

Ganancia genética esperada en *Acacia mangium* en **San Carlos**, Zona Norte de Costa Rica

Benjamín Pavlotzky-Blank¹
Olman Murillo-Gamboa²

Resumen

Se evaluó un ensayo de progenie de *Acacia mangium* conformado por 25 familias provenientes de seis procedencias derivadas. El ensayo fue establecido en San Carlos, zona norte de Costa Rica, en el año 2006 y evaluado en el 2007 y en el 2010. Se utilizó material genético seleccionado por GENFORES, Cooperativa de Conservación y Mejoramiento Genético Forestal, en Costa Rica y Colombia. Cada familia estuvo representada por 48 progenies, plantadas en cuatro parejas distribuidas en forma aleatoria dentro de cada uno de los seis bloques del ensayo. En 2007 se midió el diámetro a la altura del pecho (dap), en 2010 se midió dap y se calculó el incremento diamétrico, número de trozas comerciales, presencia de bifurcación, altura de bifurcación y la calidad de las primeras cuatro trozas; además, se evaluó la adaptabilidad al sitio. Con las mediciones se determinó el volumen de madera comercial por árbol y hectárea. Los datos fueron analizados por medio del software SELEGEN, para obtener los parámetros genéticos. Todos los caracteres, excepto

Abstract

Expected genetic gain in *Acacia mangium* in Los Chiles, northern of Costa Rica

An *Acacia mangium* Willd. progeny test conformed by 25 families from six derivate provenances was evaluated. The trial was established in San Carlos, northern from Costa Rica in year 2006, and evaluated in 2007 and in 2010. Genetic material came from breeding selections obtained by GENFORES, a tree improvement and gene conservation cooperative, in Costa Rica and Colombia. Each family was represented by 48 progenies, randomly distributed in four pairs within each of the six blocks of the trial. In 2010, DBH, survival rate, merchantable number of logs per tree, forking presence, forking height and log quality in the first four logs were evaluated. Based on these measurements, wood commercial volume per tree and hectare was estimated. Data was analyzed with SELEGEN software in order to obtain all genetic parameters from the breeding population. All traits, except survival rate, showed family mean heritability

1. Universidad Nacional de Costa Rica, Escuela de Ciencias Ambientales; Heredia, Costa Rica; bpavlotzky@gmail.com

2. Instituto Tecnológico de Costa Rica, Escuela de Ingeniería Forestal; Cartago, Costa Rica; olmuga@yahoo.es; (506) 2550-2279

adaptabilidad, registraron valores de heredabilidad media familiar superiores a 0,62. Si se seleccionaran los dos mejores individuos dentro de las mejores 12 familias, se obtendría una ganancia genética del 31,24 % en volumen comercial/ha a los cuatro años de edad. Esta ganancia correspondería a un volumen comercial en troza de 67,89 m³/ha, a una tasa de 16,97 m³/ha/año. Las procedencias derivadas de Colombia fueron superiores significativamente a los demás materiales evaluados. El análisis de correlación genética entre caracteres mostró que la tasa de crecimiento diamétrico se expresa desde temprana edad en esta especie, lo que podría ser utilizado a futuro en una selección a menor edad.

Palabras clave: mejoramiento genético, procedencias, progenie, correlación genética, *Acacia mangium*, San Carlos, Costa Rica.

Introducción

La acacia (*A. mangium*) ha sido conocida por su capacidad de crecimiento y alta producción de biomasa, en suelos degradados, ácidos, de baja fertilidad y poco contenido de materia orgánica (Nirsatmanto *et al.* 2004; Kim *et al.* 2008).

Algunas especies del género *Acacia*, perteneciente a la familia de las Fabáceas, han tenido éxito en los programas de reforestación comercial en la zona oriental del trópico asiático: en Vietnam, van Bueren (2004) estima una superficie de 127000 ha plantadas con híbridos de acacia; en este mismo país, Kim *et al.* (2008), estiman 500000 ha plantadas con *A. mangium*, *A. auriculiformis* y el híbrido de ambas; en Indonesia, Nirsatmanto *et al.* (2004) estiman 800000 ha de *A. mangium*. Lo anterior refleja que en el trópico asiático esta especie se ha convertido en la opción de plantación que genera la mayor productividad en ciclos cortos de crecimiento.

En Costa Rica, esta especie fue introducida en los años 80, como parte de las investigaciones para la producción de leña y energía en Centroamérica (CATIE 1992). No obstante su gran potencial, es una especie que ha recibido poca atención por parte de los silvicultores nacionales, debido a la mala forma del fuste y bifurcaciones en las primeras introducciones, pero principalmente debido a la ocurrencia de plagas y enfermedades serias en varios sitios de América Central. Sin embargo, en la zona norte del país resurgieron varios proyectos de reforestación a escala comercial, que motivaron el inicio de un programa de mejoramiento genético y silvicultural (Guevara & Murillo 2009).

Como parte del manejo exitoso de esta especie en plantaciones comerciales, es necesaria la selección y desarrollo de individuos que muestren superioridad genética en calidad del fuste, tasa de crecimiento, calidad de la madera y fitosanidad. Trabajos en mejoramiento

values over 0.62. Genetic gain in commercial volume per hectare was estimated as 31.24 %, when selecting as progenitors the two best individuals from the top 12 families at four-year old, which corresponds to an estimated commercial volume/ha at this age of 67.89m³/ha, based on a growth rate of 16.97 m³/ha/year. The two Colombian provenances were significantly superior to the rest of the evaluated materials. Genetic correlations among traits showed that diameter growth rate is early expressed in this tree species, and therefore, could be used in future selections.

Key words: tree improvement, provenances, progeny test, genetic correlations, *Acacia mangium*, San Carlos, Costa Rica.

genético iniciados con *A. mangium* en la costa Caribe colombiana, reportan estimados de progreso genético de un 30 % en altura comercial, un 60 % en volumen comercial y aproximadamente un 28 % en calidad del fuste (Espitia *et al.* 2010).

Los ensayos genéticos tienen como objetivos principales comprobar la superioridad genética de los materiales seleccionados, así como determinar los parámetros genéticos de la población de mejoramiento (Zobel y Talbert 1984). Puede también incluirse como objetivo, cuando el diseño genético lo permite, la conversión del ensayo en una nueva fuente de producción de semilla mejorada (Murillo *et al.* 2001).

La presente investigación tuvo como objetivo investigar la variación y posible superioridad genética entre un grupo de procedencias y familias de árboles plus de *A. mangium*, en evaluación en la zona norte de Costa Rica. De esta forma, se espera definir la estrategia de introducción de germoplasma y de selección de los mejores materiales, para iniciar cuanto antes un programa local de mejoramiento genético con esta especie. El programa pretende encontrar materiales superiores en cuanto a su tasa de crecimiento en volumen, calidad de fuste, sanidad y adaptabilidad a los suelos ácidos de la zona norte del país.

Materiales y Métodos

Durante el 2006 se estableció un ensayo de progenie de 25 familias de *A. mangium* en el distrito de Pocosol, cantón de San Carlos, provincia de Alajuela, Costa Rica. Se plantaron materiales procedentes de Colombia (códigos K = Kanguroid y M = Córdoba) y Costa Rica (códigos P = Parrita y C = El Concho, San Carlos), así como lotes mezclados provenientes de República Dominicana (RDom) y Papúa Nueva Guinea (zona de

origen para la especie). Todas las familias (árboles plus) fueron obtenidas de polinización abierta (medios hermanos). El ensayo forma parte del primer programa de mejoramiento genético de *A. mangium* en Costa Rica, llevado a cabo por la Cooperativa de Mejoramiento Genético GENFORES.

