and S). A joint analysis for both sites showed significant differences ( $p < 0.10$ ) between sites in total shoot growth, average length of growth cycles, length of cycles 2, 3 and 4, starting and ending dates, and length of the growing period. Although the same number of cycles (4) was formed at both sites, total shoot growth and average length of cycles was 10 % higher in S<sub>2</sub>, with a longer growing period. No differences were found between family groups (M and S) in any of the components of growth or shoot phenology, but Site x Groups interaction, families within groups and their interaction with Sites were significant for some growth components. At S<sub>1</sub> both family groups had similar percentages of trees for each growth cycle, but in S<sub>2</sub>, the M group had a lower proportion of trees forming cycles 3, 4 and 5. The shoot growth curve fitted to the accumulated degree-days at each site shows that the seasonal pattern of tree growth differs between sites and between family groups, an important factor for adaptation of families to these environments, in the context of climate change.

**Key Word:** *Pinus patula*, phenology, growth pattern, growth periods, degree days.

### 3.3. INTRODUCCIÓN

*Pinus patula* Schiede ex Schltdl. et. Cham presenta un patrón de crecimiento anual del brote relativamente complejo, conformado por varios ciclos o flujos sucesivos de crecimiento, lo cual tiene implicaciones importantes sobre su productividad y capacidad de adaptación a diferentes condiciones ambientales, especialmente cuando se establece en sitios fuera de su área de distribución natural (Gómez-Cárdenas *et al.*, 1998). El número y longitud de los ciclos de crecimiento (componentes del crecimiento en altura) determinan de manera directa la tasa de crecimiento en altura y la calidad de la madera del árbol, al afectar la cantidad y distribución del área foliar y la cantidad, número y distribución de las ramas en el tronco de árboles jóvenes (Daniel *et al.*, 1982, Zobel y Buijtenen, 1989).

Por otro lado, dado que el periodo de crecimiento estacional del brote depende de que existan condiciones ambientales favorables en el sitio (Gómez-Cárdenas *et al.*, 1998, Salazar *et al.*, 1999), individuos con un mayor número de ciclos de crecimiento podrían requerir un periodo más prolongado con ambiente favorable para evitar daños por heladas o por otros factores adversos. Por ejemplo, Gómez-Cárdenas *et al.* (1998) reportan que *Pinus patula* presenta en promedio cuatro ciclos de crecimiento durante el año, con una longitud promedio de 25 cm por ciclo y un crecimiento total del brote de 108 cm con una estación de crecimiento de más de 300 días en el sitio de Lomas de san Juan, Texcoco, Edo. de México. Por su parte, Salazar *et al.* (1999) mencionan hasta seis ciclos de crecimiento por año en la misma especie con una longitud total de 192 cm al año, en Patoltecoya, Puebla, donde existen condiciones ambientales más favorables.

El entendimiento de los efectos genéticos y ambientales en el crecimiento estacional del brote terminal de *Pinus patula* tiene una gran relevancia en la actualidad, debido a la importancia

actual y potencial desde el punto de vista económico, ecológico y social de la especie. En años recientes se han iniciado varios programas de mejoramiento genético de la especie con el fin de seleccionar individuos con una mayor productividad y calidad de madera para el establecimiento de plantaciones comerciales en áreas extensas, dentro y fuera de su área de distribución natural (Dvorak *et al.*, 2000; CAMCORE, 2007). Sin embargo, si al seleccionar individuos con mayor velocidad de crecimiento se alteran de manera inadvertida los componentes de crecimiento del brote (el número y longitud promedio de los ciclos) o la duración del periodo estacional de crecimiento, es posible que se tengan efectos negativos sobre la adaptación de los árboles al sitio de plantación (Cannell *et al.*, 1976; Kremer y Larson, 1983; Bongarten, 1986). También es posible que individuos seleccionados por su mayor capacidad de crecimiento en un ambiente determinado, no presenten los resultados esperados al plantarse en otro ambiente donde existen condiciones ambientales diferentes, debido a que no tienen la suficiente plasticidad fenotípica para ajustar su patrón estacional a las nuevas condiciones y circunstancias del ambiente (Spurr y Barnes, 1980; Via y Lande, 1985).

Esta problemática es aún más importante si se consideran los pronósticos de cambio climático para los próximos 50 años (Gómez-Mendoza y Arriaga, 2007); es posible que las poblaciones mejoradas de *Pinus patula* presenten problemas de adaptación a los nuevos ciclos estacionales de temperatura y precipitación, por lo antes referido, van Zonneveld *et al.* (2009) mencionan que es probable que el cambio climático tenga un impacto negativo sobre las poblaciones naturales de *P. patula*. La temperatura es un factor ambiental importante que influye sobre la actividad de los meristemos apicales, los cuales cesan su actividad cuando la temperatura desciende a 5 o 6 °C (Tennent, 1986; Burdon, 1994). En el caso de *Pinus radiata* D.

Don, los árboles modifican su patrón estacional de crecimiento a medida que varían las condiciones de temperatura en diferentes sitios (Burdon, 1994).

Con base en lo anterior el presente trabajo analiza la variación genética y ambiental en los componentes del crecimiento y en el patrón de crecimiento estacional del brote terminal en un ensayo de progenie de *Pinus patula* establecido en dos sitios con diferentes condiciones ambientales; en el ensayo de progenie se incluyó un grupo de familias mejoradas en Sudáfrica y reintroducidas en México (grupo M) y un grupo de familias derivadas de individuos seleccionados por su fenotipo en su ambiente natural (grupo S). Los objetivos específicos del estudio fueron (a) estimar el efecto genético y ambiental en los componentes de crecimiento, la fenología y el periodo estacional de crecimiento del brote terminal en familias de *Pinus patula* con diferente nivel de mejoramiento, y (b) analizar la relación entre el patrón de crecimiento de las familias de *P. patula* y los grados-día acumulados en los sitios de plantación.

### **3.4. MATERIALES Y MÉTODOS**

#### **3.4.1. Localización del ensayo**

El ensayo de evaluación se estableció en agosto de 2004, en dos sitios forestales con ambiente contrastante, con un espaciamiento de 2.5 x 2.5 m. El sitio 1 se localiza en Aquixtla, Puebla (19°43'11.9" N 97°59'21.3" O, a 2,930 m s.n.m.), y el sitio 2 en Acaxochitlán, Hidalgo (20°09'52" N, 98°13'31" O, a 2,260 m s.n.m.). En el ensayo se incluyeron 72 familias de polinización libre de *Pinus patula* con 17 repeticiones en el sitio 1 y 11 repeticiones en el sitio 2 (Salaya *et al.*, 2012). Con base en la altura alcanzada a los cuatro años de edad, se eligieron 20 de las 72 familias presentes en cada sitio de plantación, 10 del grupo de familias mejoradas (M) y 10 de las no mejoradas (S). En cada sitio se eligieron las cinco familias de cada grupo con mayor (R) y menor (L) crecimiento con base en la altura total alcanzada a los cuatro años de edad; las familias con mayor crecimiento en el sitio 1 no necesariamente fueron las mismas en el sitio 2. En cada sitio se midieron los árboles de las 20 familias elegidas en seis repeticiones, sin embargo, debido a la mortandad de algunos de ellos, solo se midieron 105 árboles en el sitio 1 y 99 en el sitio 2.

#### **3.4.2. Variables evaluadas en campo**

La duración, fenología y componentes del crecimiento del brote se evaluó durante el periodo del 04 de marzo al 23 de diciembre de 2009. Al inicio del periodo de estudio se marco con pintura cada árbol en los últimos tres ciclos de crecimiento del brote terminal, iniciados en el año previo; sin embargo, en el presente trabajo solo se consideraron las mediciones a partir del primer ciclo que inició en el año 2009. Cada dos semanas se hicieron mediciones del número de ciclos de crecimiento presentes y de la longitud de cada ciclo en el brote terminal; con los datos de cada ciclo se obtuvo la longitud acumulada.



### 3.4.3. Análisis de los componentes de crecimiento del brote

Con los datos obtenidos en campo, al final del periodo de crecimiento se determinó para cada árbol el número (NC) y longitud total de cada uno de los ciclos de crecimiento o interverticilos (LC) desarrollados en el año y el crecimiento total del brote (CTB). Al dividir el crecimiento total entre el número de ciclos se obtuvo, la longitud promedio de los ciclos (LPC) de crecimiento en cada árbol. A partir de los ciclos de crecimiento desarrollados se estimó el número de árboles que desarrolló cada uno de los ciclos.

Para evaluar las posibles diferencias entre sitios y grupos de familias en los componentes del crecimiento del brote terminal, se realizó un análisis de la varianza en conjunto de los dos sitios, considerando los dos grupos de mejora (M y S); en el análisis estadístico no se incluyeron los datos de 18 árboles que tuvieron un crecimiento total del brote menor de 50 cm, por considerarlo anómalo o atípico. Para ello se utilizó el procedimiento MIXED (SAS Institute, 2002), con los datos de campo obtenidos para cada uno de los árboles; en los casos en que se encontró significancia estadística ( $p < 0.10$ ) se realizó la prueba de comparación de medias de Tukey (SAS Institute, 2002). En el análisis conjunto de los datos se utilizó el modelo lineal descrito en un estudio previo (Salaya *et al.*, 2012) en donde los sitios y los grupos de mejora (M y S) se consideraron de efectos fijos y las familias estuvieron anidadas dentro de cada grupo de mejora. Para el análisis por sitio se utilizó un modelo donde se consideró el efecto de los grupos de familias según velocidad de crecimiento (L y R) dentro de los grupos de mejora, de la siguiente manera:

$$Y_{ijk} = \mu + \beta_i + G_j + V_{k(j)} + \epsilon_{ijk} \quad (3.1)$$

En donde,  $Y_{ijk}$  representa el valor observado del árbol del  $k$ -ésimo grupo de familia (L y R) dentro del  $j$ -ésimo grupo de mejora en el  $i$ -ésimo bloque;  $\mu$  es la media poblacional,  $\beta_i$  es el

efecto aleatorio del  $i$ -ésimo bloque  $\sim \text{NID}(0, \sigma_b^2)$ ,  $G_j$  es el efecto fijo del  $j$ -ésimo grupo de mejora (M y S);  $V_{k(j)}$  es el efecto fijo del  $k$ -ésimo grupo de familia (L y R) anidada en el  $j$ -ésimo grupo de mejora  $\sim \text{NID}(0, \sigma_{k(j)}^2)$ , y  $\varepsilon_{ijk}$  es el error experimental asociado a dichos efectos  $\sim \text{NID}(0, \sigma_e^2)$ ,  $i=1, 2, \dots, 6$  bloques;  $j= 1, 2$  Grupo M y S; y  $k= 1, 2$  Grupo L y R.

Para determinar diferencias entre sitios y entre grupos de mejora (M y S) y de velocidad de crecimiento (L y R) en la proporción de árboles que desarrollaron cada uno de los ciclos de crecimiento se realizó una prueba de contingencia (prueba de  $X^2$ ) con la variable “número de árboles” que desarrolló cada uno de los ciclos (ciclos 1, 2, 3, 4 y 5).

#### 3.4.4. Análisis de la fenología y duración del periodo de crecimiento del brote

Con los datos periódicos de crecimiento del brote durante el periodo de marzo a diciembre de 2009 y mediante el procedimiento PROC MODEL de SAS se ajustó la curva de crecimiento del brote para cada uno de los árboles medidos, con el modelo logístico:

$$Y = \alpha / (1 + e^{-\beta_0 - \beta_1 d}) \quad (3.2)$$

La ecuación 3.2. se puede conceptualizar como derivación de la ecuación de Chapman Richards (Campbell y Madden, 1990), donde  $Y$  es la longitud acumulada del brote (cm) en el tiempo  $d$ ;  $\alpha$  es la asíntota, es decir el valor de la función cuando  $d$  tiende a infinito;  $e$  es la base del logaritmo natural;  $\beta_0$  está relacionado con la ordenada al origen;  $\beta_1$  es un parámetro tasa relacionado con el valor de  $d$  en el punto de inflexión de la curva y  $d$  es el tiempo acumulado (en días julianos). En cierta manera  $\alpha$ ,  $\beta_0$  y  $\beta_1$ , son parámetros de la función o constantes desconocidas que deben estimarse, para lo cual se utilizó el procedimiento MODEL (SAS Institute, 2002).

A partir del modelo logístico anterior y despejando  $d$  que es el tiempo (en días julianos) y con los datos de la curva de crecimiento ajustada para cada árbol se estimó la fecha de inicio y de

terminación del crecimiento y la duración (en número de días) del periodo de crecimiento del brote para cada árbol (ecuación 3.3). La fecha de inicio del crecimiento del brote en el árbol, en días julianos, se definió como el momento en que el brote terminal alcanzó 1 cm de longitud acumulada y la fecha de terminación del crecimiento como el momento en que se alcanzó la longitud total del brote menos 1 cm; la duración del periodo de crecimiento del brote se estimó como la diferencia entre las fechas de inicio y terminación del crecimiento.

$$d = -\beta_0 + \ln(\alpha / Y - 1) / \beta_1 \quad (3.3)$$

donde  $\ln$  es logaritmo natural; los demás parámetros ya fueron descritos en la ecuación 3.2

Los datos de inicio, terminación y duración del periodo de crecimiento estimados para cada árbol fueron sometidos a un análisis de varianza con modelos estadísticos similares a los descritos para los componentes del crecimiento del brote, con el procedimiento MIXED (SAS Institute, 2002) para determinar los posibles efectos del sitio y de los grupos de familias sobre estas características del patrón de crecimiento estacional del brote terminal en los árboles de *Pinus patula*.

#### **3.4.5. Relación entre la curva de crecimiento del brote y los grados-día**

Con el propósito de evaluar la relación entre el patrón estacional de crecimiento del brote terminal en los árboles y las condiciones de temperatura en cada uno de los sitios de plantación, se ajustó la curva de crecimiento promedio de los árboles por sitio y por grupo de familias con el modelo logístico descrito previamente (ecuación 3.2), utilizando los datos de la longitud acumulada del brote para cada uno de los árboles en el grupo (i.e., en cada sitio o grupo de familias) y el número de grados-día acumulados en cada fecha de medición a lo largo del periodo de evaluación del crecimiento. Para el ajuste del modelo logístico se utilizó el procedimiento MODEL (SAS Institute, 2002).

