
**Red 2013: resultados de los ensayos comparativos clonales del
Programa de Mejoramiento de Álamo de INTA**

The 2013 network: results of comparative trials of Poplar Breeding
Program of INTA

Monteverde¹, M. Silvana; Cortizo², Silvia y Abbiati³, Nora

¹ Programa BID 2853-INTA. Cátedra Genética y Mejoramiento, FCA-UCU. Cátedra Genética, FCyT-UADER. monteverde.silvana@inta.gob.ar, ² E.E.A. INTA. Delta del Paraná. Cátedra de Genética, FAUBA. cortizo.silvia@inta.gob.ar, ³ Cátedra de Biometría FCA-UNLZ. norabbi2000@yahoo.com.ar

Resumen

El Programa de Mejoramiento Genético de *Populus* de INTA tiene por objetivo seleccionar genotipos superiores basándose en el concepto de calidad integral del árbol. La selección clonal se realiza utilizando el método de niveles independientes de descarte a través de las sucesivas etapas. De 164 individuos selectos en Bancos de Progenie, multiplicados y evaluados en Bancos Clonales; 28 superaron los umbrales establecidos para: capacidad de enraizamiento, tolerancia a *Melampsora medusae* (roya) y *Septoria musiva* (cancrosis), crecimiento y forma; y fueron incorporados a una red de ensayos comparativos clonales en 2013 conformada por 4 unidades independientes en parcelas monoárbol con al menos cinco repeticiones por sitio. En el presente trabajo se presentan los resultados de las evaluaciones cualitativas y cuantitativas de esta red. Si bien los resultados son preliminares, 7 clones experimentales sobresalientes fueron instalados en 2015 en un ensayo comparativo regional utilizando un mayor número de plantas por parcela.

Palabras claves: mejoramiento genético, *Populus*, selección clonal, ensayo comparativo

Abstract

The *Populus* Breeding Program for INTA aims to select superior genotypes based on the concept of overall quality of the tree. Clonal selection was made using the independent culling level method through the successive stages. Of 164 individuals selected in progeny banks, agamically multiplied and evaluated in clonal banks, 28 exceeded the thresholds considered for: rooting ability, *Melampsora medusae* (rust) and *Septoria musiva* (canker) tolerance, growth rate and stem form; and they were incorporated into a network of comparative clonal trials in 2013, consisting of 4 independent units in single-tree plot with at least five repetitions per site. This paper presents the results of qualitative and quantitative assessments of this network. Although results are preliminary, 7 promising clones were installed in a regional comparative trial using a greater number of plants per plot.

Key words: genetic breeding, *Populus*, clonal selection, comparative trial

Introducción

La familia *Salicaceae*, que incluye al género *Populus*, ocupa el tercer lugar en los bosques de cultivo de especies introducidas en Argentina. La utilización de especies forestales introducidas de rápido crecimiento, no solo diversifica la oferta de madera de calidad, sino que ofrece turnos de aprovechamiento más cortos, ambas características fundamentales para el desarrollo sustentable y rentable de la cadena forestal (White y Marin, 2002; Ball *et al.*, 2005). En nuestro país, el Delta del Paraná constituye la tercera región forestal y la más importante cultivada con álamo, con una superficie implantada de 14.508 hectáreas, mayormente protegidas por un endicamiento perimetral (Borodowski *et al.*, 2014). La madera se destina principalmente a aserrado, debobinado y triturado (Barros, 2006). En la actualidad, las plantaciones comerciales están constituidas principalmente por cuatro clones de *Populus deltoides*: Australiano 129/60, Australiano 106/60, Stoneville 67 y Carabelas INTA; y un clon de *P. x canadensis*, Ragonese 22 INTA, lo que hace necesario continuar con la generación de material mejorado genéticamente que asegure la adaptabilidad, productividad y

sostenibilidad de este recurso forestal en la región (Cortizo, 2006). Para lograr este objetivo, la E.E.A. Delta del Paraná de INTA lleva adelante un Programa de Mejoramiento Genético de álamo basado en la introducción, selección y creación de materiales con buena adaptación, sanidad, excelente crecimiento y calidad de madera, con el fin de obtener clones mejorados pero también con el objetivo de lograr una diversificación genética, esencial para mantener una población base con amplia variabilidad genética y para mejorar la capacidad de reacción frente al cambio climático y a futuras epifitias (Monteverde y Cortizo, 2014).