El diseño experimental del ensayo genético es el empleado y propuesto por GENFORES (Murillo *et al.* 2001; Murillo & Badilla 2004), que consiste en un diseño de bloques completos al azar con seis bloques. Cada familia fue representada dentro de cada bloque por cuatro parejas de medios hermanos, aleatoriamente distribuidas y distantes espacialmente entre sí (aproximadamente 40 m), con el objetivo posterior de eliminar los individuos de pobre crecimiento y convertir el ensayo en huerto semillero (Figura 1). El diseño experimental es una variación del diseño de parcelas no contiguas dentro de bloques, propuestas inicialmente en los años 60 y discutidas ampliamente en el trabajo de Libby y Cockerham (1980). Los árboles fueron plantados con un distanciamiento de 3 m x 3 m en un terreno previamente subsolado a 30 cm de profundidad sobre las líneas de siembra, y posteriormente rastreado.

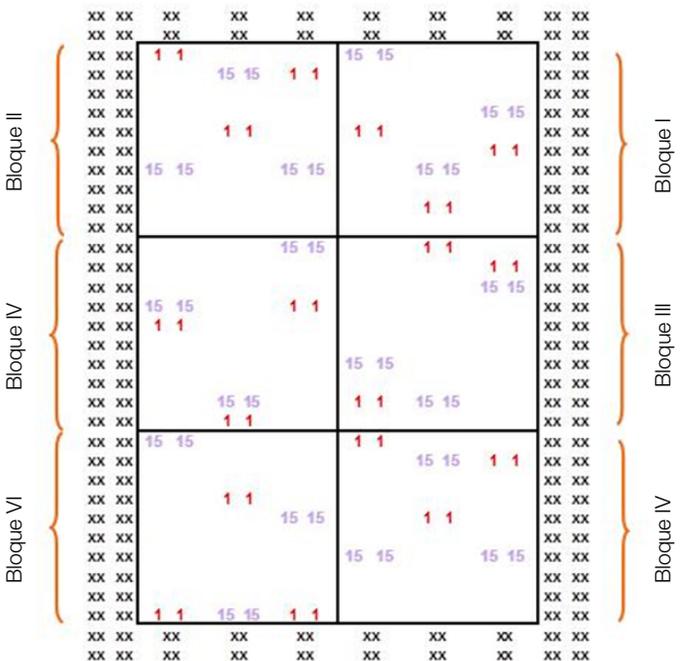


Figura 1: Diseño experimental desarrollado por GENFORES (Murillo y Badilla 2004) para la evaluación genética de materiales. Cada accesión se evalúa en 3 ó 4 parejas no contiguas y distribuidas aleatoriamente dentro de cada bloque (ejemplos accesión 1 y 15 con 3 parejas/bloque cada uno).

Figure 1: Experimental design for testing breeding materials developed by GENFORES (Murillo y Badilla 2004). Each accession is being evaluated by 3 to 4 non-contiguous pairs, randomly distributed within each block (examples in figure 1, accessions 1 and 15 with 3 pairs per block).

El sitio del ensayo pertenece a la zona de vida Bosque Húmedo Tropical del Sistema Holdridge de Zonas de Vida, con una precipitación promedio (mm/año) de 2500 – 3000, un brillo solar (horas/año) de 1825. La temperatura promedio anual (C°) es de 25,3 y la velocidad máxima del viento (Km/h) es de 31. El orden de suelos predominante es Ultisol (ECODirecta 2007 e Instituto Meteorológico Nacional, citados por SIRZEE 2010). Las coordenadas del sitio del ensayo son: Latitud Norte 10,835° y Longitud Oeste 84,389° (localidad El Concho, cantón de San Carlos).

Se efectuaron dos mediciones en los años 2007 y 2010, que corresponden a 1 y cuatro años de edad respectivamente. Los caracteres evaluados a los cuatro años de edad fueron:

- Diámetro a 1,3 m sobre el suelo (DAP).
- Incremento Corriente Anual del Periodo investigado ($ICA_{1 \text{ a cuatro años}}$) del DAP.
- Calidad de las primeras cuatro trozas de 2,5 m de longitud según la metodología propuesta por Murillo & Badilla (2004). Los valores de calidad de cada troza individual se sumaron de manera ponderada (según el Cuadro 1) para obtener un valor de calidad general (Cal) del árbol, que permitiera estimar el porcentaje de madera comercializable (0 % a 100 %).
- Presencia o ausencia de bifurcación (pérdida del eje principal) en escala binomial 1= sin bifurcación, 2 = con bifurcación.
- Número de troza en que se encuentra la primera bifurcación estimada visualmente (altura de bifurcación), B1 = bifurcado en la primera troza; B2 = bifurcado en la segunda troza; sucesivamente B3, B4 y B0 = sin bifurcación en ninguna sección del árbol.
- Supervivencia, en escala binomial: 1 = vivo, 2 = muerto.
- Volumen comercial sin corteza de cada árbol (hasta una altura donde el diámetro menor a 10 cm o hasta donde ocurra pérdida de la dominancia apical), estimado con el software de Calidad de Plantación Forestal y Avalúo (Murillo & Badilla 2011).
- Volumen comercial por hectárea, definido como el volumen real en troza comercial para el árbol promedio en cada familia, multiplicado por el estimado de supervivencia promedio (0 = 100 % mortalidad; 0,5 = 50 % de supervivencia; 1 = 100 % supervivencia) para cada familia a esta edad de referencia, multiplicado por el N inicial (N = 1111 en este caso). Volumen Comercial/ha/familia = Vol Com/Árbol/Familia * Supervivencia * N

Cuadro 1. Peso económico relativo (%) de cada troza a lo largo de la zona comercial del fuste (Espitia *et al.* 2010).

Table 1: Economical relative weight (%) for each wood log along the commercial section of the trunk (Espitia *et al.* 2010).

N° de trozas en el árbol	1er troza	2da troza	3ra troza	4ta troza	5ta troza
1	100	-	-	-	-
2	60	40	-	-	-
3	45	33	22	-	-
4	40	30	20	10	-
5	35	25	20	15	5

Para seleccionar los mejores individuos con base en sus méritos genéticos, es necesario estimar parámetros genéticos en la población de mejoramiento genético bajo evaluación. Nuevos procedimientos estadísticos avanzados, como modelos mixtos por medio de los métodos de Máxima Verosimilitud Restringida (Restricted Maximum Likelihood, REML) y Mejor Predicción Linear No Sesgada (Best Linear Unbiased Prediction, BLUP) están ahora disponibles en el software desarrollado por Resende en EMBRAPA, Brasil (Resende 2006). La ventaja de estos métodos es que realizan un mejor manejo de las bases de datos no balanceadas, para la generación de parámetros estadísticos (componentes de varianza) sin sesgo.

La base de datos se organizó en Excel para su posterior análisis en el software SELEGEN (Resende 2007), que permite la obtención de parámetros y orientar en la selección genética. Las familias se agruparon según su procedencia u origen con el fin de analizar su variación y comportamiento genético a nivel de procedencia. El análisis a nivel de familias se realizó con base en el modelo 1 de SELEGEN (bloques completos al azar, progenies de medios hermanos, varias plantas por parcela), mientras que el análisis al nivel de procedencias se realizó con el modelo 24 (bloques completos al azar, prueba de poblaciones o procedencias, varias plantas por parcela).

$$\text{Modelo 1: } y = Xr + Za + Wp + e \quad (1)$$

$$\text{Modelo 24: } y = Xr + Zg + Wp + e \quad (2)$$

Donde “y” es el vector de datos, “r” es el vector de los efectos de la repetición sumados a la media general, “a” es el vector de los efectos genéticos aditivos individuales, “g” es el vector de los efectos genéticos de poblaciones (asumidos como aleatorios), “p” es el vector de los efectos de la parcela (conjunto de progenies de cada familia en cada bloque), “e” es el vector de errores residuales. Las letras mayúsculas representan las matrices de incidencia para los efectos referidos (Resende 2006).