Para el cálculo de los grados-día se utilizó la información de temperaturas máximas y mínimas diarias registradas durante todo el periodo de medición del crecimiento del brote; en el sitio 1 los datos de temperatura se obtuvieron de una estación meteorológica automatizada, localizada a menos de 2 km en línea recta del sitio de plantación y en el sitio 2 se obtuvo de la estación meteorológica “Acaxochitlán” (20° 07’ 40.86” N, 98° 07’ 34.71” O), perteneciente a la red de estaciones agroclimáticas del INIFAP-Hidalgo. Para el cálculo de los grados-día (GD) se usó el método propuesto por Arnold (1960), conocido como el método simple, del rectángulo o de la media, cuya fórmula es la siguiente:

$$GD = (T_{\text{máx}} + T_{\text{mín}}) / 2 - T_{\text{umbral}} \quad (3.4)$$

Donde  $T_{\text{máx}}$  = Temperatura máxima diaria (°C),  $T_{\text{mín}}$  = Temperatura mínima diaria (°C), y  $T_{\text{umbral}}$  = Temperatura umbral inferior (°C). Con base en propuestas de trabajos previos, para la  $T_{\text{umbral}}$  se probaron valores de 0°, 4° (Gómez, 1993) y 6°C (Gillespie, 1992); sin embargo, al momento de ajustar las curvas de crecimiento se obtuvo un mayor coeficiente de determinación ( $R^2=0.99$ ) cuando se usó una  $T_{\text{umbral}}$  de 6°C, por lo que se utilizó esta temperatura en el análisis final de los resultados. Los grados-día acumulados a lo largo del periodo de crecimiento se obtuvieron con la sumatoria de los grados-día diarios a partir de la fecha de inicio del periodo de evaluación hasta el final de cada periodo de medición; cuando en un día particular se obtuvieron grados-día negativos con la ecuación 3.4, se consideraron como cero.

A partir de la curva de crecimiento promedio ajustada con el modelo logístico para cada sitio y grupo de familias se estimaron los GD acumulados al momento de inicio y terminación del crecimiento del brote y el total de GD entre estos dos eventos, de manera similar a como se determinó la fecha de inicio, terminación y duración del periodo de crecimiento del brote, con el propósito de comparar el patrón de crecimiento entre los sitios y grupos de familias.

### 3.5 RESULTADOS Y DISCUSIÓN

#### 3.5.1. Variación genética y ambiental en los componentes del crecimiento del brote de *Pinus patula*

El análisis de varianza conjunto (ambos sitios) mostro diferencias significativas ( $p < 0.10$ ) entre sitios para las variables de crecimiento total del brote, longitud promedio de los ciclos de crecimiento y longitud de los ciclos 2, 3 y 4 (Cuadro 3.1); debido al reducido número de árboles que presentaron un quinto ciclo de crecimiento, no se detectaron diferencias significativas en esta variable. Bridgwater *et al.* (1985) también encontró un efecto importante del sitio en los componentes del crecimiento del brote en familias seleccionadas de *Pinus taeda* L. Esto implica que las condiciones ambientales del sitio pueden modificar el patrón estacional de crecimiento del brote terminal en diferentes especies de *Pinus*.

Sin embargo, a nivel de los grupos de mejora (M y S) no se encontraron diferencias significativas en ninguno de los componentes del crecimiento del brote. La interacción Sitio X mejora fue significativa solo para la longitud del ciclo 1. A nivel de las familias dentro de cada grupo de mejora sólo se encontró una variación significativa en el crecimiento total del brote y en la longitud promedio de los ciclos de crecimiento, y la interacción Sitio x Fam(Mejora) solo fue significativa para la longitud del ciclo 2 (Cuadro 3.1).

Los resultados del análisis de varianza muestran una amplia variación ambiental entre sitios; de acuerdo con la comparación de los valores promedio, los árboles en el sitio 2 crecieron 10 % más que en el sitio 1 (115 vs. 103 cm) y, dado que presentaron el mismo número de ciclos de crecimiento, la longitud promedio de estos fue 10 % mayor en el sitio 2 (Cuadro 3.2). Sin embargo, la contribución de los ciclos de crecimiento a la longitud total del brote fue diferente de un sitio a otro, ya que la longitud del segundo ciclo fue 16 % mayor en el sitio 1, mientras que la

longitud de los ciclos 3 y 4 fueron 27 y 59 % mayores en el sitio 2, respectivamente (Cuadro 3.2). Estos datos muestran un patrón de crecimiento del brote distinto en los dos sitios de evaluación, ya que mientras en el sitio 1 el segundo ciclo de crecimiento es el componente más importante (39 % de la longitud total), en el sitio 2 los tres primeros ciclos de crecimiento tienen una contribución similar (28-29 %); además, mientras que el cuarto ciclo contribuye con cerca del 20 % en el sitio 2, en el sitio 1 contribuye con solo 9 % a la longitud total del brote.

**Cuadro 3. 1.** Significancia estadística (p) del efecto de sitios, del mejoramiento genético y de la velocidad de crecimiento en los componentes de crecimiento del brote terminal en árboles jóvenes de *Pinus patula*, obtenida del análisis conjunto y por cada sitio de los datos.

Fuente de variación	CTB <sup>†</sup>	LPC	NC	LC1	LC2	LC3	LC4	LC5
a) Análisis conjunto (ambos sitios):								
Sitio	0.08	0.07	0.52	0.70	0.01	0.02	0.001	0.22
Mejora	0.50	0.90	0.20	0.90	0.82	0.84	0.52	0.95
Sitio x Mejora	0.15	0.26	0.25	0.10	0.49	0.45	0.74	0.68
Fam(Mejora)	0.05	0.10	0.21	0.37	0.34	0.74	0.65	0.33
Sitio x Fam (Mejora)	0.39	0.68	0.14	0.90	0.07	0.56	0.16	0.50
b) Sitio 1:								
Altura inicial (cov) <sup>‡</sup>	0.02	0.05	-	-	-	-	-	-
Mejora	0.72	0.62	0.89	0.20	0.68	0.53	0.82	-
VCr (Mejora)	0.89	0.94	0.91	0.26	0.93	0.98	0.75	-
c) Sitio 2:								
Altura inicial (cov)	0.001	0.001	-	-	-	-	-	-
Mejora	0.43	0.75	0.20	0.38	0.68	0.48	0.32	0.77
VCr (Mejora)	0.87	0.48	0.48	0.18	0.65	0.23	0.11	0.60

<sup>†</sup>CTB es el crecimiento total del brote; LPC es la longitud promedio de los ciclos; NC es número de ciclos; LC1, LC2, LC3, LC4 y LC5 son longitud de los ciclos 1, 2, 3, 4 y 5, respectivamente

<sup>‡</sup>Para las variables CTB y LPC se incluyó en el modelo la altura inicial del árbol como covariable.

**Cuadro 3.2.** Valores promedio por sitio y por grupo de familias (M y S) de los componentes de crecimiento del brote terminal en árboles jóvenes de *Pinus patula*, obtenidos del análisis conjunto de los datos.

Variable	Sitios		Grupos	
	1	2	M	S
Crecimiento total del brote (cm)	103.06 b <sup>†</sup>	114.99 a	106.89 a	111.16 a
Longitud promedio de ciclos (cm)	26.95 b	29.25 a	28.17 a	28.03 a
Número de ciclos	4.0 a	4.0 a	4.0 a	4.0 a
Longitud del ciclo 1 (cm)	32.06 a	31.38 a	31.62 a	31.83 a
Longitud del ciclo 2 (cm)	40.32 a	33.89 b	37.36 a	36.85 a
Longitud del ciclo 3 (cm)	24.20 b	33.05 a	28.34 a	28.91 a
Longitud del ciclo 4 (cm)	8.77 b	21.28 a	14.16 a	15.88 a

<sup>†</sup>Valores promedio seguidos por la misma letra no son estadísticamente diferentes entre sitios o entre grupos de mejora (  $p < 0.10$ ).

El crecimiento total del brote y el número de ciclos en ambos sitios es similar al crecimiento anual y número de ciclos reportados por Gómez-Cárdenas *et al.* (1998) para la misma especie en Lomas de San Juan, Edo. de México, pero mucho menor al crecimiento anual y número de ciclos reportados para *Pinus patula* en Patoltecoya, Puebla por Salazar *et al.* (1999), un sitio localizado a menor elevación y con mayor precipitación anual que en los otros sitios; aunque en esos estudios no se utilizó el mismo germoplasma, de cualquier manera refleja la amplitud del potencial de crecimiento de la especie en sitios con ambientes más favorables. Al igual que en el caso de *P. patula* descrito en el párrafo anterior, Bridgwater *et al.* (1985) mostraron que la contribución de los ciclos de crecimiento a la longitud total del brote cambia de un sitio a otro, como un mecanismo de ajuste en respuesta a la fluctuación en las condiciones ambientales a lo largo de la estación de crecimiento en cada sitio.

A diferencia de lo que ocurrió a nivel de sitios, y a pesar de la variación significativa entre familias en la longitud total del brote y longitud promedio de los ciclos, no se encontraron diferencias significativas entre los grupos de mejora en ninguno de los componentes de

crecimiento del brote terminal, lo cual indica que la selección realizada al grupo M y S de familias no ha modificado de manera sustantiva el patrón de crecimiento del brote terminal de los árboles. Estos resultados coinciden con los encontrados en el capítulo anterior (II), ya que tampoco se encontraron diferencias significativas entre estos grupos (M y S) en el crecimiento total en altura y en diámetro a los 4 años de edad, en el análisis conjunto de los dos sitios. Sin embargo, el análisis de varianza detectó un comportamiento distinto de los grupos de mejora en los sitios de evaluación en la longitud del ciclo 1 (Cuadro 3.1). Un análisis de esta interacción muestra que en el sitio 1, la longitud del ciclo 1 en las familias del grupo M fue 10 % mayor que en las del grupo S, mientras que en el sitio 2 fue al contrario. Estos resultados corroboran el sentido de la interacción detectada en el capítulo anterior en la altura promedio de los árboles de estos grupos de familias en ambos sitios; al parecer el mayor crecimiento de las familias del grupo M en el sitio 1 está asociado a un mayor crecimiento del brote al principio de la estación de crecimiento en ese sitio.

Al comparar la proporción de árboles que formaron cada uno de los ciclos se muestra con mayor claridad el efecto de los sitios y de la interacción sitios x grupo de mejora en el patrón de crecimiento del brote (Cuadro 3.3). Por ejemplo, en el sitio 2 una menor proporción de árboles formaron el ciclo 3 (92 vs. 99 %) con respecto al sitio 1, pero al final de la estación de crecimiento una mayor proporción de árboles formaron el quinto ciclo de crecimiento en el sitio 2 (27 vs. 17 %). De la misma manera, en el sitio 1 los dos grupos de familias (M y S) tuvieron proporciones similares de árboles para cada ciclo de crecimiento, pero en el sitio 2, el grupo M de manera consistente tuvo una menor proporción de árboles que formaron los ciclos 3, 4 y 5.



**Cuadro 3.3.** Número de árboles (y porcentaje del total) por sitio y por grupo de familias (M y S) que presentaron cada uno de los ciclos de crecimiento del brote terminal en el año 2009 y prueba de contingencia ( $X^2$ ) para evaluar diferencias entre sitios y entre grupos de mejora en cada sitio

Sitio	Grupo	Ciclo de crecimiento				
		1	2	3	4	5
1	Mejorado	54 (100) a	54 (100) a	53 (98) a	35 (65) a	7 (13) a
1	Selecto	51 (100) a	51 (100) a	51 (100) a	34 (67) a	11 (22) a
	Prueba de $X^2$	- <sup>†</sup>	-	0.95	0.04	1.37
	Prob	-	-	0.33	0.84	0.24
	Total sitio 1	105 (100) a	105 (100) a	104 (99) b	69 (66) a	18 (17) b
2	Mejorado	47 (100) a	47 (100) a	41 (87) a	25 (53) a	7 (15) a
2	Selecto	52 (100) a	52 (100) a	50 (96) b	36 (69) b	20 (38) b
	Prueba de $X^2$	-	-	2.64	2.69	6.91
	Prob	-	-	0.10	0.10	0.01
	Total sitio 2	99 (100) a	99 (100) a	91 (92) a	61 (62) a	27 (27) a
	Prueba de $X^2$ (sitios)	-	-	6.140	0.37	3.041
	Prob (sitios)	-	-	0.01	0.54	0.08

<sup>†</sup>En los ciclos 1 y 2 no se realizó la prueba de  $X^2$  dado que todos los árboles del ensayo presentaron estos ciclos. Valores promedio seguidos por la misma letra no son estadísticamente diferentes entre sitios o entre grupos de mejora ( $p < 0.10$ ).

### 3.5.2. Variación genética y ambiental en la fenología y duración del periodo estacional de crecimiento del brote

El análisis de varianza conjunto (Cuadro 3.4) mostró diferencias estadísticas entre sitios para las fechas de inicio y terminación del crecimiento y para la longitud del periodo de crecimiento. A nivel de los grupos de mejora, y de la interacción sitio x mejora no hubo diferencias significativas en ninguna de las variables. Sin embargo, a nivel de fam (Mejora) y de la interacción de sitio x fam (Mejora) se encontró un efecto significativo en la fecha de inicio del crecimiento del brote, lo cual implica que dentro de cada grupo de familias hay una variación significativa en la fecha de inicio del crecimiento y que esta variación está modulada por las condiciones ambientales del sitio de evaluación. En cambio, en los análisis por sitio individual

no se encontró un efecto significativo de los grupos de familias a nivel de mejora o velocidad de crecimiento en ninguna de las variables (Cuadro 3.4).

**Cuadro 3.4.** Significancia estadística (p) del efecto de sitios, del mejoramiento genético y de la velocidad de crecimiento en las fechas de inicio, terminación y duración del periodo de crecimiento en árboles jóvenes de *Pinus patula*, obtenida del análisis conjunto y por cada sitio de los datos.

Fuente de variación	Inicio	Terminación	Duración
a) Análisis conjunto (ambos sitios):			
Sitio	0.01	0.01	0.02
Mejora	0.44	0.29	0.36
Sitio x Mejora	0.36	0.51	0.44
Fam(Mejora)	0.04	0.57	0.70
Sitio x Fam (Mejora)	0.01	0.13	0.11
b) Sitio 1:			
Mejora	0.92	0.21	0.21
VCre <sup>†</sup> (Mejora)	0.56	0.34	0.37
c) Sitio 2:			
Mejora	0.51	0.80	0.94
VCre (Mejora)	0.36	0.90	0.77

<sup>†</sup> Vcre: Velocidad de crecimiento, L o R.

Los árboles en el sitio 1 iniciaron, en promedio, el crecimiento del brote terminal a principios del mes de marzo (día 69 del año), dos días antes que los árboles en el sitio 2 y terminaron a mediados de noviembre (día 321 del año), 18 días antes que los árboles del sitio 2, por lo que tuvieron un periodo de crecimiento 16 días más corto (Cuadro 3.5). Estas diferencias en el patrón estacional de crecimiento entre sitios parecen lógicas, ya que el sitio 1, en Aquixtla, se encuentra a mayor elevación, presenta menor temperatura promedio y un periodo libre de heladas de menor duración. En diferentes estudios con otras especies se ha demostrado que el periodo de crecimiento del brote generalmente inicia más temprano en sitios de mayor elevación o con sequía en el verano, pero también termina con mayor anticipación y tiene una menor

duración total, como un mecanismo para escapar a las condiciones adversas al final de la estación de crecimiento (Emmingham, 1977; Kuser, y Ching, 1980; Bridgwater *et al.*, 1985; Royce y Barbour 2001)

**Cuadro 3.5.** Valores promedio por sitio y por grupo de familias (M y S) de las fechas de inicio y terminación, y duración del periodo de crecimiento del brote terminal en árboles jóvenes de *Pinus patula*, obtenidos del análisis conjunto de los datos.