Materiales y Métodos

Los 28 genotipos experimentales ensayados fueron selectos por el método de niveles independientes de descarte en distintas etapas (Hazel y Lush, 1942). Proviene de hibridaciones controladas realizadas en la E.E.A. Delta del Paraná en 2006 y 2008 entre *Populus deltoides*: 89-82 x Stoneville 109; Australiano 106/60 x IC 562-47 ("R9") y Australiano 106/60 x Stoneville 67. Fueron evaluados en Bancos de Progenie según criterios de sanidad, crecimiento y características del fuste y junto con otros 164 individuos selectos fueron multiplicados e implantados en un Banco Clonal en 2011. Allí se evaluaron durante 2 años y fueron selectos al superar los umbrales establecidos por el Programa para pasar a la siguiente fase de ensayos. En 2013 se instaló una red de ensayos comparativos clonales que incluyó los 28 genotipos selectos, 4 testigos comerciales y dos clones introducidos (Tabla 1) en 4 campos de productores de la Zona Núcleo Forestal del Delta del Paraná (Tabla 2).

Tabla 1. Genotipos experimentales, clones comerciales testigos y clones introducidos [número, denominación y origen] incluidos en los ensayos de la red 2013.

Table 1. Experimental genotypes, commercial controls clones and introduced clones [number, name and origin] included in the tests of the 2013 network.

Nº	Denominación	Origen	Categoría
1	Carabelas INTA	<i>Populus deltoides</i> (selección INTA Delta, inscripto en 2008)	Testigo
2	ROU 4	<i>Populus deltoides</i> (introducido del Uruguay)	Clon introducido
3	11-20	89-82 x Stoneville 109	Genotipo experimental
4	19-9	89-82 x Stoneville 109	Genotipo experimental
5	2-4	89-82 x Stoneville 109	Genotipo experimental
6	3-5	89-82 x Stoneville 109	Genotipo experimental
7	26-28	89-82 x Stoneville 109	Genotipo experimental
8	8-3	89-82 x Stoneville 109	Genotipo experimental
9	4-20	89-82 x Stoneville 109	Genotipo experimental
10	6-123	Australiano 106/60 x Stoneville 67	Genotipo experimental
11	149-82	<i>Populus deltoides</i> (clon en fase final de mejora)	Testigo
12	1-129	Australiano 106/60 x IC 562-47 ("R9")	Genotipo experimental
13	6-5	89-82 x Stoneville 109	Genotipo experimental
14	2-140	Australiano 106/60 x IC 562-47 ("R9")	Genotipo experimental
15	150-82	<i>Populus deltoides</i> (clon remitido al RNC de INASE)	Testigo
16	3-19	89-82 x Stoneville 109	Genotipo experimental
17	2-126	Australiano 106/60 x IC 562-47 ("R9")	Genotipo experimental
18	3-27	89-82 x Stoneville 109	Genotipo experimental
19	Australiano 129/60	<i>Populus deltoides</i> (Australia, inscripto por INTA Delta 2008)	Testigo
20	1-120	Australiano 106/60 x IC 562-47 ("R9")	Genotipo experimental
21	6-89	Australiano 106/60 x Stoneville 67	Genotipo experimental
22	19-8	89-82 x Stoneville 109	Genotipo experimental
23	1-5	89-82 x Stoneville 109	Genotipo experimental
24	19-18	89-82 x Stoneville 109	Genotipo experimental
25	17-2	89-82 x Stoneville 109	Genotipo experimental
26	23-28	89-82 x Stoneville 109	Genotipo experimental
27	2-154	Australiano 106/60 x IC 562-47 ("R9")	Genotipo experimental
28	14-15	89-82 x Stoneville 109	Genotipo experimental
29	1-167	Australiano 106/60 x IC 562-47 ("R9")	Genotipo experimental
30	2-138	Australiano 106/60 x IC 562-47 ("R9")	Genotipo experimental
31	1-130	Australiano 106/60 x IC 562-47 ("R9")	Genotipo experimental
32	1-124	Australiano 106/60 x IC 562-47 ("R9")	Genotipo experimental
33	4-4	89-82 x Stoneville 109	Genotipo experimental
34	Ragonese 28	<i>P. deltoides</i> : A129/60xStoneville 107, INTA Castelar 610-12	Clon introducido

Tabla 2: Ubicación geográfica de los ensayos de la red 2013 de ensayos comparativos clonales.

