

Selección de **genotipos superiores** de *Gmelina arborea* Roxb. por su heredabilidad **genética** a la tolerancia de la enfermedad de pudrición del tronco, Pacífico sur de Costa Rica

Carlos Ávila-Arias¹⁻²
Alexis Salas-Rodríguez³
Rafael-Murillo Cruz¹

Resumen

Se identificaron genotipos superiores de melina por su heredabilidad a la tolerancia a la enfermedad denominada “pudrición del tronco de melina”. Lo anterior basado en 15 genotipos que son parte de la colección genética del Instituto de Investigación y Servicios Forestales de la Universidad Nacional (INISEFOR), los cuales fueron evaluados en dos sitios del Pacífico sur de Costa Rica, denominados Cañaza y km 20, donde el INISEFOR estableció ensayos clonales de investigación mediante un diseño de bloques completos al azar. Mediante la aplicación de una escala para determinar la incidencia y severidad del ataque de dicha enfermedad se determinó finalmente el grado de susceptibilidad genética de cada clon. El sitio Cañaza registró bajo grado de incidencia y severidad (16,8 % y 8,4 %, respectivamente), caso

Abstract

Selection of superior genotypes of *Gmelina arborea* Roxb. based on their genetic heretability on trunk decay disease tolerance, at the South Pacific of Costa Rica

We identified superior genotypes of melina by its heritability for tolerance in the disease called “melina trunk decay”. The evaluation was based on 15 genotypes those are part of the genetic collection of the Institute of Research and Forestry Services of the National University, which were evaluated at two sites in the South Pacific of Costa Rica, called Cañaza and km 20, where the INISEFOR established clonal trials research through complete randomized block design. Salas et al. (2015) scale was applied to determine the incidence and severity of that disease, to get the degree of genetic

1. Instituto de Investigación y Servicios Forestales (INISEFOR), UNA; Heredia, Costa Rica; carlos.avila.arias@una.cr, murillorafael5454@yahoo.com

2. Autor para correspondencia

3. Ingeniero Forestal; consultor independiente; Alajuela, Costa Rica; alsalas18@hotmail.com

Recibido: 27/10/2016
Aceptado: 26/02/2016

contrario al sitio km 20 que registró 26,8 % y 18,7 % para las mismas variables. Se determinaron valores altos y significativos de heredabilidad tanto a nivel individual para la severidad, como para el genotipo promedio en cuanto a severidad e incidencia. La severidad registró mayor control genético que la incidencia. Los genotipos 8, 9 y 12 registraron indicios de menor susceptibilidad genética (mayor tolerancia) tanto para incidencia como para severidad en ambos sitios evaluados, caso contrario para los clones 1, 2, 15 y 16.

Palabras clave: *Gmelina arborea*, clones superiores, tolerancia, pudrición del tronco, Costa Rica

Introducción

Gmelina arborea es una especie de la familia Lamiaceae (De Kok, 2012), nativa de India, Bangladesh, Sri Lanka, Myanmar, Tailandia, sur de China, Laos, Camboya y Sumatra en Indonesia; en su área de distribución natural se desarrolla en hábitats que varían desde húmedos hasta secos (Greaves, 1981; Murillo y Valerio, 1991; Rojas, Arias, Moya, Meza, Murillo y Arguedas, 2004). Su adaptación a diversidad de condiciones de sitio (relativamente tolerante a la sequía), su rápido crecimiento y gran variedad de usos para su madera (Lauridsen y Kjaer, 2002; Wingfield y Robison, 2004; Indira, 2006), la ha convertido en una opción muy significativa para el abastecimiento de materia prima de la industria forestal en áreas tropicales y subtropicales de todo el mundo (Padua, 2003; Balcorta y Vargas, 2004; Obregón, 2006; Kumar, 2007; Wee, Li y Dvorak, 2012).

No obstante las bondades mostradas en los países donde la especie ha sido establecida como introducida o exótica, en su ámbito de distribución natural se han reportado múltiples problemas por su afectación de plagas y enfermedades, llegando al punto de ser devastada por algunos de esos organismos (Wingfield y Robison, 2004). En Costa Rica, esta especie no registró en alrededor de 20 años, mayor aparición y afectación de enfermedades, explicada por el hecho que fue separada de sus “enemigos naturales” (Wingfield y Robison, 2004); sin embargo, desde principios de los años 90, se detectó una enfermedad que afectaba el 5 % de los árboles en plantaciones de 3 a 5 años, establecidas con semillas en la zona sur de Costa Rica (comunicación personal Murillo, 2015). Como es el caso de la mayoría de las especies introducidas establecidas en bloques puros de plantación, gradualmente dichos problemas aparecen y se incrementan sus efectos (Wingfield y Robison, 2004; Apetorgbor y Roux, 2015)¹.

susceptibility for each clone finally. The site Cañaza registered low level of incidence and severity (16.8 % and 8.4 %, respectively), otherwise the site km 20 which recorded 26.8 % and 18.7 % for the same variables. High and significant heritability values were determined for the average on individual genotype level for severity and for severity and incidence on genotype level. The severity showed greater genetic control than the incidence. The genotypes 8, 9 and 12 showed less evidence of genetic susceptibility (increased tolerance) for both incidence and severity in both sites evaluated, otherwise for clones 1, 2, 15 and 16.