Variable	Sitios		Grupos	
	1	2	M	S
Inicio del crecimiento del brote (días julianos)	69 b <sup>†</sup>	71 a	70 a	70 a
Terminación del crecimiento del brote (días julianos)	321 b	339 a	332a	328 a
Duración del periodo de crecimiento (No. de días)	252 b	268 a	262 a	258 a

<sup>†</sup> Valores promedio seguidos por la misma letra no son estadísticamente diferentes entre sitios o entre grupos de mejora ( $p < 0.10$ ).

A nivel de los grupos de mejora (M y S) los valores promedio de las fechas de inicio y terminación y la duración total del periodo de crecimiento son muy similares, sin diferencias significativas entre los grupos (Cuadro 3.5), lo que indica que la selección realizada en el grupo de familias M para aumentar la productividad no ha alterado de manera significativa el patrón estacional de crecimiento de los árboles, con respecto al grupo de familias no mejoradas. Alía *et al.* (1999) tampoco encontraron diferencias significativas en las fechas de inicio, terminación y duración del periodo de crecimiento del brote en 22 procedencias de *Pinus sylvestris* L. en España; sin embargo, Bridgwater *et al.* (1985) e Isik *et al.* (2002), reportan diferencias genéticas importantes tanto en la fenología del crecimiento del brote terminal como en la contribución relativa de los ciclos de crecimiento en familias de *P. taeda* y *P. brutia* Tenore, respectivamente.

En el presente estudio, los datos muestran que dentro de cada grupo de familias (M y S) hay una variación significativa en la fecha de inicio del crecimiento (Cuadro 3.4); por ejemplo,

en el promedio de los sitios la fecha de inicio del crecimiento en el grupo M ocurrió entre los días 67 y 76, y en el grupo S entre los días 68 y 71. En el Sitio 1 (Aquixtla) la variación en la fecha de inicio del crecimiento dentro de los Grupos M y S fue similar (3-4 días de variación), mientras que en el sitio 2 (Acaxochitlán), el grupo M tuvo una mayor variación en la fecha de inicio (17 días) que el grupo S (6 días).

### **3.5.3. Relación entre el crecimiento del brote principal y los grados-día**

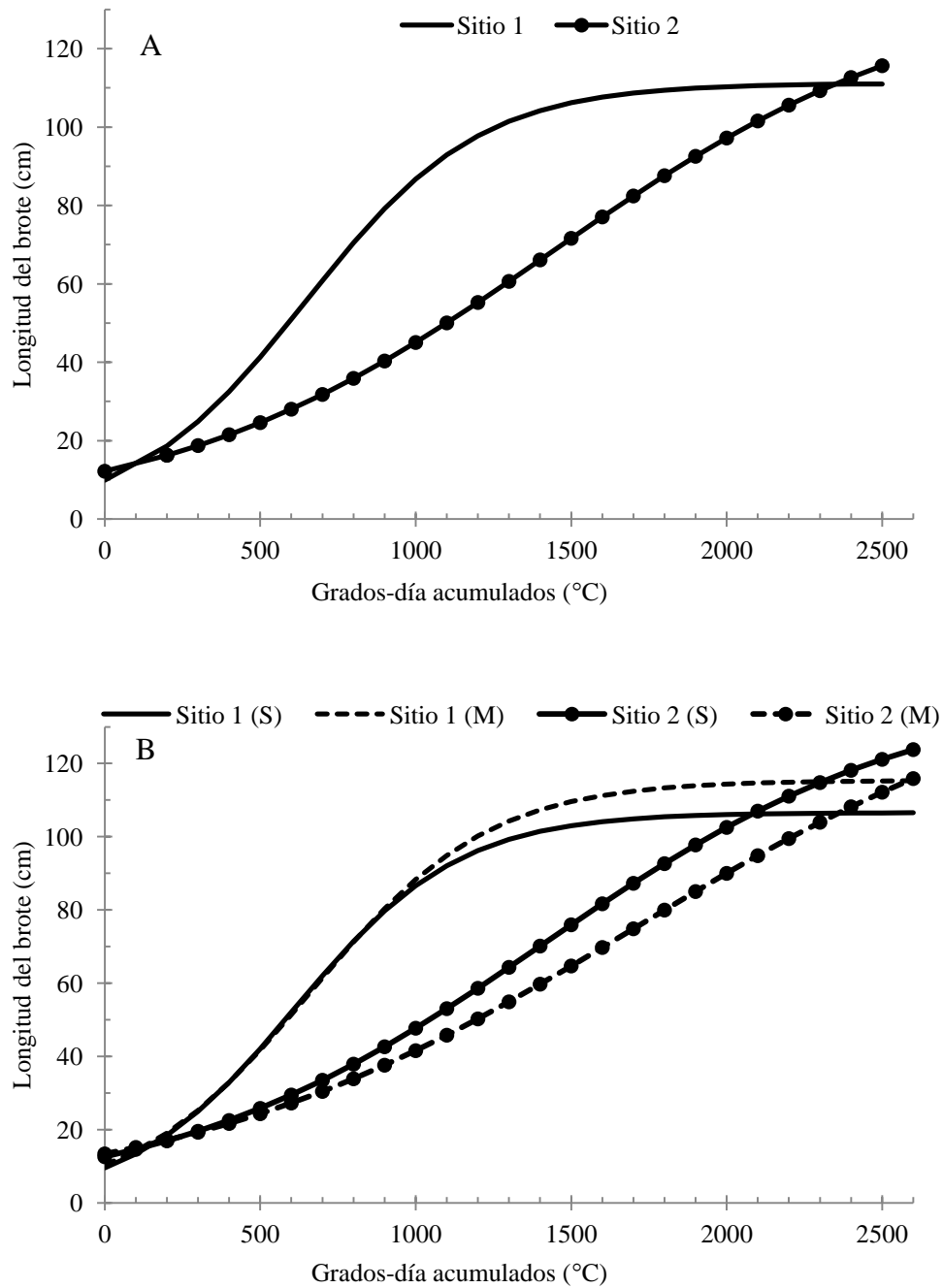
El modelo logístico permitió estimar una curva de crecimiento del brote basada en los grados-día acumulados en cada sitio con un coeficiente de determinación elevado ( $R^2 \geq 0.98$ ). A pesar de que el periodo de crecimiento del brote en los dos sitios difirió en solo dos semanas (Cuadro 3.5), hay una diferencia notoria entre ellos en la curva de crecimiento del brote con respecto a los grados-día acumulados en cada sitio (Figura 3.1a). En el sitio 1 se presenta una mayor sensibilidad a la temperatura ya que prácticamente se alcanza una longitud del brote similar a la del sitio 2 con casi 1000 grados-día menos; esto hace que en el momento en que en ambos sitios se hayan acumulado 1000 grados-día, en el sitio 1 el brote ya ha crecido más del 80 % de su longitud total mientras que en el sitio 2 apenas alcanza el 40 % de su longitud final. Las diferencias entre sitios en la curva de crecimiento del brote con respecto a los grados-día muestra la plasticidad fenotípica de la especie en esta característica para ajustar su periodo de crecimiento a las condiciones ambientales (temperatura y precipitación) del sitio de establecimiento.

En este caso, durante el periodo de marzo a junio, en la etapa temprana de la estación de crecimiento del 2009 en el sitio 1 se registró una precipitación 30 % mayor en el sitio 1 con respecto al sitio 2 (datos no presentados), lo cual podría explicar la mayor tasa de crecimiento por unidad de grado-día observada en ese periodo y la mayor importancia relativa de los dos primeros ciclos de crecimiento a la longitud total del brote en ese sitio (Cuadro 3.2). El

crecimiento más pausado en el sitio 2, que se prolonga con una tasa relativamente uniforme casi hasta el final del periodo de crecimiento repercute en el hecho de que en este sitio los tres primeros ciclos tienen prácticamente la misma longitud promedio y los ciclos tardíos (3 y 4) tienen una mayor contribución relativa a la longitud total del brote que en el sitio 1 (Cuadro 3.2).

El hecho de que en el sitio 1 se hayan acumulado menos grados-día durante el periodo de medición implica que en este sitio se tuvieron temperaturas más bajas, lo cual contribuye a explicar la suspensión más temprana y la menor duración del periodo de crecimiento del brote, descritas en párrafos anteriores.

Sin embargo, esta es una visión simple de los factores que influyen en el patrón de crecimiento estacional del brote terminal en una especie con crecimiento fijo-libre relativamente complejo como *Pinus patula*, que incluye varios ciclos de crecimiento en un año (Gómez-Cárdenas *et al.*, 1998); en estudios con otras especies de *Pinus* que tienen un patrón de crecimiento fijo más simple (un solo ciclo por año) se ha demostrado que el crecimiento del brote en un año particular depende de los grados-día acumulados en periodos (meses) específicos del año anterior y del año en curso, ya que la temperatura afecta directamente la formación de unidades de crecimiento en la yema terminal y la elongación posterior del brote (Juntala, 1986; Salminen y Jalkanen, 2005; Guan *et al.*, 2009).



**Figura 3.1.** Curvas de crecimiento promedio del brote (a) en los sitios 1 y 2 y (b) de los grupos de familias mejoradas (M) y selectas (S) en cada sitio con respecto a los grados-día (base 6 °C) acumulados a lo largo del periodo de marzo a diciembre de 2009 en árboles jóvenes de *Pinus patula*.

Las curvas de crecimiento del brote de los grupos de familias (M y S) con respecto a los grados-día acumulados en cada sitio (Figura 3.1b) también ayudan a explicar la interacción genotipo-ambiente en el patrón de crecimiento estacional del brote descrita anteriormente, ya que se observa que en el sitio 1 los dos grupos tienen una tasa de crecimiento similar durante la primera parte de la estación de crecimiento y en la parte final el grupo S reduce su crecimiento antes que el grupo M, mientras que en el sitio 2 las familias del grupo S presentan una mayor tasa de crecimiento desde las primeras etapas de la estación de crecimiento. Esto indica que las familias del grupo M, seleccionadas en un ambiente exótico tienen mayor capacidad para crecer en sitios templados y húmedos (menor temperatura y mayor precipitación, especialmente en la primera mitad de la estación de crecimiento), mientras que las familias del grupo S, derivadas de germoplasma recolectado en poblaciones naturales México, crecen mejor en ambientes con mayor temperatura y una estación de crecimiento más prolongada. Esta diferente respuesta de los dos grupos de familia a las condiciones del sitio, relacionadas con el ritmo estacional de la temperatura y precipitación puede ser importante en el contexto del cambio climático que se espera a corto y mediano plazo.

### 3.6 CONCLUSIONES

Los resultados del estudio muestran que en esta población de *Pinus patula* las condiciones ambientales de los sitios tuvieron un mayor impacto que el nivel de mejoramiento sobre los componentes y la fenología del crecimiento del brote terminal. Se encontraron diferencias significativas entre sitios para la mayoría de las variables relacionadas con el crecimiento estacional del brote, lo cual implica que las condiciones ambientales del sitio influyen de manera determinante sobre la productividad y la capacidad de adaptación de los árboles.

En cambio, en la mayoría de los componentes del crecimiento del brote no se encontraron diferencias importantes entre los grupos de mejora, lo cual indica que en esta población la selección realizada en un ambiente exótico no ha modificado de manera importante el patrón estacional de crecimiento del brote. Sin embargo, dentro de los grupos de familias existe una variación genética significativa en algunos de los componentes del crecimiento, que se expresó de manera diferente en los dos sitios de evaluación, y que contribuye a explicar la interacción genotipo X ambiente en el crecimiento en altura de los árboles detectada en estudios previos.

La curva de crecimiento del brote con respecto a los grados-día acumulados en cada sitio muestra diferencias notorias entre sitios y entre grupos de mejora en el patrón de crecimiento estacional y en la sensibilidad de los árboles a la temperatura en estos ambientes. Esta plasticidad fenotípica de la especie para ajustar la tasa y el periodo de crecimiento del brote terminal a las condiciones ambientales (temperatura y precipitación) del sitio puede ser un factor importante de adaptación en el contexto del cambio climático.



### 3.7 LITERATURA CITADA

- Alía, R., R. Galera, D. Agúndez y J. de Miguel. 1999. Variación genética y recomendación de uso de procedencias de *Pinus sylvestris* en España. Aplicación de los modelos diagnosis e idoneidad. *Investigación Agraria: Sistemas y Recursos Forestales* 1: 207-224.
- Arnold, C.Y. 1960. Maximun-minimun temperatures as a basis for computing heat units. *American Society for Horticultural Science* 76: 682-692.
- Bongarten, B.C. 1986. Relationships between shoot length and shoot length components in Douglas-fir and blue spruce. *Canadian Journal of Forest Research* 16: 373-380.
- Bridgwater, F.E., C.G. Williams and R.G. Campell. 1985. Pattern of leader elongation in loblolly pine families. *Forest Science* 31:933-944.
- Burdon, R.D. 1994. Annual growth stages for height and diameter in *Pinus radiata*. *New Zealand Journal of Forestry Science* 24 (1): 11-17.
- CAMCORE (Programa Internacional para el Mejoramiento Genético y Conservación de Especies Forestales). 2007. Boletín de noticias CAMCORE para México y Centroamérica. Vol. 1 No. 2. Raleigh, N.C. 6 p.
- Campbell, C.L. and L.V. Madden. 1990. *Introduction to Disease Epidemiology*. A Wiley Interscience publication, New York. pp: 161-102.
- Cannell, M.G.R., S. Thompson and R. Lines. 1976. An analysis of inherent differences in shoot growth within some north temperate conifers. *In: M.G.R. Cannell and F.T. Last (eds.). Tree Physiology and Yield Improvement*. Academic Press, London. pp: 173-205.
- Daniel, P.W., U.E. Helms y F.S. Baker. 1982. *Principios de Silvicultura*. Editorial McGraw-Hill. México. 492 p.