Table 2. Geographical location of the sites of the 2013 network of comparative clonal trials.

Campo/Familia	Latitud S	Longitud O	Condición de sitio
Familia Cosentino	34°09'43.7"	58°44'02.2"	Dique
Familia Rodríguez	34°06'36.9"	58°49'21.9"	Atajarrepuntes
Branvatti&Branvati (B&B)	34°07'59.1"	58°48'39.8"	Dique
Familia López	34°02'23.3"	58°43'43.0"	Dique (pajonal virgen)

El diseño utilizado fue un DBCA con parcelas monoárbol con 5 (Cosentino y Rodríguez) o 7 (López y B&B) repeticiones por sitio. El marco de plantación fue de 5 x 5 m, excepto en López que fue de 6 x 6 m. El primer año se evaluó la altura y el porcentaje de fallas las cuales fueron repuestas con estacones de 1,20 m. Al segundo año se evaluaron las variables cuantitativas [diámetro a la altura del pecho (DAP) y altura] y las variables cualitativas [tolerancia a roya (*Melampsora medusae*) y cancrrosis (*Septoria musiva*) y características del fuste (forma, cantidad, grosor y ángulo de inserción de las ramas y tendencia a la bifurcación)]. Las variables sanidad y tendencia a la bifurcación se evaluaron como binarias y las de forma del fuste; cantidad, grosor y ángulo de inserción de las ramas como categóricas ordenadas. Las variables cuantitativas se analizaron con el software estadístico SAS (9.4), utilizando el procedimiento *mixed* con el siguiente modelo: $y_{ijk} = \mu + G_i + S_j + B(S)_{k(j)} + (G \times S)_{ij} + \epsilon_{ijk}$, en donde y_{ijk} corresponde al diámetro del i -ésimo clon en el j -ésimo sitio del k -ésimo bloque; μ es la media general, G_i es el efecto del clon, S_j es el efecto del sitio, $B(S)_{k(j)}$ es el efecto de bloque k dentro del sitio j ; G_{ij} es el efecto de la interacción del genotipo i con el sitio j , y ϵ_{ijk} es el error experimental. Siendo fijo el efecto del clon y aleatorios los de bloque, sitio e interacción clon por sitio. Para la comparación de medias se utilizó la prueba de Tukey. En este trabajo se presentarán los resultados correspondientes a las fallas del primer año, del diámetro y evaluaciones fenotípicas al segundo año.

El número de clones evaluado en la red de ensayos comparativos presentada se encuentra dentro de los límites recomendados para reducir al mínimo el riesgo de fallas debido a condiciones ambientales atípicas y a la evolución de la virulencia de patógenos de la mayoría de los programas de mejora clonales (Libby, 1982). La utilización de un diseño *single tree-plot* en fila-columna permite mejorar el muestreo de la variación ambiental del sitio y reduce el error de varianza (Gezan *et al.*, 2006), lo que sumado al análisis mediante modelos mixtos posibilita una adecuada precisión para la selección de los mejores genotipos en comparaciones clonales (Zamudio *et al.*, 2008).

Resultados y Conclusiones

El porcentaje de fallas resultó variable. En los campos de las Familias López (2/224) y Rodríguez (4/140) fue muy bajo pero en los de Cosentino (16/125) y B&B (39/224) fue mayor, lo cual da una idea de la capacidad de implantación de los clones pero también de cómo las condiciones del sitio (altura del terreno) y de manejo (agua, control de malezas y hormigas, presencia de ganado y animales silvestres) de cada sitio afectan esta variable.