Keywords: *Gmelina arborea*, superior clones, tolerance, trunk decay, Costa Rica

Al respecto, en nuestro país Arguedas (2004) reportó serios problemas de mortalidad de grupos de árboles en plantaciones de 2 a 5 años, asociando el fenómeno a altas densidades de árboles, suelos inadecuados y el hongo *Nectria* sp. En la última década se registró, un número creciente de casos de ésta enfermedad que hoy en día se denomina “pudrición del tronco de melina” (Salas et al., 2015), provocada por hongos oportunistas que por lo general requieren de heridas en los árboles para ingresar a su sistema vascular y colonizarlo, no obstante existen otras razones ligadas a condiciones que le provoquen estrés al árbol, con la consiguiente disminución en sus defensas naturales, con lo que se propicia el ataque de agentes patógenos (Wingfield y Robison, 2004; Apetorgbor y Roux, 2015). Este tipo de daños representan una seria amenaza para la industria forestal, al resultar en grandes pérdidas económicas para los inversionistas y productores por quedar los árboles no aptos para propósitos de aprovechamiento de su madera (Apetorgbor y Roux, 2015; Borges et al., 2015).

Es por ello que, las evaluaciones sistemáticas mediante la aplicación de métodos prácticos como la escala de severidad desarrollada para registrar y entender el progreso de esta enfermedad en los árboles de melina (Salas et al., 2015), permiten calcular índices de severidad e incidencia, con lo que se genera criterio técnico para la toma científica de decisiones, tanto silviculturales como en la selección de los genotipos superiores.

Si bien es cierto, la aplicación de estrategias clonales a escala comercial, con esta especie, permitieron obtener ganancias realmente significativas tanto en volumen comercial como en calidad, mediante la identificación

1. Murillo, R. 2015. Visión retrospectiva sobre aparición de la pudrición del tronco de melina (E-mail: murillorafael5454@yahoo.com). Heredia: Instituto de Investigación y Servicios Forestales - UNA.



Figura 1. Vista del ensayo clonal con *Gmelina arborea* establecido en km 20.

Figure 1. View of *Gmelina arborea* clonal trial established in km 20.



Figura 2. Vista del ensayo clonal con *Gmelina arborea* establecido en Cañaza.

Figure 2. View of *Gmelina arborea* clonal trial established at Cañaza.

y utilización de genotipos superiores (Ávila, Murillo, Murillo, Sandoval, 2015a), la situación actual de la melina con respecto a la pudrición del tronco obliga a incorporar ésta variable en el quehacer de los programas de mejoramiento (Wingfield y Robison, 2004), por medio de selección genética de clones tolerantes a la enfermedad y posteriores ensayos de investigación que la demuestren, como parte de estrategias para reducir el impacto de éstos problemas (Apetorgbor y Roux, 2015; Borges et al., 2015).

La selección y el seguimiento de materiales genéticos que presenten características deseables trae consigo resultados positivos a corto, mediano y largo plazo para los productores (Padua, 2004; Hodge & Dvorak, 2004), es por ello que el Instituto de Investigación y Servicios Forestales de la Universidad Nacional (INISEFOR-UNA) ha generado iniciativas de investigación que promueven una silvicultura clonal intensiva, mediante paquetes tecnológicos que incentiven el establecimiento de sitios de producción forestal continua.

El objetivo de la presente investigación fue identificar genotipos de melina que mostrarán heredabilidad a la tolerancia de la “pudrición del tronco de melina”, utilizando la escala de evaluación desarrollada por Salas et al. (2015), aplicada sobre un conjunto genético clonal establecido en dos sitios del Pacífico sur de Costa Rica.