- Dvorak, W.S., G.R. Hodge, J.E. Kietzka, F. Malan, L.F. Osorio and T.K. Stanger. 2000. *Pinus patula*. In: Conservation & Testing of Subtropical & Subtropical Forest Tree Species by the CAMCORE Cooperative College of Natural Resources, NCSU. Raleigh. pp: 149-173.
- Emmingham, W.H. 1977. Comparison of selected Douglas-fir seed sources for cambial and leader growth patterns in four western Oregon environments. *Canadian Journal of Forest Research* 7: 154–164.
- Gillespie, A.J.R. 1992. *Pinus patula* Schiede and Deppe. Patula pine. SO-ITF-SM-54. U.S.D.A., Forest Service, Southern Forest Experiment Station. New Orleans, LA. 5 p.
- Gómez C., M. 1993. Patrón de elongación del brote terminal en familias de *Pinus patula* Schl. et Cham. contrastantes en potencial de crecimiento en altura. Tesis de Maestría. Colegio de Postgraduados. 106 p.
- Gómez-Cárdenas, M., J.J. Vargas H., J. Jasso M., A. Velázquez M. y C. Rodríguez F. 1998. Patrón de crecimiento anual del brote terminal en árboles jóvenes de *Pinus patula*. *Agrociencia* 32 (4) 357-363.
- Gómez-Mendoza, L. and L. Arriaga. 2007. Modeling the effect of climate change on the distribution of oak and pine species of Mexico. *Conservation Biology* 21(6):1545-1555.
- Guan, B.T., C.H. Chung, S.T. Lin and C.W. Shen. 2009. Quantifying height growth and monthly growing degree days relationship of plantation Taiwan spruce. *Forest Ecology and Management* 257:2270–2276.
- Isik, F., K. Isik, T. Yildirim and B. Li. 2002. Annual shoot growth components related to growth of *Pinus brutia*. *Tree Physiology* 22: 51–58.
- Juntala, G. 1986. Effect of temperature on shoot growth in northern provenances of *Pinus sylvestris* L. *Tree Physiology* 1:185-192.

- Kremer, A. and P.R. Larson. 1983. Genetic control of height growth components in jack pine seedlings. *Forest Science* 29: 451-464.
- Kuser, J.E. and Ching, KK. 1980. Provenance variation in phenology and cold hardiness of western hemlock seedlings. *Forest Science* 26(3): 463–470.
- Royce, E.B. and M.G. Barbour. 2001. Mediterranean climate effects. II. Conifer growth phenology across a Sierra Nevada ecotone. *American Journal of Botany* 88: 919–932.
- Salminen, H. and R. Jalkanen. 2005. Modelling the effects of temperature on height increment of Scots pine at high latitudes. *Silva Fenn.* 39: 497-508
- SAS (Statistical Analysis System) Institute. 2002. SAS/STAT Computer Software. Release 9.00. SAS Institute Inc. Cary.
- Spurr, S.H. and B.V. Barnes. 1980. *Forest Ecology*. John Wiley & Sons, New York. 687 p
- Salaya-Domínguez, J.M., J. López-Upton y J.J.Vargas-Hernández. 2012. Variación genética y ambiental en dos ensayos de progenies de *Pinus patula*. *Agrociencia* 46: 519-534.
- Salazar G., J.G., J.J. Vargas H., J. Jasso M., J.D. Molina G., C. Ramírez H. y J. López U. 1999. Variación en el patrón de crecimiento en altura de cuatro especies de *Pinus* en edades tempranas. *Madera y Bosques* 5(2):19-34.
- Tennent, R.B. 1986. Intra-annual growth of young *Pinus radiata* in New Zealand. *New Zealand Journal of Forestry Science* 16(2):166-175.
- van Zonneveld, M., A. Jarvis, W. Dvorak, G. Lema and C. Leibing. 2009. Climate change impact predictions on *Pinus patula* and *Pinus tecunumanii* populations in Mexico and Central America. *Forest Ecology and Management* 257(7): 1566–1576.
- Via, S. and R. Lande. 1985. Genotype – environment interaction and the evolution of plasticity. *Evolution* 39: 505-522.

Zobel, B.J. and J.P. Buijtenen. 1989. Wood Variation its Causes and Control. Springer-Verlag, Berlin. 363 p.

## CAPITULO IV

### 4.1. RESUMEN

#### ESTADO NUTRIMENTAL EN UN ENSAYO DE PROGENIES DE FAMILIAS DE *PINUS PATULA*

En especies forestales mexicanas no existen estudios que relacionen el estado nutricional de los árboles y su tasa de crecimiento con progenies de diferentes niveles de mejora genética. Se evalúa la relación entre el estado nutricional y el crecimiento de nueve familias de *P. patula* Schiede ex Schltdl. et. Cham. establecidas en Aquixtla, Puebla (S1) y en Acaxochitlán, Hidalgo (S2), cinco familias mejoradas (M) y cuatro sin mejora (S). Se encontraron diferencias significativas entre los suelos de los dos sitios en pH, CE, M.O., N, CIC, Ca y P. Las concentraciones y el contenido de Mn en el follaje y el incremento en diámetro normal (IDN) y en altura (IA) resultaron diferentes entre sitios. Las familias M y S difirieron significativamente en las concentraciones de N y P, en los contenidos de Mg y B y en materia seca de 150 acículas (MS). Las correlaciones entre las concentraciones y las variables de crecimiento sólo fueron significativas en S1 para P y K con MS, el Mg con IA y el Mn con IDN. En cuanto a grupo de mejora sólo Zn se correlaciona con IA en el grupo M. En S2 se encontró correlaciones negativas entre la concentración de K y MS, entre Mg y B con IA, Los contenidos nutrimentales de la mayoría de los nutrimentos con MS mostraron significancia por sitio y por grupo de mejora con correlaciones positivas. El diagnóstico nutricional mediante análisis de vectores muestra deficiencias de N y K en S2, y que las familias tienen diferencias en su capacidad para absorber los nutrimentos del suelo. Aparte del nivel de fertilidad del sitio, la adaptación de las familias a las condiciones ambientales del sitio influye en la capacidad de las familias para utilizar los nutrimentos del suelo.

**Palabras clave:** diagnóstico nutricional, familias, mejoramiento, *Pinus patula*, vectores.

## 4.2. SUMMARY

### NUTRITIONAL STATUS IN A FAMILY PROGENY TEST OF *PINUS PATULA*

There are not studies in Mexican forest species linking the nutritional status of the trees and their progeny growth rate with different levels of genetic improvement. Relationship between nutritional status and the growth of nine families of *P. patula* Schiede ex Schltdl. et Cham. Aquixtla established, Puebla (S1) and Acaxochitlán, Hidalgo (S2), five families improved (M) and four without improvement (S). Significant differences between the soils of the two sites were detected in pH, EC, MO, N, CEC, Ca and P. The concentrations of Mn content in the foliage, normal diameter increment (NDI) and height increment (HI) were different between sites. M and S families differ significantly in concentrations of N and P, the contents of Mg and B and dry matter of 150 needles (DM). The correlations between the concentrations and growth variables only show significance in S1 for P and K with MS, Mg with HI and Mn with NDI. Regarding breeding group Zn was correlated with HI in the M group. In S2 negative correlation between K concentration and DM, and between Mg and B with HI were detected. The nutritional content of the majority of the nutrients showed positive correlation with DM by site and by breeding group. The nutritional diagnosis using vector analysis shows deficiencies of N and K in S2, and that families have differences in their ability to absorb nutrients from the soil. Apart from the level of site fertility, family adaptation to environmental conditions of the site influences the ability of families to use soil nutrients.

**Key Word:** nutritional diagnosis, families, *Pinus patula*, vectors.

### 4.3. INTRODUCCIÓN

En México se carece de antecedentes sobre requerimientos nutrimentales en las especies forestales. La falta de información dificulta el diagnóstico nutrimental y, en consecuencia, la puesta en marcha de programas de fertilización acordes con las especies y condiciones particulares del sitio, así como de estudios científicos de nutrición forestal. Resalta la necesidad de generar información o buscar procedimientos que permitan determinar los factores nutrimentales que limitan el crecimiento de los árboles (López y Estañol, 2006).

Las propiedades del suelo ejercen efectos importantes sobre la nutrición de los árboles forestales (Mengel y Kirkby, 1982), sobre todo en las primeras fases del establecimiento de una plantación, donde los suelos pueden presentar limitaciones nutricionales consecuencia de perturbaciones. Por ejemplo, en zonas de alta recurrencia de incendios forestales, las pérdidas de N por volatilización pueden producir deficiencias en este elemento (Brockley, 1995).

Uno de los sistemas más utilizados para el diagnóstico de deficiencias nutricionales y la elaboración de planes de fertilización es el análisis foliar (Bonneau, 1995; Lambert *et al.*, 1984). Sin embargo, el estudio de la concentración foliar de un determinado nutrimento no indica si este elemento está limitando el crecimiento o no (López y Estañol, 2006), por lo que es necesario integrar esta información con el crecimiento para poder hacer un diagnóstico sobre las condiciones nutrimentales, pues una concentración estable en un determinado nutrimento puede estar asociada con un cese en el crecimiento (Weetman, 1989; Imo y Timmer, 1997). La interpretación de resultados de concentración nutrimental y crecimiento puede producir diagnósticos equivocados si existen otros factores distintos a los elementos añadidos que estén limitando el crecimiento de la vegetación. Más aún, el estudio de la concentración de un elemento no informa sobre el equilibrio entre diferentes nutrientes (Bigg y Schalau, 1990).

Como consecuencia de la ocurrencia de diferentes tasas de crecimiento, aun en árboles de igual edad creciendo sobre un mismo tipo de suelo (Garten *et al.*, 1994; Li y Yang, 2004), se generan procesos de dilución y concentración nutrimental dentro de los tejidos de los árboles (Mengel y Kirkby, 1982). Esto indica que el crecimiento de los árboles depende de la concentración nutrimental en sus tejidos, (López y Estañol 2006). La interpretación de los resultados del análisis de tejido vegetal en especies forestales, ya sea con fines de diagnóstico nutrimental o investigación científica, suele ser una tarea complicada (Timmer, 1991; Lopez-Lopez *et al.*, 2009). En el ámbito forestal una de las técnicas de interpretación de análisis vegetal que ha tenido un creciente aceptación durante los últimos años, especialmente en el medio científico, es la denominada “análisis de vectores”, desarrollada por Timmer y Stone (1978). López-López y Alvarado-López (2010) proponen una clave para la interpretación de nomogramas que permiten generar una mayor discusión de los resultados del trabajo y, probablemente, producir resultados finales más confiables y provechosos. Por lo antes mencionado el presente trabajo pretende evaluar el estado nutrimental y su influencia sobre el crecimiento de progenies de *Pinus patula* establecidas en dos ensayos en sitios diferentes.



## 4.4. MATERIALES Y MÉTODOS

### 4.4.1. Localización del ensayo

El ensayo de evaluación se estableció en agosto de 2004 en dos sitios con ambiente contrastante, con un espaciado de 2.5 x 2.5 m. El sitio 1 se localiza en un predio forestal en Aquixtla, Puebla (19°43'11.9" N 97°59'21.3" O, a 2,930 m s.n.m.), y el sitio 2 en Acaxochitlán, Hidalgo (20°09'52" N, 98°13'31" O, a 2,200 m s.n.m.). En el ensayo se incluyeron 72 familias de polinización libre de *Pinus patula* con 17 repeticiones en el Sitio 1 y 11 repeticiones en el sitio 2 (Salaya *et al.*, 2012). Con base en la altura alcanzada a los cuatro años de edad, se eligieron nueve familias presentes en cada sitio de plantación, cuatro del grupo de familias mejoradas (M) y cinco de las no mejoradas (S). En cada sitio se eligieron las familias con mayor (R) y menor (L) crecimiento de cada grupo con base en la altura total alcanzada a los cuatro años de edad; las familias con mayor crecimiento en el sitio 1 no necesariamente fueron las mismas en el sitio 2. En cada sitio se midieron los árboles de las nueve familias elegidas en seis repeticiones, sin embargo, en los análisis se eliminaron árboles atípicos, con daños mecánicos o deformes, por lo que sólo se consideraron 45 árboles en el sitio 1 y 36 en el sitio 2 (Cuadro 4.1).

**Cuadro 4.1.** Altura media a los 5 años de edad, de las familias seleccionadas por sitio (Aquixtla S1 y Acaxochitlan S2), por grupo de mejora (mejorados: M y selectos: S) y por velocidad de crecimiento (Vcre): rápido (R) y lento (L).

AQUIXTLA			ACAXOCHITLAN			
Mejora	Fam	Altura (cm)	Mejora	Fam	Altura (cm)	Vcre
M	37	205	S	79	394	R
M	27	192	S	43	365	R
S	80	189	M	20	329	R
S	43	188	M	27	265	R
M	20	187	S	75	260	L
S	79	175	S	80	248	L
S	41	153	M	37	247	L
S	75	146	S	41	240	L
M	6	136	M	6	216	L

Las familias del grupo mejoradas fueron seleccionadas en Sudáfrica o en Colombia en ensayos de progenies y producto de cruzadas entre los materiales sobresalientes, mientras que las del grupo seleccionados fueron de árboles superiores en rodales naturales seleccionados por personal del Colegio de Postgraduados (Cuadro4.2).

**Cuadro 4.2.** Procedencias y datos geográficos de las familias plantadas en Acaxochitlán, Hidalgo y en Aquixtla, Puebla.

Procedencia	Estado	Mejorado en o Seleccionado por:	Familia	Latitud	Longitud	Altitud
				N	O	(m)
Corralitla	Veracruz	Sudáfrica	6	18° 38	97° 06	2115
Zacualtipán	Hidalgo	Sudáfrica	20	20° 39	98° 40	2090
La Cruz	Hidalgo	Colombia	27	20° 17	98° 18	2375
Acaxochitlán	Hidalgo	Colombia	37	20° 09	98° 10	2475
Acaxochitlán	Hidalgo	COLPOS	41,43,	20°06'	98°12'	2190
Zacualtipan	Hidalgo	COLPOS	75	20°39	98°40	2220
Estación Apulco	Hidalgo	COLPOS	79,80	20°24	98°22	2200

COLPOS. Colegio de Postgraduados.

#### **4.4.2. Variables evaluadas en campo**

En cada árbol se determinó: a) Incremento en diámetro del fuste (cm), restando al diámetro tomado a 1.3 m de altura (IDN) a la edad de cinco años (febrero del 2009) el diámetro a la edad de 4 años (febrero 2008). Los datos de diámetro normal se tomaron en febrero de cada año mediante el uso de un vernier digital. b) Incremento de altura (IA), restando la altura total del árbol del 2009 la altura total del 2008. Los datos de altura se tomaron en febrero de cada año mediante el uso de una vara graduada. c) Materia seca (MS) de 150 acículas, obtenida a partir de su peso seco. Las acículas se tomaron de la parte media de varias ramillas y d) Concentración nutrimental en 150 acículas (N, P, K, Ca, Mg, Fe, Cu, Zn, Mn Y B, y contenido nutrimental, obtenido multiplicando la concentración de cada nutrimento por la materia seca (MS) de 150 acículas.

#### **4.4.3. Muestreo de suelo, análisis físico-químico y análisis estadístico**

##### **Muestreo de suelo**

Para evaluar la concentración de nutrimentos en el suelo se utilizó un muestreo sistemático dentro de cada una de las plantaciones. De cada sitio se extrajeron tres muestras compuestas de suelo (0 a 20 cm de profundidad) con el uso de un muestreador de suelos (Forestry Suppliers- Bucket Auger) de 3 pulgadas de diámetro. Las muestras de suelo se tomaron en febrero de 2009, después de la toma de datos sobre crecimiento de las plantas.