También se utilizó el modelo 106 de SELEGEN, que genera una optimización de los criterios de selección de los árboles, tratando de conciliar una menor endogamia (tamaño efectivo poblacional con la mayor diversidad posible) con la mayor ganancia genética posible. Como resultado, se procedió a seleccionar los mejores dos árboles dentro de cada familia, con el objeto de obtener un balance adecuado entre la ganancia genética a obtener (población comercial) y la mayor diversidad genética a mantener dentro de la población de mejoramiento.

Dado que el ensayo es relativamente joven, el primer raleo (intensidad de un 50 % con respecto al número de árboles) se efectuó con base en criterios silviculturales clásicos (menor diámetro y menor calidad de árbol). En cada pareja de medios hermanos a lo largo de todo el ensayo, se eligió para raleo el individuo dentro de la pareja con inferior desempeño. En la base de datos se generó entonces una nueva columna para los árboles remanentes, con el fin de comparar luego el efecto del raleo en el ranking genético y en los parámetros genéticos de la población.

De la información fenotípica de campo, se eliminaron los efectos ambientales por medio del software SELEGEN (Resende 2007), para luego poder estimar la correlación genética entre caracteres (ecuación 3). La significancia de los valores de correlación fue evaluada con la prueba estadística de “t” (ecuación 4), según el procedimiento sugerido por Steel y Torrie (1980).

$$r_{a(x,y)} = \frac{\text{COV}_{\hat{a}(x,y)}}{\hat{\sigma}_{\hat{a}x} \hat{\sigma}_{\hat{a}y}} \quad (3)$$

Donde, $\text{COV}_{\hat{a}(x,y)}$ es la covarianza genética entre los caracteres “X” and “Y”, mientras que $\hat{\sigma}_{\hat{a}x}$ y $\hat{\sigma}_{\hat{a}y}$ son las desviaciones estándar genéticas de los caracteres “X” y “Y” respectivamente.

$$t = \frac{r_{a(x,y)}}{\sqrt{\frac{1 - r_{a(x,y)}^2}{n - 2}}} \quad (4)$$

El tamaño efectivo de población se determinó a partir de la función sugerida por Vencovsky (en Resende 2002, pág 70) para familias de medios hermanos:

$$N_e = \frac{4 * N_f * k_f}{K_f + 3} \quad (5)$$

Donde, N_f = Número de familias seleccionadas; mientras que k_f es el número promedio de individuos seleccionados dentro de familias. Ambos parámetros de la función

umentan concada nuevo individuo incluido en la selección, en particular si el árbol pertenece a una nueva familia.

Resultados

En el cuadro 2 se muestra los estimados de los parámetros genéticos poblacionales obtenidos para cada uno de los caracteres investigados, previo al raleo silvicultural.

La varianza entre parcelas (V_{parc}) fue eliminada del Cuadro 2 debido a que registró valores insignificantes ($<1\%$) y, por que la mayor parte de la varianza fenotípica fue explicada por la varianza genética aditiva y la variación residual.

Los ocho caracteres evaluados registraron valores altos de heredabilidad individual (h^2a), así como de heredabilidad familiar (h^2mf), que oscilaron entre 62 % y 95 % (ver Cuadro 2), donde los valores más bajos corresponden a la heredabilidad individual. Estos resultados sugieren un alto control genético y una variación genética importante entre los materiales, que

permite estimar un progreso sustancial con el programa de mejoramiento. El carácter Calidad exhibe valores de heredabilidad y variación genética aditiva (CV_{gi}) tan altos como los caracteres cuantitativos.

Luego de realizar el raleo silvicultural (50 % de los árboles) dentro de cada subparcela o pareja, se volvieron a analizar los datos con los individuos remanentes, cuyos parámetros genéticos respectivos se presentan en el Cuadro 3.. Se indica además, el porcentaje de variación de cada parámetro con el efecto del raleo.

De manera general, los valores de heredabilidad oscilaron poco con el efecto del raleo. En particular, la heredabilidad familiar registró una variación menor que la heredabilidad individual. La eliminación de aproximadamente el 50 % de los individuos dentro de cada parcela (familia en cada bloque), produjo una disminución en la variabilidad y en los coeficientes de heredabilidad, donde el “n” ahora se redujo a un valor de 4. Sin embargo, los individuos remanentes fueron a su vez, los mejores representantes de cada familia,

Cuadro 2. Parámetros genéticos de 25 familias de medios hermanos de *A. mangium* de cuatro años de edad en San Carlos, Costa Rica, 2010.

Table 2. Genetic parameters from 25 half-sibs *A. mangium* families at four-year-old in San Carlos, Costa Rica, 2010.

Parámetros	Volumen Comercial/ha	Volumen Comercial por Árbol	Calidad	DAP _{año1}	DAP _{año4}	ICA del DAP ₁₋₄	Presencia Bifurc.	Altura Bifurcac
Va	309,59	2,79x10 ⁻⁴	189,19	0,84	8,57	0,43	0,01	0,24
Ve	236,97	2,36x10 ⁻⁴	261,76	0,70	0,52	0,72	0,11	0,94
Vf	562,72	5,31x10 ⁻⁴	459,03	1,55	9,24	1,15	0,12	1,18
h ² a	0,55 ±0,12	0,53±0,12	0,41± 0,11	0,54 ±0,12	0,93±0,16	0,37 ±0,10	0,07 ±0,05	0,20±0,07
h ² mf	0,91	0,90	0,89	0,93	0,95	0,90	0,62	0,82
Exactitud	0,95	0,95	0,94	0,96	0,98	0,95	0,79	0,90
h ² ad	0,49	0,47	0,35	0,47	0,92	0,31	0,06	0,16
CV _{gi} %	56,90	55,42	28,11	27,46	20,77	19,10	10,83	15,76
CV _{gf} %	28,45	27,71	14,06	13,73	10,38	9,55	5,41	7,88
CV _e %	22,27	22,29	12,09	9,38	5,56	7,92	10,33	9,04
CV _r	1,28	1,24	1,16	1,46	1,87	1,20	0,52	0,87
SEP	2,68	0,00	2,28	0,12	0,31	0,11	0,03	0,10
Media	30,92	0,03	48,93	3,34	14,09	3,44	0,86	3,13

Va: varianza genética aditiva.

Ve: varianza residual o no explicada por el modelo

V_{parc}: varianza ambiental entre parcelas (familias dentro de bloques), no incluida en el cuadro 2.

Vf: Va + V_{parc} + Ve: varianza fenotípica total.

h²a: heredabilidad individual en sentido estricto, es decir, de los efectos genéticos aditivos.

h²mf: $\frac{0,25Va}{0,25Va + \frac{V_{\text{parc}}}{6} + \frac{0,75Va + Ve}{8}}$ heredabilidad media de familias, asumiendo sobrevivencia completa, donde 6 es el número de repeticiones (o bloques) y 8 el número de individuos/familia/bloque iniciales o antes del raleo.

Exactitud de estimación de parámetros: raíz cuadrada de h²mf: exactitud de selección de progenies, asumiendo sobrevivencia completa.

h²ad: $\frac{0,75Va}{0,75Va + Ve}$ heredabilidad aditiva o heredabilidad dentro de familias (“within family”).