Material y métodos

Descripción de los sitios

La presente investigación se desarrolló en dos ensayos clones establecidos por el INISEFOR-UNA, con la especie *Gmelina arborea*. En cada uno de los sitios se realizó una preparación del terreno para homogeneizar

las condiciones y así evitar influencias en el desarrollo de los conjuntos clones evaluados; lo anterior se efectuó con el propósito de dejar como única fuente de variación la interacción de los genotipos establecidos con el sitio. Los ensayos fueron establecidos en:

km 20: se encuentra ubicado en el cantón Golfito, distrito Guaycará, localidad km 20; en las coordenadas geográficas N 8° 37' 2" y W 83° 04' 13". El sitio tiene algunos sectores donde la topografía es plana, así como otros donde es ondulada con una pendiente máxima de 20 %. Por tal motivo el sitio fue bloqueado por dicha variable con la finalidad que en un mismo bloque no se presentaran ambas condiciones topográficas y de esa manera mantener la homogeneidad a lo interno de cada uno. Los suelos son Inceptisoles de origen aluvial, con una textura arcillosa. No presenta problemas de fertilidad, no hay encharcamiento producto de eventos excesivos de lluvia y la profundidad efectiva es mayor de 60 cm. El sitio cumple con los requerimientos para el desarrollo de la especie (Murillo, 1996; Rojas et al., 2004; Murillo y Ávila, 2011), sin embargo por el factor topografía es catalogado como sitio clase II para la producción de melina. En la Figura 1 se aprecia una vista del ensayo.

Cañaza: ubicado en el cantón Golfito, distrito Puerto Jiménez, localidad Cañaza; en las coordenadas geográficas N 8° 34' 28" y W 83° 23' 52". El relieve es plano, con no más de 1 % de pendiente, a una altitud de 26 msnm. El sitio fue utilizado por mucho tiempo para el cultivo de arroz, por lo que en el momento de la instalación del ensayo presentaba problemas de compactación hasta los 30 cm de profundidad (pie de arado), drenaje desde lento hasta muy lento, lo que provocaba problemas de encharcamiento. Por tal motivo, y como parte de la preparación del sitio, el terreno fue rastreado 2 veces para romper el pie de arado y se elaboraron camellones de 20 cm de altura

y 50 cm de ancho para aumentar la profundidad efectiva para el desarrollo de raíces, y que a la vez funcionaran como canales para evacuar el agua luego de cada evento de lluvia excesiva. El suelo es de origen aluvial. En la figura 2 se aprecia una vista de dicho sitio.

Descripción de los sitios experimentales

Los ensayos clonales fueron instalados como parte del proyecto del INSEFOR-UNA, denominado “MEPROME: Mejoramiento de la productividad de las plantaciones clonales de melina en fincas agroforestales”. En ambos sitios se instalaron los 15 clones que conforman la colección genética que es multiplicada vegetativamente por el INSEFOR-UNA.

El ensayo de Cañaza cuenta con seis bloques completos al azar y el de km 20 con cinco, la diferencia entre ambos se basó únicamente por la disponibilidad del terreno en cada uno de los sitios. En cada bloque se establecieron 6 árboles de cada uno de los 15 clones, los cuales fueron plantados en 3 pares distribuidos al azar dentro de cada bloque (Murillo y Badilla, 2010). Es decir, inicialmente en el ensayo de Cañaza se establecieron 540 árboles y 450 en el de km 20.

Ambos ensayos fueron establecidos en el 2011, con un distanciamiento de 4 m tanto entre líneas como entre árboles. Se realizó una fertilización a la siembra con 60 g de la fórmula química 19(N), 4(P₂O₅), 19(K₂O), 2(MgO), 0,1(B), 1,8(S) y 0,1(Zn). La evaluación en cada caso fue realizada a los 38 meses de edad (3 años y dos meses). En el cuadro 1 se presenta una descripción resumida de los sitios experimentales.

El ensayo evaluado en Cañaza se localiza junto al sitio experimental evaluado por Salas et al. (2015) que contenía una colección de los clones procedentes de Zona Sur, la cual registró un 31,74 % de incidencia y 22,58 % de severidad de la enfermedad, lo que representa un punto muy importante a tomar en cuenta en los resultados que se presentarán más adelante, ya que la diseminación de éste tipo de enfermedades desde árboles enfermos hasta árboles sanos, podría darse primeramente por el contacto entre las raíces (Apetorgbor y Roux, 2015).

Variables de la investigación

Las variables independientes fueron:

Sitio: 2 sitios, km 20 y Cañaza, separados 36 km en línea recta. La expresión de las variables dependientes es condicionada y directamente afectada por la interacción con el sitio e inclusive con el micro-sitio (Murillo, 1996; Ávila, Murillo, Murillo, Sandoval 2015b).

Clones: se evaluaron 15 clones que forman parte del programa de investigación del INSEFOR-UNA (clon 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 15, 16). El ensayo de Cañaza

Cuadro 1. Resumen de los ensayos clonales de melina evaluados en dos sitios del Pacífico sur de Costa Rica.

Table 1. Overview of melina clonal trials evaluated at two sites at the South Pacific of Costa Rica.