##### **Análisis de laboratorio (físico químico)**

a) El pH del suelo se determinó con un potenciómetro usando una relación suelo-agua 1:2 en  $\text{CaCl}_2$  0.01M; b) Capacidad de intercambio catiónico (CIC) en  $(\text{cmol}(+)\text{kg}^{-1})$  por acetato de amonio 1N pH 7,0 centrifugación Kjeltex Auto Analyzer 1030; c) Materia orgánica (M.O.%) por la técnica Walkley y Black en  $\text{K}_2\text{Cr}_2\text{O}_7$  1N; y d) Nutrimentos en el suelo: El nitrógeno

inorgánico N ( $\text{mg kg}^{-1}$ ) fue extraído con cloruro de potasio 2N y determinado por arrastre de vapor Kjeltex Auto Analyzer 1030. El fósforo P ( $\text{mg kg}^{-1}$ ) por medio del método Olsen. El potasio K ( $\text{mg kg}^{-1}$ ) fue extraído en acetato de amonio 1N, el pH 7.0 relación 1:20 y determinado por espectrofotometría de emisión de flama. El calcio Ca ( $\text{mg kg}^{-1}$ ) y el magnesio Mg ( $\text{mg kg}^{-1}$ ) fueron extraídos en acetato de amonio 1N pH 7,0 relación 1:20 y determinados por espectrofotometría de absorción atómica. El hierro, zinc, manganeso y boro ( $\text{mg kg}^{-1}$ ) fueron extraídos con DTPA relación 1:4 y determinados por espectrofotometría de absorción atómica. Para la interpretación estadística de análisis de suelo en sitios, se realizó una prueba de T con  $\alpha \leq 0.05$ .

#### **4.4.4. Muestreo de follaje, análisis de laboratorio y análisis estadístico de las concentraciones foliares**

##### **Procedimiento de Muestreo de follaje**

Se seleccionaron nueve familias por ensayo, a las que se les tomó una muestra de follaje maduro del tercio superior de la copa de cada árbol, antes del inicio de crecimiento (invierno del año 2009). Las muestras se llevaron al laboratorio, donde se sometieron a lavado con agua corriente y agua destilada, y se colocaron en una estufa de secado a  $70^{\circ}\text{C}$  por 48 horas. Después se inició con el siguiente proceso:

##### **Análisis de laboratorio**

El N se determinó por el procedimiento micro-Kjeldahl. Para la determinación de los demás nutrientes, P, K, Ca, Mg, Fe, Zn, Mn y B, el material vegetal se sometió a una digestión húmeda y el extracto se procesó mediante espectroscopia de emisión atómica asociada a plasma acoplado inductivamente (ICP–AES) (Alcántar y Sandoval, 1999; Kalra y Maynard, 1991) para la cuantificación de los nutrientes.

## Análisis estadístico

Para evaluar las posibles diferencias entre sitios y grupos de familias en las variables de crecimiento: IDN, IA y MS, así como para las concentraciones y contenidos nutrimentales se realizó un análisis de la varianza en conjunto de los dos sitios, considerando los dos grupos de mejora (M y S). Para ello se utilizó el procedimiento MIXED de SAS. En los casos en que se encontró significancia estadística ( $p < 0.10$ ) se realizó posteriormente la prueba de comparación de medias de Tukey (SAS Institute, 2002). En el análisis conjunto de los datos se utilizó el modelo lineal descrito en un estudio previo (Salaya *et al.*, 2012), en donde los sitios y los grupos de mejora (M y S) se consideraron de efectos fijos y los grupos de familias según velocidad de crecimiento (L y R) estuvieron anidadas dentro de cada grupo de mejora. Para el análisis por sitio; en este caso se incluyó en el modelo el efecto de los grupos de familias según velocidad de crecimiento (L y R) dentro de los grupos de mejora, de la siguiente manera:

$$Y_{ijk} = \mu + \beta_i + G_j + V_{k(j)} + \epsilon_{ijk} \quad (3.1)$$

En donde,  $Y_{ijk}$  representa el valor observado del árbol del  $k$ -ésimo grupo de familias según la velocidad de crecimiento (L y R) dentro del  $j$ -ésimo grupo de mejora en el  $i$ -ésimo bloque.

donde  $\mu$  es la media poblacional,  $\beta_i$  es el efecto aleatorio del  $i$ -ésimo bloque  $\sim \text{NID}(0, \sigma_b^2)$ ;  $G_j$  es el efecto fijo del  $j$ -ésimo grupo de mejora (M y S);  $V_{k(j)}$  es el efecto fijo del  $k$ -ésimo grupo de familias según la velocidad de crecimiento (L y R) anidada en el  $j$ -ésimo grupo de mejora  $\sim \text{NID}(0, \sigma_{k(j)}^2)$ , y  $\epsilon_{ijk}$  es el error experimental asociado a dichos efectos  $\sim \text{NID}(0, \sigma_e^2)$ ,  $i=1, 2, \dots, 6$  bloques;  $j= 1, 2$  Grupo M y S; y  $k= 1, 2$  Grupo L y R.

Se realizó análisis de correlación de Pearson de las concentraciones nutrimentales y contenidos nutrimentales con las variables de crecimiento. Además de este análisis, las concentraciones foliares de nutrimentos (N, P y K) se interpretaron mediante los procedimientos

de análisis de vectores. Para el análisis de vectores se utilizó el procedimiento de Timmer y Stone (1978), detallado en Weetman (1989). Los nomogramas de vectores fueron elaborados de acuerdo con la versión propuesta por Valentine y Allen (1990).

## 4.5. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

### 4.5.1. Análisis de suelo

La prueba de t para la comparación de los análisis de suelos entre sitios experimentales indicó que existe diferencia significativa entre sitios para el pH, CE, M.O., N, CIC, Ca, y P. Sin embargo para el resto de los elementos no hubo diferencia significativa entre sitios. Los suelos en ambos sitios muestran altos contenidos de M.O., pH ácidos y niveles relativamente bajos de nutrimentos (Cuadro 4.3), siendo comparables a los obtenidos por Zas (2003), en dos plantaciones de 4 y 5 años de edad de *Pinus radiata* D. Don. Los pH fueron ácidos (S1 con 5.6 y S2 con 5.3), dichos valores están dentro del rango reportado por Vela (1980) quien menciona que el pH es hasta de 3.1 en el horizonte A y entre 4.8 a 6.0 en los demás horizontes. La CE, que mide el contenido de sales que tiene el agua, presenta valores entre 0.09 y 0.05 decisiemens por metro ( $\text{dsm}^{-1}$ ) para S1 y S2, respectivamente. Según Elías (2007) con un valor de CE menor a  $0.5 \text{ dsm}^{-1}$ , el agua está prácticamente libre de sales.

Con respecto a M.O. Rodríguez (2005) menciona que en los suelos de zonas áridas y temperaturas medias altas, el nivel de M.O. se estabiliza en 1 o 2%; en las zonas frías y húmedas el nivel de acumulación estabilizado es generalmente del 5 al 10 % incluso pudiendo ser mayor. Los valores de S1 y S2 cuyos valores de M.O. son mayores al 3%. La CIC es media en el S1, y baja en S2, menores a las reportadas para lugares nativos de *P. patula* como Zacapoaxtla, Puebla, con 20.56 meq/100 g, y en Zacualtipan, Hidalgo con 94.76 meq/100 g, consideradas como CIC altas, las que aumentan con la profundidad (Vela, 1980).

El P en el S1 es considerado muy bajo, pero en S2 es considerado medio, comparados con valores reportados para suelos por Etchevers y Padilla (2008), con base en los valores descritos

por los mismos autores se detalla que en el K es considerado bajo en ambos sitios, el Ca en S1 es alto y en S2 bajo, el Mg es considerado intermedio en S1 y bajo en S2.

Por su parte Liphadzi y Reinhardt (2006) en el campo Experimental de la universidad de Pretoria en Sudáfrica encontraron valores de pH y de macronutrientes en dos ensayos de *P. patula* semejantes a los del presente trabajo. De manera general las propiedades físicas y químicas fueron mejores en el S1, a excepción del Mn y el P que presentaron valores mayores en S2, aunque en el caso del Mn, tal diferencia no fue estadísticamente significativa. Por otro lado, aun cuando el S1 presentó mejores valores en cuanto a propiedades químicas, estos no se reflejaron en mejores tasas de crecimiento, ya que en S2 hubo incrementos de diámetro y altura significativamente superiores que en S1 (IDN e IA, 14 y 72 vs. 19 mm y 121 cm en los sitios S1 y S2, respectivamente. Las diferencias de crecimiento encontradas significan que los factores que limitan el crecimiento en los sitios experimentales, para la mayoría de familias son P, Mn y otros factores no nutrimentales tales como temperatura ambiente y precipitación factores que quizá tuvieron valores más apropiados para la familias evaluadas en S2 que en S1.

**Cuadro 4.3.** Análisis físico y químico de suelo (0-20 cm) en el ensayo de progenies de *Pinus patula* establecido en dos sitios, en Aquixtla, Puebla (S1) y Acaxochitlán, Hidalgo (S2).

Sitios	pH	CE dSm <sup>-1</sup>	M.O. (%)	N (%)	CIC	K meq/100g	Ca	Mg	Ppm				
									Fe	Zn	Mn	P	B
<b>S1</b>	5.6	0.09	18.45	0.48	15.60	0.34	13.28	1.61	49.10	1.72	18.08	3.3	3.4
	a	a	a	a	a	a	a	a	a	a	a	a	a
<b>S2</b>	5.3	0.05	3.15	0.15	3.81	0.25	2.16	1.25	42.86	1.31	102.56	17.8	1.0
	b	b	b	b	b	a	b	a	a	a	a	b	a

Para una columna, medias con las mismas letras son estadísticamente iguales con  $p < 0.05$ .

#### 4.5.2. Estado nutrimental

La concentración y el contenido de Mn en el follaje de *Pinus patula* fueron estadísticamente superiores en Acaxochitlán (sitio 2) que en Aquixtla (sitio 1), como también lo



fueron los incrementos de diámetro y altura (Cuadro 4.4); no obstante que el suelo de Aquixtla presentó las mayores niveles generales de fertilidad (Cuadro 4.3). Esto significa que probablemente este nutrimento limita el crecimiento en Aquixtla y, habiendo estado más disponible en Acaxochitlán, mejoró el crecimiento del pino en este sitio. El hecho de que haya aumentado la concentración del nutrimento en Acaxochitlán, también indica que existen otros factores como temperatura y precipitación que limitan el crecimiento en este sitio, de manera más importante que el propio Mn (López y Alvarado 2010).

Las familias mejoradas tuvieron mayor acumulación de biomasa foliar que las familias del grupo selecto (Cuadro 4.4). Esto generó un efecto de concentración de N y P, combinado con un efecto de dilución de Mg (no significativo) en los árboles selectos (Cuadro 4.4), nutrimento que probablemente estuvo disponible en menor cantidad (menor contenido) en el follaje de este grupo de árboles y que probablemente limitó su crecimiento junto con el B. Si bien existen diferencias entre las especies forestales, diversos estudios han puesto de manifiesto que la mayor parte del N y P acumulado en la vegetación arbórea, se localiza en hojas, (Ouro *et al.*, 2001).

En coincidencia con los resultados del análisis del experimento en su conjunto, la comparación de las dos plantaciones (S1 y S2) indica que el crecimiento de los árboles mejorados puede estar limitado por P y Mn, mientras que el crecimiento de los árboles selectos puede ser limitado por la disponibilidad de Mg y B. Esto significa que los grupos genéticos presentan diferencias en cuanto a su capacidad para absorber nutrimentos del suelo.

De manera general los resultados de los cuadros 4.4. y 4.5 en lo concerniente a concentración de los macronutrimentos, son aproximados a los reportados por Zas (2003) para *Pinus radiata*.

**Cuadro 4.4.** Efectos de sitios de plantación y niveles de mejoramiento genético en el experimento en su conjunto y por sitio de plantación, sobre concentración y contenido de nutrimentos en el follaje y variables de crecimiento, en nueve familias de *Pinus patula*.

Variable	Análisis en conjunto						Análisis por sitio					
	Sitios			Grupo de mejora			Sitio 1			Sitio 2		
	1	2	P	M	S	P	M	S	P	M	S	P
N (%)	1.62	1.54	NS	1.53	1.62	**	1.56	1.67	NS	1.50	1.58	NS
P (ppm)	808	862	NS	779	891	*	731	859	*	820	916	NS
K (ppm)	7552	8403	NS	7841	8114	NS	6944	7909	NS	8622	8098	NS
Ca (ppm)	2643	2977	NS	2766	2854	NS	2555	2713	NS	3041	2981	NS
Mg (ppm)	911	880	NS	926	865	NS	976	849	NS	886	877	NS
Fe (ppm)	45	43	NS	48	40	NS	48	41	NS	47	38	NS
Zn (ppm)	20	20	NS	19	22	NS	19	22	NS	19	22	NS
Mn (ppm)	197	365	**	259	304	NS	124	267	*	415	337	NS
B (ppm)	74	71	NS	74	71	NS	76	70	NS	70	73	NS
CTN (mgkg <sup>-1</sup> )	54400	51400	NS	55300	50500	NS	57800	51500	NS	55300	50300	NS
CTP	2658	2872	NS	2766	2764	NS	2643	2645	NS	2965	2894	NS
CTK	24842	27770	NS	27609	25003	NS	24131	24352	NS	30651	25308	NS
CTCa	8766	9876	NS	9867	8776	NS	9385	8260	NS	10901	9276	NS
CTMg	3083	2952	NS	3321	2713	*	3617	2624	*	3180	2805	NS
CTFe	152	149	NS	173	128	NS	174	129	NS	172	125	NS
CTZn	66	67	NS	66	67	NS	71	65	NS	67	70	NS
CTMn	634	1219	**	929	924	NS	458	810	NS	1500	1043	NS
CTB	247	241	NS	265	223	*	277	216	*	254	233	NS
IDN(mm)	14	19	**	17	16	NS	16	13	NS	19	20	NS
IA (cm)	72	121	**	100	93	NS	79	68	NS	121	124	NS
MS (g)	3.33	3.35	NS	3.57	3.12	*	3.66	3.08	*	3.60	3.19	NS

\*\* Significancia con  $p < 0.01$ ; \* Significancia con  $p < 0.05$ ; NS No significativo

Sitio 1: Aquixtla, Puebla; Sitio 2: Acaxochitlán, Hidalgo; IDN: Incremento de diámetro 4-5 años; IA: Incremento en altura 4-5 años; CTN: Contenido de nitrógeno... CTB: Contenido de Boro.