CV_{gi}%: $\left\{ \frac{\sqrt{Va}}{\text{Media General}} \right\} \cdot 100$ coeficiente de variación genética aditiva individual.

CV_{gf}%: $\left\{ \frac{\sqrt{\frac{V_{\text{parc}}}{6}}}{\text{Media General}} \right\} \cdot 100$ coeficiente de variación genotípica entre familias de medios hermanos.

CV_e%: $\left\{ \frac{\sqrt{\frac{0,75Va + Ve}{8}}}{\text{Media General}} \right\} \cdot 100$ coeficiente de variación experimental.

CV_r: CV_{gf}/CV_e = coeficiente de variación relativa.

SEP: desviación estándar del valor genotípico estimado de familia, asumiendo sobrevivencia completa.

Media del experimento para cada carácter.

Cuadro 3. Parámetros genéticos post raleo (50 %) y porcentaje de variación, en un ensayo de progenie de familias de medios hermanos de *A. mangium* de cuatro años de edad en San Carlos, Costa Rica, 2010.

Table 3. Post-thinning genetic parameters and variation percentage, in half-sibs *A. mangium* families, at a four-year-old progeny test in San Carlos, Costa Rica, 2010.

Parámetros	Volumen Com./ha	Volumen Com.	Calidad	DAP _{año1}	DAP _{año4}	ICA DAP	Presencia Bifurcac.	Altura de Bifurcac.
Va	324,17 (↑4,7%)	2,77x10 ⁻⁴ (↓0,7%)	111,93 (↓40,8%)	0,58 (↓30,8%)	6,45 (↓24,7%)	0,42 (↓3,5%)	0,01 (↑13,5%)	0,20 (↓15,4%)
Ve	209,4 (↓11,6%)	0,0002 (↓5,5%)	252,7 (↓3,4%)	0,7 (↓3,5%)	0,1 (↓83,8%)	0,3 (↓53,4%)	0,1 (↑0,2%)	0,8 (↓11,1%)
Vf	542,7 (↓3,5%)	0,0005 (↓3,9%)	376,3 (↓18%)	1,3 (↓18,4%)	6,8 (↓26,3%)	0,7 (↓34,3%)	0,1 (↑1,6%)	1,1 (↓9,7%)
h ² a	0,60 ±0,18 (↑8,5%)	0,54±0,17 (↑3,2%)	0,30±0,12 (↓27,8%)	0,46±0,15 (↓15,2%)	0,95±0,22 (↑2,1%)	0,55±0,17 (↑46,9%)	0,08± 0,06 (↑11,8%)	0,19± 0,10 (↓6,3%)
h ² mf	0,89 (↓1,7%)	0,88 (↓2,7%)	0,77 (↓13,1%)	0,86 (↓6,3%)	0,92 (↓3,4%)	0,88 (↓1,1%)	0,52 (↓15,9%)	0,68 (↓16,4%)
Exactitud	0,94 (↓0,9%)	0,93 (↓1,3%)	0,87 (↓6,8%)	0,93 (↓3,2%)	0,95 (↓1,7%)	0,94 (↓0,5%)	0,72 (↓8,3%)	0,82 (↓8,6%)
h ² ad	0,53 (↑8,5%)	0,48 (↑2,4%)	0,24 (↓29,1%)	0,39 (↓17,2%)	0,98 (↑6,3%)	0,48 (↑55,4%)	0,06 (↑12,4%)	0,15 (↓4,1%)
CVgi%	47 (↓17,5%)	44 (↓19,8%)	19 (↓31,1%)	22 (↓19,2%)	17 (↓16,6%)	17 (↓7,8%)	11 (↑6,8%)	14 (↓13,1%)
CVgf%	23 (↓17,5%)	22 (↓19,8%)	9,7 (↓31,1%)	11 (↓19,2%)	8,6 (↓16,6%)	8,8 (↓7,8%)	5,8 (↑6,8%)	6,8 (↓13,1%)
CVe%	20 (↓9,8%)	20 (↓9,1%)	13 (↑6,02%)	10 (↑12,5%)	6,2 (↑11,2%)	7,7 (↓3%)	13 (↑30,9%)	11 (↑25,7%)
CVr	1,2 (↓8,62%)	1,1 (↓11,8%)	0,7 (↓35 %)	1,1 (↓28,2%)	1,4 (↓25%)	1,1 (↓4,9%)	0,4 (↓18,4%)	0,6 (↓30,9%)
SEP	3 (↑10,9%)	0,003 (↑11,3%)	2,5 (↑10,4%)	0,1 (↑12%)	0,3 (↑13,7%)	0,1 (↑2,7%)	0,1 (↑19,7%)	0,1 (↑21,6%)
Media	38,4 (↑24,1%)	0,1 (↑24,1%)	54,6 (↑11,7%)	3,4 (↑2,9%)	14,7 (↑4,1%)	3,7 (↑6,5%)	0,9 (↓0,3%)	3,3 (↑5,9%)

Cuadro 4. Matriz de correlaciones genéticas post-raleo de los caracteres medidos en un ensayo de progenie de familias de medios hermanos, de *A. mangium* de cuatro años de edad en San Carlos, Costa Rica, 2010.

Table 4. Post-thinning genetic correlation matrix among measured traits in a half-sib *A. mangium* progeny test, at four-year-old test in San Carlos, Costa Rica, 2010.

Carácter	Calidad	DAP _{año1}	DAP _{año4}	ICA del DAP	Bifurcac.	Altura de Bifurcac.	Vol. Com. por Ha
Vol com	-0,30**	0,86***	0,95***	0,83***	0,09ns	0,03ns	0,99***
Calidad		-0,41**	-0,56***	-0,62***	-0,76***	0,88***	-0,30**
DAP _{año1}			0,88***	0,66***	0,08ns	-0,07ns	0,83***
DAP _{año4}				0,92***	0,29**	-0,24**	0,94***
ICA DAP					0,41**	-0,36**	0,83***
Presencia Bifurcación						-0,88***	0,12
Altura de Bifurcación							0,01ns

ns = no significativo; ** significativo a ∞ de 95; *** significativo para un ∞ de 0.01.

por tanto, las diferencias entre familias se mantuvieron y podrían explicar las oscilaciones observadas. Como es de esperar, los valores promedio de cada carácter cuantitativo sufrieron un leve aumento con la eliminación de los individuos menos vigorosos. Sin embargo, los valores de heredabilidad media familiar de los caracteres cualitativos altura de bifurcación, presencia de bifurcación y calidad se redujeron considerablemente: 16,5 %, 16 % y 13 % respectivamente. Así también, pudo observarse que todos los coeficientes de variación relativa disminuyeron. Para el carácter Presencia de Bifurcación, la disminución del valor reflejó una mejoría

en la característica, ya que 1 equivale a bifurcación presente y 0 a ausente. El raleo muy probablemente eliminó varios individuos con bifurcaciones a muy baja altura, favoreciendo con esto el parámetro y su estimador de heredabilidad.

En el cuadro 4 se presentan los resultados de las correlaciones genéticas entre los caracteres investigados con base en la base de datos post raleo.