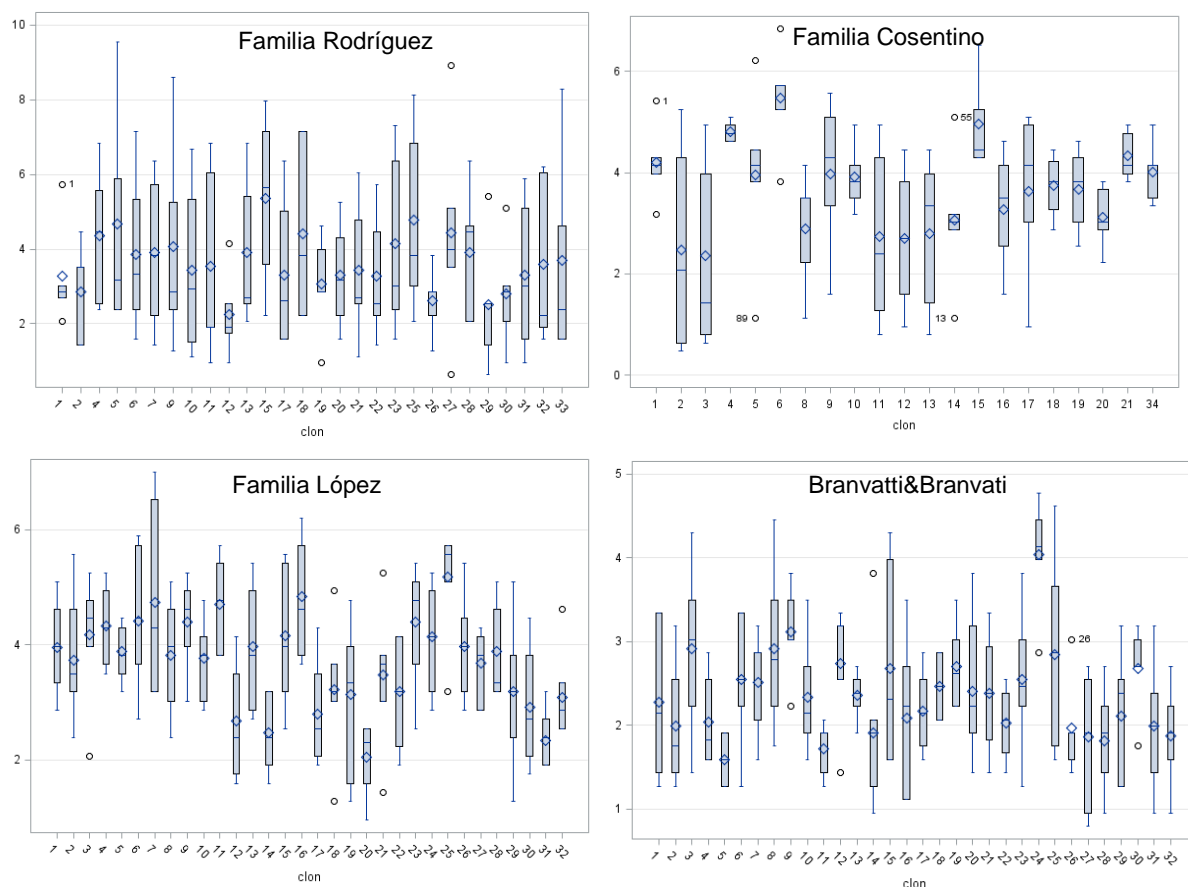
Los clones evaluados presentaron una excelente sanidad, excepto los clones 12, 14, 20, 30 y 32 que manifestaron altos niveles de roya. Dado que la incidencia depende de las condiciones ambientales y que podrían surgir nuevas razas patogénicas se continuará con las evaluaciones. Ninguno de los clones evaluados presentó síntomas de cancrrosis. En cuanto a las características del fuste, se destacaron individuos con fuste recto, ramas finas a medianas y de ángulos de inserción mayores a 45°.