#### 4.5.3. Valores promedios para los grupos de familia por velocidad de crecimiento

Analizando las familias por velocidad de crecimiento lento (L) y rápido (R) (Cuadro 4.5), se encontró que en el sitio 1 hay diferencia significativa sólo en CTMg, CTB y en la variable MS. El Mg se diluyó en la biomasa de las familias de rápido crecimiento, indicando que este

nutrimento limitó su crecimiento (López y Estañol, 2006). Algo similar sucedió en el caso de B, pero solamente se diluyó el nutrimento en las familias mejoradas y no en las selectas, indicando que en éstas el B no fue limitante del crecimiento y que probablemente el requerimiento de B en este grupo de familias es inferior que en las mejoradas. En el sitio 2 no se encontró diferencia significativa en concentración, ni en contenidos, ni en las variables de crecimiento para los grupos según velocidad de crecimiento (Cuadro 4.5).

**Cuadro 4.5.** Valores promedios por velocidad de crecimiento en nueve familias de diferente grado de mejoramiento *Pinus patula* en dos sitios de plantación.

Variable	Sitio 1					Sitio 2				
	M		S		p	M		S		p
	L	R	L	R		L	R	L	R	
N (%)	1.56	1.57	1.64	1.70	NS	1.48	1.51	1.56	1.60	NS
P (ppm)	745	717	883	834	NS	899	740	924	907	NS
K (ppm)	6535	7353	8318	7500	NS	9184	8060	8839	7357	NS
Ca (ppm)	2522	2589	2753	2673	NS	3062	3020	3075	2888	NS
Mg (ppm)	1020	931	896	802	NS	900	872	863	891	NS
Fe (ppm)	45	51	35	47	NS	36	58	45	31	NS
Zn (ppm)	21	18	23	20	NS	18	19	21	23	NS
Mn (ppm)	122	125	318	216	NS	416	414	330	345	NS
B (ppm)	75	77	68	72	NS	68	73	73	72	NS
CTN	66600	49100	50200	52900	NS	54500	56100	45900	54600	NS
CTP	3069	2216	2702	2587	NS	3193	2737	2733	3055	NS
CTK	26065	22197	25445	23259	NS	32608	28694	25578	25037	NS
CTCa	10851	7918	8360	8160	NS	10801	11001	8951	9600	NS
CTMg	4385	2849	2777	2472	*	3200	3160	2604	3006	NS
CTFe	187	160	111	146	NS	125	218	142	109	NS
CTZn	90	52	69	61	NS	64	69	60	81	NS
CTMn	517	400	978	643	NS	1394	1607	934	1153	NS
CTB	319	236	208	224	*	238	270	220	246	NS
IDN(mm)	15	17	12	13	NS	19	18	17	23	NS
IA (cm)	88	70	63	74	NS	120	122	105	144	NS
MS (g)	4.19	3.13	3.05	3.11	*	3.58	3.61	2.99	3.39	NS

\* Significancia con  $\alpha \leq 0.1$ ; NS No significativo.

#### **4.5.4. Crecimiento y su relación con la concentración y contenido nutrimentales en follaje en un ensayo de progenies en dos sitios de plantación.**

Los únicos nutrimentos cuya concentración en el follaje del pino mostró correlación con alguna variable de crecimiento en el sitio 1 (Cuadro 4.6) con significancia ( $p < 0.1$ ) fueron: P, K, Mg y Mn. La concentración de P se correlacionó negativamente con MS, el K se correlacionó, también en forma negativa con MS, el Mg se correlacionó positivamente con IA y el Mn en forma negativa con IDN. Los valores de  $r$  de estos nutrimentos encontrados para *Pinus patula* son semejantes a los de *P. pinaster* reportados por Afif (2009) en los cuales correlacionó acículas, ramas finas, ramas gruesas y rodajas con los mismos nutrimentos, encontrado correlaciones ( $r$ ) de -0.56 hasta 0.54. La relación inversa (signo negativo) de la concentración de estos nutrimentos con las respectivas variables de crecimiento implica que estos nutrimentos limitan el crecimiento de los árboles, y se encuentran en menores concentraciones en el follaje de los árboles conforme la biomasa aumenta debido a un efecto de dilución por crecimiento (López y Alvarado, 2010).

Los contenidos nutrimentales en el sitio 1 (Cuadro 4. 6) se correlacionaron positivamente y de manera significativa con MS, a excepción del Mn. Esto significa que la biomasa de acículas aumentó conforme lo hizo el contenido de nutrimentos en el follaje; es decir, la disponibilidad de nutrimentos. Este resultado confirma claramente que el Mn es limitante del crecimiento en el sitio 1. En efecto, la falta de correlación entre Mn y MS (biomasa de 150 acículas) significa que el contenido de este nutrimento probablemente se mantuvo aproximadamente constante, independientemente de la acumulación de biomasa de 150 acículas. Todas familias del grupo M presentaron correlaciones altas y significativas en todos los contenidos nutrimentales con MS

(biomasa de 150 acículas). Las familias del grupo S se comportaron de manera semejante a las M a excepción de CTZn y CTMn que presentaron valores de r muy bajos.

**Cuadro 4.6.** Coeficientes de correlación de Pearson entre las variables de crecimiento y las concentraciones y contenidos nutrimentales foliares en el sitio 1.

Coeficientes de correlación de Pearson entre las variables de crecimiento y las concentraciones nutrimentales										
<b>Sitio 1</b>	<b>N</b>	<b>P</b>	<b>K</b>	<b>Ca</b>	<b>Mg</b>	<b>Fe</b>	<b>Zn</b>	<b>Mn</b>	<b>B</b>	<b>Na</b>
IDN	0.00	-0.26	-0.15	0.00	0.26	0.17	-0.06	-0.33	0.22	0.06
Prob.	0.99	0.13	0.38	0.99	0.13	0.34	0.71	<b>0.05</b>	0.21	0.73
IA	0.00	-0.22	-0.21	0.10	0.29	-0.02	0.08	-0.24	0.12	0.01
Prob.	0.98	0.21	0.22	0.55	<b>0.09</b>	0.91	0.64	0.17	0.51	0.97
MS	-0.01	-0.29	-0.35	-0.12	0.27	0.21	-0.14	-0.18	0.02	-0.07
Prob.	0.94	<b>0.09</b>	<b>0.04</b>	0.50	0.11	0.22	0.43	0.30	0.92	0.68
<b>Grupo M</b>										
IDN	-0.03	0.00	-0.26	0.29	0.35	0.02	0.16	0.20	0.11	0.38
Prob.	0.91	1.00	0.36	0.30	0.20	0.93	0.56	0.48	0.71	0.16
IA	0.15	-0.07	-0.39	0.27	0.28	-0.43	0.47	0.10	-0.07	0.07
Prob.	0.58	0.80	0.15	0.33	0.32	0.11	<b>0.08</b>	0.72	0.81	0.80
MS	0.17	-0.25	-0.38	-0.18	0.17	-0.05	0.02	0.17	-0.24	-0.34
Prob.	0.55	0.37	0.16	0.52	0.55	0.86	0.94	0.56	0.38	0.21
<b>Grupo S</b>										
IDN	0.24	-0.13	0.21	-0.14	0.00	0.08	-0.07	-0.22	0.10	0.11
Prob.	0.32	0.58	0.38	0.54	1.00	0.72	0.77	0.34	0.67	0.64
IA	0.00	-0.16	0.08	0.00	0.20	0.15	-0.01	-0.21	0.17	0.06
Prob.	1.00	0.49	0.74	1.00	0.39	0.52	0.95	0.37	0.47	0.81
MS	0.01	-0.06	-0.07	0.05	0.22	0.35	-0.20	-0.07	0.14	0.19
Prob.	0.98	0.80	0.77	0.84	0.34	0.13	0.40	0.76	0.55	0.41

Prob. Nivel de probabilidad.

Continuación Cuadro 4. 6.

Coeficientes de correlación de Pearson entre las variables de crecimiento y los contenidos nutrimentales										
Sitio 1	CTN	CTP	CTK	CTCa	CTMg	CTFe	CTZn	CTMn	CTB	CTNa
IDN	0.09	-0.14	-0.08	0.05	0.22	0.18	-0.01	-0.33	0.19	0.11
Prob.	0.62	0.44	0.64	0.77	0.20	0.31	0.95	0.06	0.27	0.54
IA	0.21	0.04	0.03	0.27	0.32	0.08	0.20	-0.19	0.26	0.23
Prob.	0.22	0.83	0.85	0.12	<b>0.06</b>	0.65	0.24	0.27	0.13	0.18
MS	0.90	0.66	0.56	0.70	0.79	0.60	0.32	0.07	0.81	0.90
Prob.	<b>0.001</b>	<b>0.001</b>	<b>0.001</b>	<b>0.001</b>	<b>0.001</b>	<b>0.001</b>	<b>0.06</b>	0.68	<b>0.001</b>	<b>0.001</b>
<b>Grupo M</b>										
IDN	-0.14	-0.12	-0.36	0.09	0.13	-0.10	0.08	0.08	-0.08	-0.04
Prob.	0.63	0.66	0.19	0.76	0.65	0.72	0.77	0.77	0.77	0.90
IA	0.23	0.14	-0.10	0.35	0.30	-0.26	0.49	0.10	0.15	0.24
Prob.	0.42	0.62	0.73	0.20	0.29	0.36	0.06	0.72	0.59	0.39
MS	0.91	0.76	0.58	0.66	0.77	0.52	0.59	0.63	0.75	0.97
Prob.	<b>0.001</b>	<b>0.001</b>	<b>0.02</b>	<b>0.01</b>	<b>0.001</b>	<b>0.05</b>	<b>0.02</b>	<b>0.01</b>	<b>0.001</b>	<b>0.001</b>
<b>Grupo S</b>										
IDN	0.09	-0.14	0.10	-0.14	-0.01	0.10	-0.10	-0.26	0.04	0.03
Prob.	0.70	0.55	0.66	0.57	0.97	0.67	0.69	0.27	0.87	0.90
IA	0.11	-0.02	0.16	0.12	0.22	0.18	0.01	-0.18	0.20	0.14
Prob.	0.64	0.94	0.51	0.62	0.35	0.45	0.96	0.46	0.40	0.55
MS	0.88	0.70	0.71	0.73	0.76	0.58	0.08	0.17	0.81	0.86
Prob	<b>0.001</b>	<b>0.001</b>	<b>0.001</b>	<b>0.001</b>	<b>0.001</b>	<b>0.01</b>	0.74	0.48	<b>0.001</b>	<b>0.001</b>

M.- Familias mejoradas; S.- Familias selectas.

En el caso del sitio 2, las únicas correlaciones significativas fueron: la existente entre la MS de 150 acículas y la concentración de K, así como aquellas entre IA y las concentraciones de Mg y B. Las correlaciones fueron negativas, indicando probables deficiencias de estos nutrimentos (López y Estañol, 2006). En las familias del grupo M, el K con IA presentó correlación positiva. Caso contrario presentó B con IA, con correlación negativa pero significativa, lo cual indica que al incrementarse el crecimiento, la concentración de B disminuye, lo que denota probable deficiencia de este nutrimento en el sitio, lo cual es congruente con la baja disponibilidad del nutrimento según el análisis de suelo (Cuadro 4.3).

La concentración de Ca en el follaje de los árboles selectos de Acaxochitlán disminuyó al incrementar la materia seca de 150 acículas (MS); es decir, el Ca se diluyó con las mayores tasas de crecimiento de los árboles selectos. Esto es acorde con la menor concentración de este nutrimento en el suelo de ese sitio (Cuadro 4.3) y puede tener su origen en el pH del suelo, el cual es significativamente menor que en Aquixtla (Cuadro 4.3). En este sitio, todas las correlaciones entre los contenidos de nutrimentos y la materia seca de 150 acículas fueron positivas y significativas, hecho que indica que la materia seca incrementa conforme lo hace la disponibilidad de todos los nutrimentos. Esto significa que el abasto de nutrimentos es suficiente para mantener el crecimiento de los árboles. Sin embargo, la significancia se pierde en el caso de la correlación entre Mn y materia seca de 150 acículas en los árboles selectos (Cuadro 4.7). Esto implica que la correlación positiva entre estas variables es más bien aleatoria. La falta de correlación significativa entre Mn y MS puede implicar que la materia seca varió independientemente de la disponibilidad de Mn. Según López y Alvarado (2010), este tipo de relación se interpreta como abasto suficiente, lo cual coincide con la elevada disponibilidad de Mn en Acaxochitlán (Cuadro 4.3).

En cuanto a las correlaciones de los contenidos nutrimentales con las variables de crecimiento (Continuación de cuadro 4.7), sólo la MS tiene correlaciones significativas positivas con todos los nutrimentos, por sitio y por grupo de mejora, a excepción de CTMn con MS que presenta correlación muy baja no significativa. Valores parecidos al sitio 1, ya que en este solo se presentan correlaciones bajas de Mn con MS, tanto por sitio como para el grupo S del mismo sitio. Tanto en el sitio 1 como en el sitio 2 las concentraciones nutrimentales relacionadas con el IDN y IA presentan correlaciones muy bajas. Al respecto Louw (2003) en una plantación en Sudáfrica encontró correlaciones bajas entre las concentraciones nutrimentales foliares y

crecimiento de los árboles de *Pinus patula* y menciona que las concentraciones de nutrimento registrados durante el invierno son un indicador más exacto de crecimiento de los árboles que las concentraciones de verano. O sea que las correlaciones más altas son encontradas entre las concentraciones y el crecimiento de invierno, cosa que no sucedió en el presente trabajo.

**Cuadro 4.7.** Coeficientes de correlación de Pearson entre las variables de crecimiento con las concentraciones y los contenidos nutrimentales foliares en el sitio 2.

Coeficientes de correlación de Pearson y probabilidad										
Sitio 2	N	P	K	Ca	Mg	Fe	Zn	Mn	B	Na
IDN	0.04	-0.06	-0.07	-0.15	-0.15	0.00	0.16	0.09	-0.17	-0.26
Prob.	0.83	0.75	0.69	0.37	0.39	0.99	0.36	0.60	0.33	0.13
IA	0.08	0.05	0.14	-0.07	-0.33	-0.06	0.05	-0.07	-0.28	0.01
Prob.	0.64	0.78	0.43	0.69	<b>0.05</b>	0.73	0.77	0.67	<b>0.10</b>	0.97
MS	0.18	-0.12	-0.29	-0.24	-0.03	0.25	-0.15	-0.07	0.09	-0.23
Prob.	0.29	0.50	<b>0.09</b>	0.16	0.88	0.14	0.37	0.68	0.62	0.18
<b>Grupo M</b>										
IDN	0.11	-0.14	0.36	-0.26	-0.35	-0.01	-0.23	0.35	-0.43	-0.02
Prob.	0.71	0.65	0.23	0.39	0.23	0.97	0.44	0.24	0.14	0.95
IA	0.04	0.12	0.48	-0.23	-0.29	-0.08	-0.05	0.13	-0.49	-0.04
Prob.	0.90	0.70	<b>0.10</b>	0.45	0.33	0.80	0.86	0.67	<b>0.09</b>	0.89
MS	0.44	0.07	-0.39	0.02	-0.31	0.22	-0.24	0.19	0.25	0.29
Prob.	0.14	0.83	0.19	0.94	0.30	0.46	0.44	0.53	0.41	0.34
<b>Grupo S</b>										
IDN	-0.03	-0.03	-0.22	-0.11	-0.04	0.02	0.26	0.02	-0.03	-0.38
Prob.	0.91	0.89	0.31	0.62	0.86	0.93	0.22	0.94	0.90	0.07
IA	0.12	-0.02	-0.04	0.02	-0.37	-0.04	0.10	-0.19	-0.11	0.04
Prob.	0.59	0.95	0.87	0.91	0.08	0.84	0.66	0.40	0.60	0.87
MS	0.07	-0.15	-0.30	-0.42	0.11	0.22	-0.07	-0.27	0.04	-0.48
Prob.	0.76	0.50	0.16	<b>0.05</b>	0.62	0.32	0.77	0.22	0.87	0.02



Continuación de Cuadro 4.7.