Tal y como se espera, el volumen comercial individual y el volumen comercial por hectárea se correlacionaron

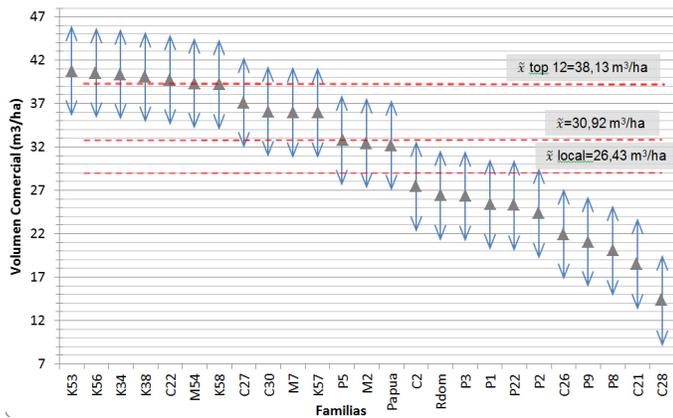


Figura 2. Valores genéticos y límites de confianza para el volumen comercial por hectárea previo al raleo, en un ensayo de progenie de 25 familias de *A. mangium* de cuatro años de edad, San Carlos, Costa Rica, 2010.

Figure 2. Genetic values and confidence limits for commercial volume per ha previous to thinning, in a progeny test with 25 *A. mangium* families, at four-year-old in San Carlos, Costa Rica, 2010.

positiva y significativamente con los demás caracteres cuantitativos (DAP_1 , DAP_4 e ICA del DAP). Sin embargo, estuvieron inversamente correlacionados con la calidad y sin ninguna relación con la presencia de bifurcaciones o altura de bifurcación. La variable calidad está determinada en gran medida por ambas variables de bifurcación, por tanto, a mayor altura de bifurcación mejor es la calidad del árbol ($r = 0,88$) y a mayor presencia de bifurcación peor es la calidad ($r = -0,76$). Por otro lado, la calidad se encuentra inversamente relacionada al incremento del DAP entre los años 1 y 4, donde los árboles con mejor calidad presentaron tasas lentas de incremento del DAP en este periodo de edad ($r = -0,62$).

El carácter volumen comercial por hectárea integra prácticamente, a todos los otros caracteres analizados, por lo que la selección de las mejores familias e individuos se realizó con base en los estimados del mismo.

Entre la mejor familia (K53) y la peor (C28) se encontró una diferencia de $26,43 \text{ m}^3/\text{ha}$ (284 %) (Figura 2). Las mejores siete familias exhibieron diferencias significativas con la 15va familia (C2) hacia abajo en el ranking genético; mientras que las primeras 14 familias no presentaron diferencias significativas entre sí. El promedio de las 12 mejores familias ($X = 38,13 \text{ m}^3/\text{ha}$) superó en $7,21 \text{ m}^3/\text{ha}$ al promedio general con 25 familias evaluadas, lo que representó un 23 %. El producto de este diferencial de selección (Top 12) con la heredabilidad familiar ($h^2mf = 0,91$), estima una ganancia genética en este programa de $GG = S \cdot h^2mf = 21,2 \%$ para el volumen comercial por hectárea a los cuatro años de edad.

Luego del raleo (Figura 3), las primeras 15 familias no presentaron diferencias significativas entre sí, pero se

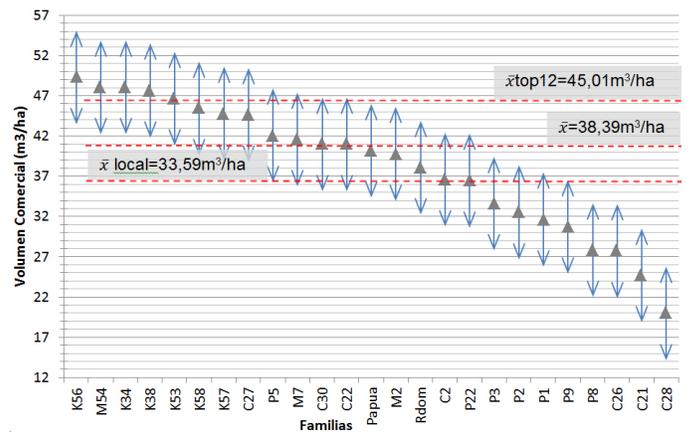


Figura 3. Valores genéticos y límites de confianza para el volumen comercial por hectárea, estimado posterior al raleo, en un ensayo de progenie de *A. mangium* de cuatro años de edad, en San Carlos, Costa Rica, 2010.

Figure 3. Genetic values and confidence limits for commercial volume per ha, post-thinning in an *A. mangium* progeny test at four-year-old in San Carlos, Costa Rica, 2010.

mantuvo una tendencia similar en el ranking genético (Figura 4). El promedio de las mejores 12 familias fue de $45 \text{ m}^3/\text{ha}$ y el diferencial de selección correspondiente con el promedio de las 25 familias, fue de $6,6 \text{ m}^3/\text{ha}$ y $h^2mf = 0,89$. Por tanto, la ganancia genética en volumen comercial/ha se estimó en 15,3 %, a los cuatro años de edad.

El raleo de las subparcelas (parejas) modificó levemente las posiciones de las familias en el ranking genético del volumen comercial por hectárea (ver Cuadro 5), pero la tendencia general de superioridad de las familias con código K y M (origen colombiano) se mantuvo. Puede observarse, que tanto las mejores 12 familias, como las peores 13 familias en el ranking genético del volumen comercial/ha se mantuvieron después del raleo (Figura 4).

Se utilizó la restricción de dos individuos por familia para buscar que el tamaño efectivo poblacional (N_e) y por tanto la base genética del ensayo, se mantuviera con la mayor diversidad genética posible. De acuerdo con el cuadro 6, una plantación establecida con semilla mejorada de un huerto semillero con estos 24 árboles tendría $67,89 \text{ m}^3/\text{ha}$ de madera comercial a los cuatro años de edad. Este valor supera en $29,5 \text{ m}^3/\text{ha}$ (76,84 %) al promedio original poblacional. Finalmente, para estimar la ganancia genética esperada al seleccionar las mejores 12 familias, y luego a los mejores dos individuos dentro de esas mismas 12 familias, el procedimiento es como sigue:

$$GG = S_{FAM} \times h^2mf + S_{DentroDeFAM} \times h^2ad \quad S = \text{diferencial de selección entre familias y dentro de familias}$$

$$GG = 5,89 \text{ m}^3/\text{ha} + (21,8 \text{ m}^3/\text{ha}) \times 0,53$$

$$GG = 5,89 \text{ m}^3/\text{ha} + 11,55 \text{ m}^3/\text{ha} = 17,44 \text{ m}^3/\text{ha} = 31,24 \%$$

Cuadro 5. Ranking genético, ganancia genética y rendimiento esperado en la progenie de familias de *A. mangium* con relación a su volumen comercial por hectárea, a los cuatro años de edad, en San Carlos, Costa Rica, 2010. El número entre paréntesis indica el cambio de posición en el ranking luego de realizado el raleo dentro del ensayo de progenie.

Table 5. Genetic ranking, genetic gain and expected yield in the progeny from *A. mangium* families, in relation to its commercial volume per ha at four-year-old in San Carlos, Costa Rica, 2010. Numbers in parenthesis indicate changes in ranking position after performed a thinning within the progeny test.