Se detectó la existencia de interacción clon-sitio ($F=1,71$; $P=0,0004$) y diferencias clonales dentro de cada sitio [Rodríguez ($F=1,61$; $P=0,0447$); Cosentino ($F=2,34$; $P=0,0041$), López ($F=4,51$; $P=<0,0001$) y B&B ($F=2,19$; $P=0,0011$) (Gráfico 1). El clon 15 superó al 12 en lo de Rodríguez; el clon 6 al 2 y al 3 en lo de Cosentino y el 24 superó a los clones 1, 2, 4, 5, 10, 11, 13, 14, 16, 17, 22, 26, 27, 28, 29, 31 y 32 en lo de B&B, mientras que el resto de los clones no se diferenciaron de ninguno de ellos en cada uno de los ensayos. Por el contrario en lo de López se observó una mayor diferenciación, probablemente debido a la condición de alta fertilidad del pajonal virgen que permitió expresar más acabadamente los potenciales genéticos de los clones experimentales. En este campo, el clon 25 superó a los clones 18, 22, 29, 19, 32, 30, 17, 12, 14, 31 y 20; el clon 16 superó a los clones 12, 14, 31 y 20, los clones 7 y 11 a los clones 31 y 20 y los clones 6, 9, 23 y 4 superaron solamente al clon 20. No se observaron diferencias entre el resto de los clones evaluados.

Si bien los resultados obtenidos son preliminares y se considerarán consistentes a partir del quinto año de evaluación, 7 de ellos (4, 5, 7, 9, 18, 25 y 28) presentaron un buen balance para todas las variables consideradas y fueron instalados en 2015 en un ensayo comparativo clonal utilizando un diseño de bloques al azar con parcelas de 9 plantas a fin de corroborar el comportamiento presentado en la red.

Gráfico 1: Valores medios y desvíos de la variable diámetro para cada uno de los clones en los distintos sitios.

Graph 1. Average values and detours of diameter variable for each of the clones in the different sites.



Bibliografía

- Ball, J., Carle J. y Del Lungo, A. 2005. Contribución de álamos y sauces a la silvicultura sostenible y al desarrollo rural. *Unasyva* 221, vol 56.: 3-9 pp.
- Barros, J. 2006. Situación actual del sector forestal en la región del Delta del Paraná, República Argentina. Comunicación. Actas I Jornadas de Salicáceas República Argentina.
- Borodowski E.D., Signorelli, A. y Battistella, A. 2014. Salicáceas en el Delta del Paraná: situación actual y perspectivas. *Jornadas de Salicáceas - 4to Congr. Internac. de las Salicáceas en Arg.* La Plata: 13 pp.
- Cortizo, S. 2006. Mejoramiento genético del álamo. *Jornadas de Salicáceas 2006.* Buenos Aires: 102-106.
- Gezan SA, White TL and Huber DA. 2006. Achieving higher heritabilities through improved design and analysis of clonal trials. *Can J For Res* 36: 2148–2156.
- Hazel LN and Lush, J.L. 1942. The efficiency of three-methods of selection. *Journal of Heredity* 33: 393-399.
- Libby, WJ. 1982. What is a safe number of clones per plantation? Ed: Heybroek HM, Stephan BR, von Weissenberg K. Resistance to diseases and pests in forest trees. Proceedings of the Third International Workshop on the Genetics of Host-Parasite Interactions in Forestry. Centre for Agricultural Publishing and Documentation, Wageningen. Netherlands: 342-360.
- Monteverde, M.S. y Cortizo, S.C. 2014. Hibridaciones intra e interespecíficas: avances en la obtención de variabilidad genética del Programa de Mejoramiento de Álamo de INTA. VI Reunión GeMFO, Delta del Paraná, Buenos Aires. Ediciones INTA: 32-37 pp. ISBN 978-987-521-484-2.
- SAS. 2014. Versión 9.4. SAS for Windows. SAS Institute, Cary, North Caroline, USA.
- White, A. and Martin, A. 2002. Who owns the world's forests? Forest tenure and public forests in transition. *Forest Trends.* 30 pp.
- Zamudio F, Wolfinger R, Stanton B and Guerra F. 2008. The use of linear mixed model theory for the genetic analysis of repeated measures from clonal tests of forest trees. I. A focus on spatially repeated data. *Tree Genet Genomes* 4:299–313.