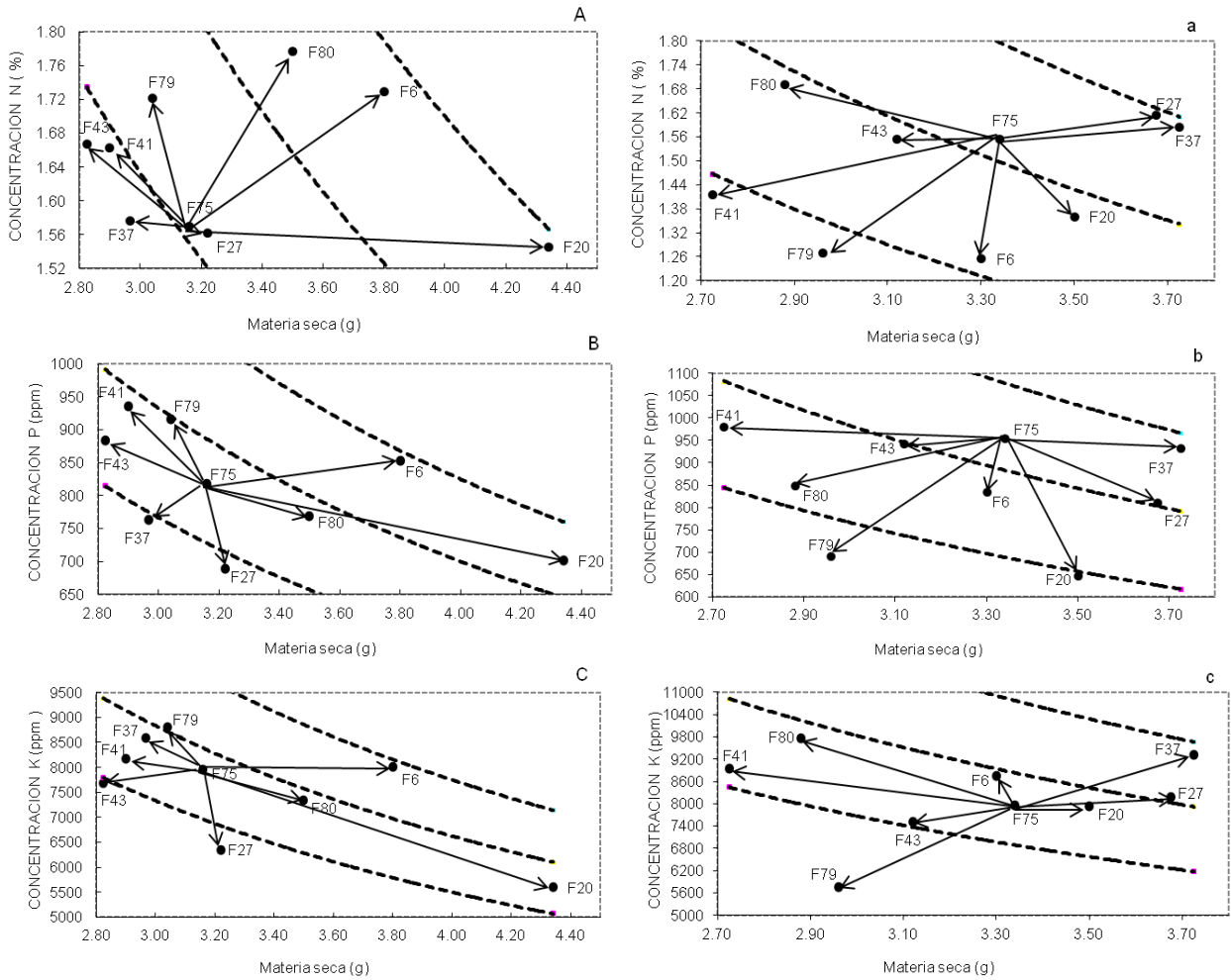
Coeficientes de correlación de Pearson entre las variables de crecimiento y los contenidos nutrimientales										
<b>Sitio 2</b>	<b>CTN</b>	<b>CTP</b>	<b>CTK</b>	<b>CTCa</b>	<b>CTMg</b>	<b>CTFe</b>	<b>CTZn</b>	<b>CTMn</b>	<b>CTB</b>	<b>CTNa</b>
IDN	0.14	0.09	0.10	0.01	0.02	0.02	0.27	0.13	0.05	-0.02
Prob.	0.41	0.62	0.55	0.99	0.89	0.90	0.11	0.43	0.78	0.90
IA	-0.01	0.01	0.11	-0.10	-0.26	-0.11	0.03	-0.12	-0.18	-0.05
Prob.	0.95	0.96	0.53	0.56	0.12	0.54	0.85	0.48	0.30	0.79
MS	0.90	0.72	0.61	0.64	0.67	0.56	0.52	0.36	0.85	0.82
Prob.	<b>0.001</b>	<b>0.001</b>	<b>0.001</b>	<b>0.001</b>	<b>0.001</b>	<b>0.001</b>	<b>0.001</b>	<b>0.03</b>	<b>0.001</b>	<b>0.001</b>
<b>Grupo M</b>										
IDN	0.05	-0.04	0.36	-0.11	-0.16	-0.02	-0.09	0.17	-0.15	0.04
Prob.	0.87	0.90	0.23	0.73	0.60	0.95	0.76	0.57	0.63	0.90
IA	-0.12	-0.02	0.24	-0.27	-0.33	-0.14	-0.17	-0.10	-0.32	-0.12
Prob.	0.69	0.96	0.44	0.38	0.27	0.64	0.58	0.75	0.28	0.69
MS	0.92	0.78	0.73	0.80	0.63	0.62	0.74	0.64	0.86	0.93
Prob.	<b>0.001</b>	<b>0.001</b>	<b>0.001</b>	<b>0.001</b>	<b>0.02</b>	<b>0.02</b>	<b>0.001</b>	<b>0.02</b>	<b>0.001</b>	<b>0.001</b>
<b>Grupo S</b>										
IDN	0.24	0.19	-0.01	0.13	0.14	0.06	0.42	0.15	0.22	-0.06
Prob.	0.27	0.39	0.98	0.57	0.52	0.77	0.05	0.50	0.32	0.78
IA	0.13	0.04	0.03	0.11	-0.23	-0.08	0.15	-0.15	-0.01	0.07
Prob.	0.55	0.87	0.90	0.61	0.30	0.73	0.48	0.50	0.97	0.76
MS	0.88	0.70	0.48	0.41	0.67	0.48	0.49	0.05	0.85	0.69
Prob.	<b>0.001</b>	<b>0.001</b>	<b>0.02</b>	<b>0.05</b>	<b>0.001</b>	<b>0.02</b>	<b>0.02</b>	0.81	<b>0.001</b>	<b>0.001</b>

#### 4.5.5. Estado de N, P y K en árboles de familias de *Pinus patula* mediante análisis de vectores.

El análisis nutrimental mediante vectores contempla para su interpretación en el eje vertical las concentraciones de los nutrimentos, el eje horizontal la materia seca (MS) en gramos, obtenida a partir del peso seco de 150 acículas y las líneas diagonales punteadas indican el contenido de los nutrimentos. Las isolíneas de contenido ubicadas a la derecha del área de gráfico implican mayor contenido nutrimental punto y seguido, las líneas en forma de flecha (vectores) indican la comparación de las familias con respecto a la F75. Para efecto de

comparación entre familias, se usó la familia F75 debido a que fue la que presentó en los dos sitios en valor más bajo de diámetro (Figuras 1A, 1a...1C, 1c).

La mayoría de familias sufrieron un efecto de concentración de N en Aquixtla, Puebla y un efecto de dilución en Acaxochitlán (Figura 1), indicando que el N pudo limitar, para la generalidad de familias, el crecimiento en Acaxochitlán pero no en Aquixtla, donde probablemente algún factor no nutricional lo limitó (Figuras A y a). Los mismos nomogramas indican que las familias tuvieron diferente comportamiento en términos de su estado nutricional dependiendo del sitio. En efecto, mientras que en Aquixtla, la familia que mayor biomasa de 150 acículas acumuló fue la 20, en Acaxochitlán lo hizo la familia 37. Al parecer, la familia 20 fue capaz de extraer más N en Aquixtla, mientras que en Acaxochitlán, a pesar de haber generado menor biomasa en 150 acículas, extrajo menos N, generándose una dilución del nutrimento en el tejido (Figura 1a). La familia 37, por su parte, tuvo el mejor desempeño en Acaxochitlán, en términos de crecimiento (materia seca de 150 acículas); sin embargo, en Aquixtla mostró un pobre crecimiento, manteniendo la concentración del nutrimento en el follaje en igual nivel en ambos sitios. El sitio de Aquixtla tiene mayor concentración de N en el suelo (Cuadro 4.3), por lo que se intuye que la familia 20 tiene buena habilidad para absorber este nutrimento en sitios con buen abasto de N pero no en aquellos con menor disponibilidad del nutrimento.



**Figura 4.1.** Estado nutricional de familias de *Pinus patula* creciendo en Aquixtla, Pue. (Columna izquierda) y Acaxochitlán, Hgo. (Columna derecha).

La concentración de P en la familia 20, la que más creció en Aquixtla, fue de 700 ppm mientras que en Acaxochitlán fue de 650 ppm (Figuras 1B y 1b), a pesar de que la concentración de este nutriente en el suelo de Acaxochitlán es significativamente mayor que en Aquixtla (Cuadro 4.3). Esto probablemente significa que existe algún problema de disponibilidad de P para esta familia en Acaxochitlan. De acuerdo con resultados de Moreno *et al.* (2002) la disponibilidad de P es proclive al pH del suelo, siendo menos disponible en valores bajos y altos de pH (Mengel y Kirkby, 1982). Al parecer, la familia 20 está mejor adaptada para utilizar el P

en valores de pH como el existente en Aquixtla. La concentración de K en la familia 20 en Aquixtla es de solamente 5500 ppm aproximadamente, mientras que en Acaxochitlán es de casi 8000 ppm. Esta situación puede indicar que el crecimiento de esta familia fue limitado por la disponibilidad de K en Aquixtla, pero no en Acaxochitlán (Figuras 1 C y c). La familia 37, la que mejor creció en Acaxochitlán, extrajo mayores cantidades de K en ese sitio y la concentración de ese nutrimento en el follaje también fue superior en Acaxochitlán que en Aquixtla, indicando que esta familia está mejor adaptada para extraer K bajo las condiciones prevalecientes en Acaxochitlán. Es posible que estas diferencias en las habilidades para absorber nutrimentos estén influenciadas por las condiciones climáticas y, especialmente, el grado de adaptación de las familias al sitio. De este análisis es posible definir que existen diferencias entre familias de *Pinus patula* en cuanto a su capacidad para absorber nutrimentos del suelo, lo cual, a la postre se refleja en las tasas de crecimiento, en términos de biomasa de acículas, y en el estado nutrimental.

#### 4.6. CONCLUSIONES

Existen diferencias importantes entre los sitios estudiados en términos de su nivel de fertilidad. El sitio de Aquixtla, Pue. presenta mejores características químicas generales que el sitio de Acaxochitlán. A pesar del menor nivel de fertilidad del suelo en Acaxochitlán, hgo. el crecimiento de la mayoría de familias fue superior en este sitio. en Aquixtla, probablemente las condiciones climáticas limitaron el crecimiento de los árboles.

Hubo diferencia entre sitios principalmente para las variables de crecimiento IDN y IA, sin embargo en la mayoría de los casos no hay diferencias significativas en las concentraciones y los contenidos nutrimentales, ni por sitio, ni por grupos de familias mejoras y selectas, ni por grupos según velocidad de crecimiento L y R.

Los grupos genéticos presentan diferencias en cuanto a su capacidad para absorber nutrimentos del suelo. Para un mismo sitio, los nutrimentos limitantes del crecimiento pueden variar entre familias. Al parecer, la habilidad de las familias para absorber nutrimentos del suelo es afectada por su nivel de adaptación al sitio.

Se percibe un nivel de deficiencia de boro, especialmente marcado en los árboles selectos. En el caso de los árboles mejorados, los principales nutrimentos limitantes fueron P y Mn. Existen deficiencias de K y N en el sitio de Acaxochitlán que afecta el crecimiento en general de todas las familias.

Las correlaciones negativas entre concentración de nutrimentos y variables de crecimiento denotan la existencia del efecto de dilución por crecimiento, mismo que generalmente ocurre en condiciones de deficiencia del nutrimento.

#### 4.7. LITERATURA CITADA

- Alcantar G., G. y M. Sandoval V. 1999. Manual de Análisis Químico de Tejido Vegetal. Guía de Muestreo, Preparación, Análisis e Interpretación. Publicación Especial No. 10 de la Sociedad Mexicana de la Ciencia del Suelo A.C., Chapingo, Méx. 156 p.
- Afif K., E., E. Canga L., J.A. Oliveira, J.J. Gorgoso V. y M.A. Cámara O. 2009. Crecimiento anual en volumen y estado nutricional de *Pinus pinaster* Ait. en Asturias, España. Rev. Ciencia Forestal en México 34 (106): 107-126.
- Bigg, W.L and J.W. Schalaus. 1990. Mineral nutrition and the target seedling. *In*: R. Rose, S.J, Campbell, T.D. Landis (eds.). Target Seedling Symposium: Proc. Combined Meeting of the Wwestern Forest Nursery Associations; 13-17 Aug 1990; Roseburg, OR. Fort Collins (CO): USDA Forest Service, Rocky Mountain Forest and Range Experiment Station. General Technical Report RM-200. p: 139-160.
- Bonneau, M. 1995. Fertilization des forêts dans les pays tempérés: théorie, bases du diagnostic, conseils pratiques, realizations expérimentales. ENGREF. Nancy, France. 376 p.
- Brockley, R.P. 1995. The effects of nitrogen source and season of application on the nutrition and growth of lodgepole pine. Canadian Journal of Forest Research. 25:516–526.
- Elías D., O. 2007. Principios básicos de la nutrición vegetal. *In*: Memorias 1er. Simposio Internacional de Invernaderos. Ciba - AMCI. Toluca, Edo. de México. pp: 103-117.
- Etchevers B., J.D. y J. Padilla C. 2008. Diagnostico de la fertilidad del suelo. *In*: Nutrición de cultivos. G. Alcántar G. y L.I. Trejo-Téllez (Eds.). Mundi-Prensa. México. pp: 249-272.
- Garten, C.T., M.A. Huston and C.A. Thomas. 1994. Topographic variation of soil nitrogen dynamics at Walker Branch Watershed, Tennessee. Forest Science 40:497-512.