Posición	Familia	Ganancia genética (m ³ /ha)	Nueva media de su progenie
01	K56 (+1)	21,74	60,14
02	M54 (+4)	20,55	58,95
03	K34 (=)	20,13	58,52
04	K38 (=)	19,72	58,12
05	K53 (-4)	19,08	57,48
06	K58 (+1)	18,25	56,65
07	K57 (+4)	17,48	55,87
08	C27 (=)	16,86	55,25
09	P5 (+3)	15,80	54,20
10	M7 (=)	14,86	53,26
11	C30 (-2)	13,98	52,38
12	C22 (-7)	13,24	51,64
13	Papúa (+1)	12,50	50,89
14	M2 (-1)	11,80	50,19
15	Rep Dom (+1)	10,97	49,36
16	C2 (-1)	10,05	48,45
17	P22 (+2)	9,23	47,63
18	P3 (-1)	8,19	46,58
19	P2 (+1)	7,14	45,53
20	P1 (-2)	6,10	44,50
21	P9 (+1)	5,08	43,48
22	P8 (+1)	3,89	42,29
23	C26 (-2)	2,79	41,19
24	C21 (=)	1,53	39,93
25	C28 (=)	0,00	38,39

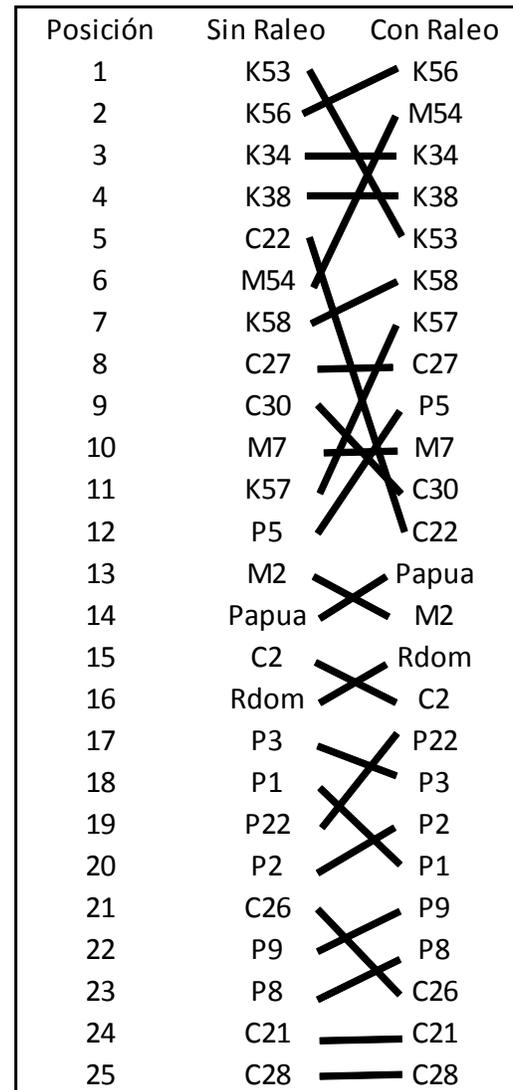


Figura 4. Efecto del raleo en el movimiento de familias de *A. mangium* en el ranking genético del volumen comercial por hectárea a los cuatro años de edad, en San Carlos, Costa Rica, 2010.

Figure 4. Thinning effects in genetic ranking of *A. mangium* families for commercial volume per ha at four-year-old in San Carlos, Costa Rica, 2010.

Resulta importante analizar los materiales desde el punto de vista de su origen geográfico, información vital para intentar ampliar la base genética a futuro. Se presenta entonces en el Cuadro 7, un análisis por procedencia, sin distinción de la estructura familiar.

Puede observarse en el cuadro 7, una tendencia similar a la del análisis de progenies por familias mostrado anteriormente. En este caso, las heredabilidades se mantuvieron muy elevadas en todos los caracteres investigados.

En términos de ranking genético para el volumen comercial por ha, las procedencias derivadas Kanguroid

y Córdoba (ambas de Córdoba, Colombia) resultaron ser las de mayor producción, aunque únicamente hay diferencias significativas entre las procedencias El Concho (Costa Rica) y Kanguroid (Colombia) (Figura 5).

En el cuadro 8, puede observarse que solamente las tres mejores procedencias (origen colombiano y de Papúa) estuvieron por encima del promedio global del ensayo (39,16 m³/ha). Si se seleccionan únicamente estas tres procedencias derivadas como fuentes semilleras, el nuevo promedio de toda su progenie produciría un volumen de 42,09 m³/ha a los cuatro años de edad, que representa una ganancia de 2,93 m³/ha (7,4 %) con respecto al promedio del mismo ensayo.

Cuadro 6. Parámetros genéticos en volumen comercial por ha en la población comercial si se seleccionan los dos mejores individuos de las mejores 12 familias, post raleo, del ensayo de progenie de *A. mangium* en su volumen comercial por hectárea a los cuatro años de edad, en San Carlos, Costa Rica, 2010.

Table 6. Genetic parameters in commercial volumen per ha in the commercial population after the selection of the best two trees within the best 12 families, after thinnings in an *A. mangium* four-year-old in San Carlos, Costa Rica, 2010.

Posición	Familia	Valor Fenotípico	A	Ganancia (m ³ /ha)	Nuevo Valor Medio en su progenie (m ³ /ha)	Diversidad (Ne)
1	K58	111,91	39,26	39,26	77,65	1,00
2	K34	109,47	39,14	39,14	77,53	2,00
3	K58	105,17	39,02	39,02	77,41	3,00
4	C30	108,42	38,80	38,80	77,20	4,00
5	K34	97,20	38,23	38,23	76,62	4,71
6	M54	98,61	37,46	37,46	75,85	5,71
7	P5	95,40	36,70	36,70	75,09	6,72
8	C30	100,22	36,11	36,11	74,50	7,38
9	K53	95,37	35,64	35,64	74,04	8,40
10	K56	89,22	35,10	35,10	73,49	9,41
11	K38	85,11	34,61	34,61	73,01	10,42
12	K57	93,81	34,18	34,18	72,58	11,08
13	K56	79,21	33,79	33,79	72,18	11,70
14	K53	81,08	33,45	33,45	71,84	12,29
15	K57	86,10	33,12	33,12	71,52	12,86
16	M54	88,17	32,80	32,80	71,20	13,40
17	K38	73,80	32,40	32,40	70,80	13,91
18	M7	86,55	31,96	31,96	70,36	15,00
19	C22	86,89	31,55	31,55	69,95	16,08
20	P5	82,81	31,12	31,12	69,51	16,60
21	M7	77,67	30,68	30,68	69,08	17,11
22	C27	69,67	30,28	30,28	68,68	18,21
23	C27	74,22	29,89	29,89	68,28	18,71
24	C22	74,59	29,50	29,50	67,89	19,20

Donde

f: valor fenotípico individual

a: efecto genético aditivo predicho

Nueva media si se plantara solamente la semilla de este individuo y de todos los demás que lo superen en el ranking.

Ne: tamaño efectivo poblacional o número de genotipos no emparentados en la población.

Cuadro 7. Estimaciones de parámetros genéticos post raleo, en un ensayo de procedencias de *A. mangium* a los cuatro años de edad, en San Carlos, Costa Rica, 2010.

Table 7. Post-thinning genetic parameters estimates in a four-year-old *A. mangium* provenance test in San Carlos, Costa Rica, 2010.

Parámetros	Volumen Com./ha	Volumen Com.	Calidad	DAP _{año1}	DAP _{año4}	ICA DAP	Presencia Bifurcac.	Altura Bifurc.
Vg	24,14	2,5x10 ⁻⁵	23,50	0,12	0,83	0,03	0,0027	0,05
Ve	481,72	2,7x10 ⁻⁵	354,69	1,14	5,56	0,69	0,11	1,02
Vf	532,65	5,05x10 ⁻⁴	379,52	1,26	6,67	0,76	0,12	1,08
h ² mf	0,77	0,78	0,91	0,94	0,91	0,71	0,70	0,88
Exactitud	0,88	0,88	0,95	0,97	0,95	0,85	0,84	0,94
Media	39,16	0,04	52,79	3,50	14,86	3,69	0,86	3,25

Cuadro 8. Parámetros genéticos del volumen comercial por ha en seis procedencias de *A. mangium* evaluadas a los cuatro años de edad luego del raleo silvicultural, en San Carlos, Costa Rica, 2010.

Table 8. Genetic parameters for commercial volumen/ha in six four-year-old *A. mangium* provenances, after a silvicultural thinning, in San Carlos, Costa Rica, 2010.

Ranking	Procedencia	g	Valor genético (u+g)	Ganancia m ³ /ha)	Nueva media (m ³ /ha)
1	Tierralta, Córdoba	4,44	43,60	4,44	43,60
2	Mancuso, Córdoba	3,54	42,70	3,99	43,15
3	Papúa Nueva Guinea	0,79	39,95	2,93	42,09
4	República Dominicana	-0,60	38,56	2,04	41,21
5	Parrita	-3,04	36,12	1,03	40,19

Discusión

No se evidencian grandes diferencias en las estimaciones de los parámetros genéticos entre los caracteres cuantitativos y los cualitativos previo al raleo. Luego del raleo la heredabilidad de los caracteres cualitativos se redujo en mayor magnitud que los valores de heredabilidad de caracteres cuantitativos. Dado que el raleo eliminó sistemáticamente al peor individuo (en calidad o crecimiento) dentro de cada una de las parejas en todo el ensayo, provocó una disminución del número de observaciones por familia, que como consecuencia redujo la variabilidad genética dentro de cada familia.

Trabajos de simulación de raleos en ensayos genéticos demuestran que incluso la heredabilidad puede aumentar en el caso de raleos selectivos, producto de concentrar la medición en los árboles más gruesos o de mayor volumen (Matheson & Raymond 1984). Sin embargo, estos mismos autores reportan que las diferencias post-raleos no suelen ser significativas y no logran afectar sensiblemente el ranking genético, tal y como ocurrió en este trabajo. Esto demuestra la importancia de la precaución a la hora de analizar e interpretar los datos de un ensayo genético. Valores más bajos en los estimados de heredabilidad post-raleo implica una menor diferenciación genética en el ranking de las familias para este carácter (menor sensibilidad del experimento para detectar). Sin embargo, en la figura 4 se puede observar que las mismas familias se ubicaron en los primeros 12 puestos del ranking genético. Así también, las peores 10 familias se ubicaron en las posiciones más bajas después del raleo (Cuadro 6 y Figura 4). Por tanto, la eliminación del individuo de menor crecimiento o calidad dentro de cada pareja inicial no afectó la estructura genética del ensayo. Puede inclusive argumentarse que este diseño es un variante en el tiempo del diseño de árboles individuales (Single Tree Plot), ya que después del raleo queda en terreno precisamente un diseño de árboles individuales, con todas sus ventajas sobre los demás diseños genéticos (Scarpinati *et al.* 2009). Pero a la vez, incorpora mejoras al lograr reducir el desbalance inicial causado por la mortalidad o errores de establecimiento,

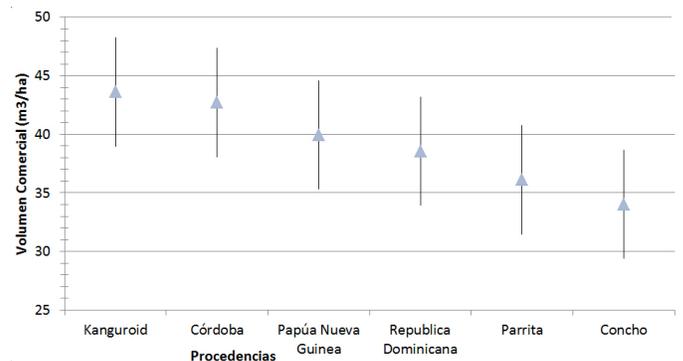


Figura 5. Valores genotípicos y límites de confianza para el volumen comercial por hectárea post raleo, en un ensayo de procedencias de *A. mangium* de cuatro años de edad, en San Carlos, Costa Rica, 2010.

Figure 5. Genotypic values and confidence limits for post-thinning commercial volume per ha in four-year-old *A. mangium* provenance test, in San Carlos, Costa Rica, 2010.

más la eliminación de los peores representantes de cada familia. De modo que el análisis genético ocurre finalmente con los mejores representantes de cada familia y con un menor nivel de desbalance. Una vez efectuado el raleo silvicultural de un 50 % de los árboles, el ensayo logra disminuir la competencia y puede continuar por algunos años más generando información genética valiosa. Finalmente, posterior al raleo silvicultural, el ensayo se convierte automáticamente en un huerto semillero no comprobado. Será necesario un segundo raleo basado en parámetros genéticos (*roguing*), donde se eliminen procedencias o familias, con base en su valor genético (ranking). Sin embargo, puede garantizarse que después del primer raleo silvicultural, este ensayo si logrará producir semilla con algún nivel de mejoramiento. Con base en el efecto del raleo en los parámetros genéticos, puede concluirse que el ensayo mejora al corregir posibles errores experimentales iniciales y de manejo, que podrían confundir la estimación de los verdaderos efectos genéticos.

A nivel de procedencias, familias y árboles individuales, las accesiones con código Kanguroid y Mancuso

(procedencias derivadas de Colombia) fueron las mejor posicionadas en el ranking genético (Figuras 2, 3 y 4, Cuadros 6 y 7). Mientras que individualmente las familias Parrita 5, Concho 27 y Concho 30, también presentaron buenos resultados y se lograron filtrar en las primeras posiciones, lo que incrementaría la diversidad genética en un futuro huerto semillero, junto con los materiales colombianos.

En cuanto a la adaptabilidad al sitio (determinada a través de la tasa de mortalidad), no se evidenció un control genético importante, posiblemente dada la muy baja tasa de mortalidad. Todos los genotipos evaluados se adaptaron bien a las condiciones ambientales del ensayo.

En cuanto a las correlaciones genéticas, como se esperaría, todos los caracteres cuantitativos estaban positivamente correlacionados entre sí. El diámetro al año 1 estaba fuertemente relacionado con el diámetro del año 4 ($r = 0,88$). Por lo tanto, el potencial de crecimiento diamétrico que exhibieron los árboles se expresó desde temprana edad y se mantuvo de manera robusta hasta el año 4. Esto podría ser utilizado operativamente, dado que permitiría realizar selección temprana en esta especie. Esta correlación juvenil-adulto tan alta para el DAP, puede ser explicada en relación con la tasa de crecimiento tan acelerada de esta especie, y a que *A. mangium* es una especie de un ciclo de vida corto (se estima menor a 15-20 años, CATIE 1992).

La calidad del árbol se correlacionó inversamente proporcional con el incremento en diámetro ($r = -0,62$). Debe mencionarse que la variable Calidad involucra todos los criterios individuales cualitativos que afectan el fuste y su potencial industrial. Por tanto, la variable Calidad es una especie de Índice que incluye la presencia de bifurcaciones, rectitud del fuste, tipo de ramas, etc., por tanto, se encuentra relacionada con los caracteres de bifurcación evaluados en esta investigación. Al año 1 el DAP exhibió una correlación negativa derecha con la calidad ($r = -0,41$), que se acentuó al año 4 donde aumentó a $r = -0,56$. Estos datos sugieren que a mayor tasa de incremento en diámetro, la calidad del fuste mostró una tendencia a disminuir. Esta relación inversa entre calidad e incremento en diámetro afectó negativamente al volumen comercial por hectárea ($r = -0,30$). Debe mencionarse el fenómeno que produce una bifurcación a baja altura en el DAP, que estimula su aumento en una proporción mayor a la de un árbol no bifurcado. Este hecho podría explicar las correlaciones con valores altos y positivos entre el DAP_{año4} y el ICA del DAP con la presencia de bifurcación ($r = 0,29$; $r = 0,41$ respectivamente), donde los árboles que tuvieron mayor tasa de crecimiento fueron los bifurcados. Mientras que si la bifurcación se aleja del DAP (mayor altura de bifurcación en el fuste), el efecto positivo de crecimiento diamétrico no ocurrirá. Por tanto la variable Altura de Bifurcación expresa claramente este patrón

de inversa relación con el DAP_{año4} y el ICA del DAP ($r = -0,24$; $r = -0,36$ respectivamente). Los valores de DAP_{año1} registran el comportamiento del árbol a una edad muy temprana, donde probablemente no se expresó aún estas relaciones con la Bifurcación.