- Imo, M. and V.R. Timmer. 1997. Vector diagnosis of nutrient dynamics in mesquite seedlings. *Forest Science* 43: 268-273.
- Kalra, Y.P. and D.G. Maynard. 1991. Methods manual for forest soil and plant analysis. For. Can. Northwest Reg., North. For. Cent. Edmonton, Alberta. Inf. Rep. NOR-X-319. 116 p.
- Lambert, M.J., D.C. Grey, A.P.G Schonau and C.J. Schutz 1984. The use of foliar analysis in fertilizer research. IUFRO Symposium on Site and Productivity of Fast Growing Plantations. Vol. 1. Pretoria, South African Forest Research Institute. pp: 269-291.
- Liphadzi, K.B. and C.F. Reinhardt. 2006. Using companion plants to assist *Pinus patula* establishment on former agricultural lands. *South African Journal of Botany* 72: 403–408
- Li, M. and J. Yang. 2004. Effects of microsite on growth of *Pinus cembra* in the subalpine zone of the Austrian Alps. *Annals of Forest Science* 61: 319-325.
- López L., M.A. y E. Estañol B. 2006. Detección de deficiencias de hierro en *Pinus leiophylla* a partir de los efectos de dilución y concentración nutrimental. *Terra Latinoamericana* 25 (1): 9-15.
- López-López, M.A., R.M. Reich, C. Aguirre-Bravo y A. Velázquez-Martínez. 2009. Pine growth and nutrient status as related to pine/alder ratio in mixed stands. *Journal of Biological Science* 9 (7):637-647.
- López-López, M.A. y J. Alvarado-López. 2010. Interpretación de nomogramas de análisis de vectores para diagnóstico nutrimental de especies forestales. *Madera y Bosques* 16(1):99-108.
- Louw, J.H. 2003. Foliar nutrient levels as indicators of site quality for *Pinus patula* in the Mpumalanga escarpment area: scientific paper. *Southern African Forestry Journal* 197: 21-30.

- Mengel, K. and A.E. Kirkby. 1982. Principles of Plant Nutrition. International Potash Institute. Berna, Suiza. 687 p.
- Moreno Ch., L.R., M.A. López L., E. Estañol B. y A. Velázquez M. 2002. Diagnóstico de necesidades de fertilización de *Abies religiosa* (H. B. K.) Schl. et Cham. en vivero mediante el DRIS. Madera y Bosques 8 (1):51-60.
- Ouro, G., P.B. Pérez and A. Merino. 2001. Effects of silvicultural practices on nutrient status in a *Pinus radiata* plantation: nutrient export by tree removal and nutrient dynamics in decomposing logging residues. Annals of Forest Science 58: 411-422.
- Rodríguez S., F. 2005. Fertilizantes: Nutrición Vegetal. A.G.T. Editor. S. A. D. F. México. 157 p.
- Salaya-Domínguez, J.M., J. López-Upton y J.J. Vargas-Hernández. 2012. Variación genética y ambiental en dos ensayos de progenies de *Pinus patula*. Agrociencia 46: 519-534.
- SAS Institute. 2002. SAS/STAT Computer Software. Release 9.0. SAS Institute Inc. Cary, North Carolina, U.S.A.
- Timmer, V.R. 1991. Interpretation of seedling analysis and visual symptoms. In: R. van den Driessche (ed.). Mineral Nutrition of Conifer Seedlings. CRC Press. Boca Raton, FL, EE.UU. pp: 113-134.
- Timmer, V.R. and E.L. Stone. 1978. Comparative foliar analysis of young Balsam Fir fertilized with nitrogen, phosphorus, potassium and lime. Soil Science Society of America Journal 42:125-130.
- Valentine, D.W. and H.L. Allen. 1990. Foliar responses to fertilization identify nutrient limitation in loblolly pine. Canadian Journal of Forest Research 20 (2):144-151.



- Vela G., L. 1980. Contribución a la Ecología de *Pinus patula* Schl. et Cham. Publicaciones especiales No. 19. INIF-SARH. México, D. F. 109. p.
- Weetman, G. F. 1989. Graphical vector analysis technique for testing stand nutritional status. *In*: W.J. Dyck and C.A. Mees (eds.). Research Strategies for Long Term Site Productivity.
- Zas, R. 2003. Interpretación de las concentraciones foliares en nutrientes en plantaciones jóvenes de *Pinus radiata* D. Don en tierras agrarias en Galicia. Investigación Agraria: Sistemas y Recursos Forestales 12 (2): 3-11.

## CAPITULO V

### DISCUSIÓN Y CONCLUSIONES GENERALES

Los ensayos de progenies son de gran importancia en un programa de mejoramiento genético, porque son la base para la toma de decisiones en la mejora de una determinada especie (Clausen, 1990); además, nos permiten estimar parámetros genéticos útiles para la selección de los mejores individuos dentro de los ensayos, así como realizar aclareos genéticos en huertos semilleros y definir las actividades de manejo de la población de mejoramiento y las estrategias a seguir en las siguientes etapas del programa (Clausen, 1990).

En el presente estudio se utilizó información generada como parte de un programa de mejoramiento genético de *Pinus patula* establecido por productores forestales de Aquixtla, Puebla (S1), y Acaxochitlán, Hidalgo (S2) interesados en aumentar la productividad de la especie a través del establecimiento de plantaciones comerciales de *P. patula* para producción de madera en sus propios terrenos. *P. patula* es la especie forestal de mayor importancia económica en esa región y prácticamente en toda la región forestal de la Sierra Madre Oriental, en los estados de Hidalgo, Puebla y Veracruz, por lo que los resultados del estudio pueden tener una aplicación más amplia.

En un primer experimento donde se evaluaron 72 familias de *Pinus patula*, los resultados muestran que en el sitio de baja elevación (S2), la supervivencia y crecimiento de los árboles fueron superiores a los del sitio (S1) a mayor altitud. En el primero hubo mayor mortalidad por heladas y menor crecimiento en el material mejorado que en las familias selectas. En el sitio alto la mortalidad fue similar, pero el grupo mejorado presentó crecimiento superior en diámetro

normal, altura y volumen. Las heredabilidades individual y de medias de familia para las variables de crecimiento en el sitio elevado, son menores comparadas con las del sitio bajo, lo cual en parte es atribuible a la diferencia en el manejo cultural dentro de cada plantación. Los materiales mejorados presentaron mayores valores de heredabilidad en el sitio alto. Caso contrario, en el sitio bajo, pues a pesar del menor número de repeticiones, se determinaron valores de moderados a altos en ambos grupos de mejora. White *et al.* (2007) señalan que una menor mortandad y una mayor tasa de crecimiento de los árboles en un ensayo de progenies ayuda a que exista una competencia más homogénea y se permita una mayor diferenciación en el comportamiento de las familias, lo cual propicia un aumento en la magnitud del control genético de las características de crecimiento. El comportamiento de  $r_g$  y  $r_p$  en ambos sitios fue similar, con valores adecuados para tomar el mejor criterio de selección por pares de características. En todos los casos, al realizar la selección de un carácter se afectaría de forma positiva el comportamiento de otro carácter. El alto valor de la  $r_g$  estimada entre todas las características se puede atribuir a genes comunes que influyen en ambas características (Falconer y Mackay, 1996). Las correlaciones tipo B ( $r_B$ ) fueron bajas, lo cual implica que existe interacción genotipo x ambiente, siendo más interactivas las familias selectas. La inconsistencia en los resultados puede tener su origen en el grado de diversidad de los genotipos y/o de los ambientes. Al respecto, Molina (1992) menciona que el común denominador de todos los programas de evaluación de genotipos, es su comportamiento inestable en los diferentes ambientes de prueba; en ocasiones los resultados llegan a discrepar tanto de lo esperado, que tomar una decisión con respecto a cuál es el mejor genotipo, resulta difícil y dudoso.

Por otra parte en un segundo estudio en 20 familias por sitio, los resultados muestran que en esta población de *Pinus patula* las condiciones ambientales de los sitios tuvieron un mayor

impacto que el nivel de mejoramiento sobre los componentes y la fenología del crecimiento del brote terminal. Se encontraron diferencias significativas entre sitios para la mayoría de las variables relacionadas con el crecimiento estacional del brote, lo cual implica que las condiciones ambientales del sitio influyen de manera determinante sobre la productividad y la capacidad de adaptación de los árboles. Bridgwater *et al.* (1985) también encontró un efecto importante del sitio en los componentes del crecimiento del brote en familias seleccionadas de *Pinus taeda* L. Esto implica que las condiciones ambientales del sitio pueden modificar el patrón estacional de crecimiento del brote terminal en diferentes especies de *Pinus*. En cambio, en la mayoría de los componentes del crecimiento del brote no se encontraron diferencias importantes entre los grupos de mejora, lo cual indica que en esta población la selección realizada en un ambiente exótico no ha modificado de manera importante el patrón estacional de crecimiento del brote. Sin embargo, dentro de los grupos de familias existe una variación genética significativa en algunos de los componentes del crecimiento, que se expresó de manera diferente en los dos sitios de evaluación, y que contribuye a explicar la interacción genotipo X ambiente en el crecimiento en altura de los árboles detectada en estudios previos. La curva de crecimiento del brote con respecto a los grados-día acumulados en cada sitio muestra diferencias notorias entre sitios y entre grupos de mejora en el patrón de crecimiento estacional y en la sensibilidad de los árboles a la temperatura en estos ambientes. Esta plasticidad fenotípica de la especie para ajustar la tasa y el periodo de crecimiento del brote terminal a las condiciones ambientales (temperatura y precipitación) del sitio puede ser un factor importante de adaptación en el contexto del cambio climático. Sin embargo, esta es una visión simple de los factores que influyen en el patrón de crecimiento estacional del brote terminal en una especie con crecimiento fijo-libre relativamente complejo como *Pinus patula*, que incluye varios ciclos de crecimiento en un año (Gómez-

Cárdenas *et al.*, 1998); en estudios con otras especies de *Pinus* que tienen un patrón de crecimiento fijo más simple (un solo ciclo por año) se ha demostrado que el crecimiento del brote en un año particular depende de los grados-día acumulados en periodos (meses) específicos del año anterior y del año en curso, ya que la temperatura afecta directamente la formación de unidades de crecimiento en la yema terminal y la elongación posterior del brote (Juntala, 1986; Salminen y Jalkanen, 2005; Guan *et al.*, 2009).

En un tercer experimento donde se valoraron 9 familias se encontró diferencias importantes entre los sitios estudiados en términos de su nivel de fertilidad. El sitio de Aquixtla, Pue. presenta mejores características químicas generales que el sitio de Acaxochitlán. A pesar del menor nivel de fertilidad del suelo en Acaxochitlán, Hgo. el crecimiento de la mayoría de familias fue superior en este sitio. Hubo diferencia entre sitios principalmente para las variables de crecimiento IDN y IA, sin embargo en la mayoría de los casos no hay diferencias significativas en las concentraciones y los contenidos nutrimentales, ni por sitio, ni por grupos de familias mejoras y selectas, ni por grupos según velocidad de crecimiento L y R. Los grupos genéticos presentan diferencias en cuanto a su capacidad para absorber nutrimentos del suelo. Para un mismo sitio, los nutrimentos limitantes del crecimiento pueden variar entre familias. Al parecer, la habilidad de las familias para absorber nutrimentos del suelo es afectada por su nivel de adaptación al sitio. Se percibe un nivel de deficiencia de boro, especialmente marcado en los árboles selectos. En el caso de los árboles mejorados, los principales nutrimentos limitantes fueron P y Mn. Existen deficiencias de K y N en el sitio de Acaxochitlán que afecta el crecimiento en general de todas las familias. Las correlaciones negativas entre concentración de nutrimentos y variables de crecimiento denotan la existencia del efecto de dilución por crecimiento, mismo que generalmente ocurre en condiciones de deficiencia del nutrimento.

De manera general se observa que hay diferencia entre sitios para las diferentes variables evaluadas en los diferentes experimentos, lo cual se manifiesta en la alta interacción genotipo ambiente. En el capítulo 2, para el análisis conjunto no hubo diferencia entre grupo de mejora, excepto en VOL5, sin embargo también a nivel de mejora pero por sitio, hubo diferencia significativa en todas las de las variables. Caso contrario se observa en los experimentos del capítulo 3 y 2, en los cuales no se encontró diferencia entre grupo de mejoras (M y S) entre sitios ni dentro de sitios para los grupos de mejora (M y S) ni para los grupos por velocidad de crecimiento (L y R). Las variaciones debidas a efectos ambientales son causadas por los factores edáficos, y climáticos (temperatura y precipitación) principalmente.

## 5.1. LITERATURA CITADA

- Bridgwater, F.E., C.G. Williams and R.G. Campell. 1985. Pattern of leader elongation in loblolly pine families. *Forest Science* 31:933–944.
- Clausen, K.E. 1990. Diseños genéticos y pruebas de progenie. *In: Memoria Mejoramiento Genético y Plantaciones Forestales*. T Eguiluz P, A Plancarte B (Eds.). Centro de Genética Forestal, A.C. Chapingo, México. pp: 67-77.
- Falconer, D.S. and T.F.C. Mackay. 1996. *Introduction to Quantitative Genetics*. Addison Wesley Longman Limited, Edinburgh. 484 p.
- Gómez-Cárdenas, M., J.J. Vargas H., J. Jasso M., A. Velázquez M. y C. Rodríguez F. 1998. Patrón de crecimiento anual del brote terminal en árboles jóvenes de *Pinus patula*. *Agrociencia* 32 (4) 357-363.
- Guan, B.T., C.H. Chung, S.T. Lin and C.W. Shen. 2009. Quantifying height growth and monthly growing degree days relationship of plantation Taiwan spruce. *Forest Ecology and Management* 257:2270–2276.
- Juntala, G. 1986. Effect of temperature on shoot growth in northern provenances of *Pinus sylvestris* L. *Tree Physiology* 1:185-192.
- Molina G., J.D. 1992. *Introducción a la Genética de Poblaciones y Cuantitativa (Algunas Implicaciones en Genotecnia)*. AGT Editor. México. 349 p.
- Salminen, H. and R. Jalkanen. 2005. Modelling the effects of temperature on height increment of Scots pine at high latitudes. *Silva Fennica* 39: 497-508
- White, T.L., T.W. Adams and D.B. Neale. 2007. *Forest Genetics*. CAB International, Oxford. 682 p.