El cálculo de la variable volumen comercial por hectárea se realizó integrando todas las variables de calidad, crecimiento y mortalidad. Es, por lo tanto, un indicador del valor económico real del árbol que puede ser analizado genéticamente y permite definir al mejor material genético de acuerdo con los objetivos de la plantación: obtener la mayor cantidad de madera de la mejor calidad posible con turnos de corta reducidos y con la menor inversión en mantenimientos y replantes.

Los resultados demuestran la superioridad de las procedencias de Colombia con relación a las costarricenses, de Papúa Nueva Guinea y de República Dominicana; por lo que se debería continuar introduciendo material genético de este país para enriquecer el programa nacional con esta especie. No se cuenta con información sobre el origen genético de los materiales colombianos, donde la especie también fue introducida.

Finalmente, se estimó una ganancia genética del 31,24 % en la variable volumen comercial por hectárea, seleccionando las 12 mejores familias y luego los dos mejores árboles de cada una de estas familias. Una plantación establecida con este material alcanzaría a los cuatro años de edad ($N = 1111$) en San Carlos, zona norte, 67,89 m³/ha con dap mínimo de 10 cm de diámetro y sin madera defectuosa ($IMA = 17$ m³/ha/año), que es sumamente alto si se considera que no incluye el volumen sin valor para aserrío, que sin duda aportaría un importante recurso para los mercados emergentes de biomasa o energía.

Conclusiones

En términos generales, las mejores familias fueron las provenientes de Colombia (procedencias derivadas Kanguroid y Córdoba). Sin embargo, las familias con código C30, P5, C22 y C27, pertenecientes a procedencias derivadas locales (El Concho y Parrita), también se sitúan dentro del top 12 del ranking de Volumen Comercial por hectárea, lo cual es altamente beneficioso dado que incrementa sustancialmente la variación genética del futuro huerto semillero.

Se recomienda continuar introduciendo material genético de Colombia, en particular del programa de mejoramiento genético de la empresa Kanguroid (Tierralta, Córdoba), con el fin de seguir enriqueciendo el programa nacional de mejoramiento de esta especie.

Si se seleccionan los mejores 24 genotipos (los dos mejores árboles de las mejores 12 familias), se alcanzaría una ganancia genética estimada del 31,24 % en el Volumen Comercial por hectárea. Una plantación establecida con este material alcanzaría a los cuatro años de edad (N =1111) en la zona norte de Costa Rica, 67,89 m³/ha hasta un diámetro mínimo de 10 cm y sin madera defectuosa (IMA = 16,97 m³/ha/año).

Referencias

- Bueren, M van. 2004. *Acacia* hybrids in Vietnam. Canberra, AU, ACIAR (Australian Centre for International Agricultural Research). 44 p. (ACIAR Project FST/1986/030).
- CATIE (Centro Agronómico Tropical de Investigación y Enseñanza, CR). 1992. *Mangium*, *Acacia mangium* Willd: especie de árbol de uso múltiple en América Central. Turrialba, CR, CATIE. 62 p.
- Espitia, M; Murillo, O; Castillo, C; Araméndiz, H; Paternina, N. 2010. Ganancia genética esperada en la selección de acacia (*Acacia mangium* Willd) en Córdoba (Colombia). *Revista UDCA Actualidad & Divulgación Científica* 13(2):99-107.
- Guevara-Bonilla, M; Murillo-Gamboa, O. 2009. Costos y rendimientos de ocho tipos de poda en plantaciones jóvenes de *Acacia mangium* Willd en la zona norte de Costa Rica. *Kurú: Revista Forestal* 6(17):1-7. Consultado 5 jul. 2010. Disponible en <http://www.tec-digital.itcr.ac.cr/servicios/ojs/index.php/kuru/article/view/388/321>
- Kim, N; Matsumura, J; Oda, K; Cuong, N. 2008. Possibility of improvement in fundamental properties of wood of acacia hybrids by artificial hybridization. *Journal of Wood Science* 55(1):8-12.
- Libby, WJ; Cockerham, CC. 1980. Random non-contiguous plots in interlocking field layouts. *Silvae Genetica* 29(5-6):183-190.
- Matheson, AC; Raymond, CA. 1984. Effects of thinnings in progeny tests on estimates of genetic parameters in *Pinus radiata*. *Silvae Genetica* 33(4-5):125-128.
- Murillo, O; Badilla, Y. 2004a. Breeding teak in Costa Rica. (en línea). In IUFRO Meeting Forest Genetics and Genomics. (1th. 2004, Charleston, South Carolina, US). Consultado 5 jul. 2010. Disponible en www.ncsu.edu/feop/iufro/genetics2004/proceedings.pdf
- Murillo, O; Badilla, Y. 2004b. Calidad y valoración de plantaciones forestales. Manual. Cartago, Instituto Tecnológico de Costa Rica, Escuela de Ingeniería Forestal. 51 p.
- Murillo, O; Badilla, Y. 2011. Software para la evaluación de la calidad y valoración de plantaciones forestales. (programa de cómputo). Cartago, Instituto Tecnológico de Costa Rica, Escuela de Ingeniería Forestal. (Programa en Excel).
- Murillo, O; Obando, G; Badilla, Y; Araya, E. 2001. Estrategia de mejoramiento genético para el Programa de Conservación y Mejoramiento Genético de Especies Forestales del ITCR/FUNDECOR, Costa Rica. *Revista Forestal Latinoamericana* 16(30):273-285.
- Nirsatmanto, A; Leksono, B; Kurinobu, S; Shiraiishi, S. 2004. Realized genetic gain observed in second-generation seedling seed orchards of *Acacia mangium* in South Kalimantan, Indonesia. *Journal of Forest Research* 9(3):265-269.
- Scarpinati, EA; Perecin, D; de Paula, RC; Bonine, CAV; Pavan, BE; Candido, LS. 2009. Influência de modelo de análise estatística e da forma das parcelas experimentais na seleção de clones de *Eucalyptus* spp. *Revista Árvore* 33(4):769-776.
- SIRZEE (Sistema de Información Regional-Zona Económica Especial, CR). 2010. Mapas personalizados. (en línea). San Carlos, Instituto Tecnológico de Costa Rica. Consultado 5 jul. 2010. Disponible en <http://www.sirzee.itcr.ac.cr>
- Steel, R; Torrie, J. 1980. Principles and procedures of statistics. New York, US, McGraw-Hill. p. 272-282. (Cap. 11 Linear Correlation).
- Resende, MDV de. 2002. Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes. Brasília, BR, EMBRAPA. p. 63-70. (Cap. 1).
- Resende, MDV de. 2006. O Software Selegen-REML/BLUP. (programa de cómputo). Campo Grande, BR, EMBRAPA. p. 152-172. (Cap. 7).
- Resende, MDV de. 2007. SELEGEN-REML/BLUP: Sistema estatístico e seleção genética computadorizada. (programa de cómputo). Brasília, BR, EMBRAPA. (programa de cómputo).
- Zobel, B; Talbert, J. 1984. Applied forest tree improvement. New York, US, John Wiley & Sons. p. 235-248. (Cap. 8).