Características	Cañaza	km 20
Edad (meses)	38	38
N° árboles actual	529	411
Cantidad de clones	15	15
Rametos/clon	36	30

Cuadro 2. Escala diagramática para la categorización de la severidad de la pudrición del tronco de melina (*Gmelina arborea*).

Table 2. Diagrammatic scale for categorizing the severity of melina trunk decay disease (*Gmelina arborea*).

Severidad	Síntomas
1	Árbol sano, no hay evidencia de síntomas visibles.
2	Marchitez foliar evidente; el fuste puede tener pequeñas heridas necrosadas y con exudación negra en sitios diferentes a donde hubo podas; puede iniciar la aparición de rebrotes. No todos los síntomas se expresan.
3	El árbol está visiblemente enfermo. Hay lesiones tipo cancro en la corteza con indicios de pudrición, exposición y abultamiento de la corteza, exudación prominente; pérdida de más de un 50% del área foliar en un patrón progresivo; rebrotes desarrollados.
4	Afectación total del individuo; ausencia total de follaje; hay pérdida y desprendimiento evidente de ramas; aún se observan rebrotes en algunos sectores del tronco; la pudrición externa aparente alcanza un 75% del tronco, donde la zona cancerosa (cancro) se manifiesta con claridad
5	Árbol completamente seco, podrido; la madera ya perdió completamente su valor comercial.

Fuente: Salas et al. (2015)

adicionalmente contenía 4 testigos de semilla provenientes de las 4 fuentes más importantes donde se consigue semilla en nuestro país para efecto de tener una línea base para comparar el desarrollo de los clones. Los testigos del ensayo de Cañaza no fueron tomados en cuenta en la presente investigación.

Las variables dependientes fueron:

Severidad: se determinó en función a las categorías propuestas por Salas et al. (2015), donde 1 es sano o sin síntomas y 5 es árbol podrido (Cuadro 2).

Una vez evaluada la severidad de cada clon se calculó el índice de severidad según lo propuesto por Salas et al. (2015), el cual se basa en el conjunto de los rametos presentes en el ensayo, de la siguiente manera:

$$N_1 \cdot 1 + N_2 \cdot 2 + N_3 \cdot 3 + N_4 \cdot 4 + N_5 \cdot 5$$

Índice de severidad del clon "j" = $\frac{N_1 + N_2 + N_3 + N_4 + N_5}{N_1 + N_2 + N_3 + N_4 + N_5}$

Donde, N_1 = número de rametos del clon "j" calificados con grado de severidad 1 +...+ N_5 = número de rametos del clon "j" calificados con grado de severidad 5.

Incidencia: éste parámetro para cada clon se obtuvo del simple promedio aritmético de los datos presencia/ausencia de síntomas, con base en el conjunto de sus rametos presentes en el ensayo.

$$\text{Incidencia} = \sum y_i/n$$

Y_{ij} = Presencia de la enfermedad en el rameto "i" del clon "j"

Mediante estos índices se identificó los genotipos de alta y baja incidencia y severidad en función de los promedios obtenidos por clon, donde se seleccionó los cinco clones de menor y mayor incidencia y severidad.

Análisis de la información

Mediante el software SELEGEN (Resende, 2008), se procedió a procesar los datos de cada ensayo para determinar la posición genética con base en el grado de severidad de la enfermedad. El programa utiliza los procedimientos de Máxima Verosimilitud Restringida Lineal (REML) y Mejor Predicción Linear No Sesgada (BLUP), con base en el modelo estadístico:

$$y = Xr + Zg + Wp + e$$

donde "y" es el vector de datos, "r" es el vector de los efectos de la repetición sumados a la media general, "g" es el vector de los efectos genéticos, "p" es el vector de los efectos de la parcela, "e" es el vector de errores residuales.

Las letras mayúsculas representan las matrices de incidencia para los efectos referidos. Este procedimiento siguió las recomendaciones establecidas en el manual de procedimientos establecido por Resende (2006).

Para procesar la información se ordenó en una hoja electrónica de Excel de la siguiente manera para el correcto análisis por medio del software:

Individuo: corresponde a la numeración consecutiva de evaluación de los árboles

Clon: número de identificación de cada rameto

Parcela: es la combinación entre el número de bloque con el número de clon

Árbol: conteo de un mismo rameto por bloque, correspondiendo a 6 individuos por bloque

Variables: severidad e incidencia

Esta información se transformó a un archivo .txt delimitado por tabulaciones con el fin de ser compatible con el programa SELEGEN. Para realizar el análisis se debe seleccionar la opción modelos mixtos de delineamientos experimentales, la cual corresponde a la primera opción de los diferentes tipos de análisis en la interfaz de procedimientos matemáticos, estadísticos y genéticos. Dentro de esta opción de análisis se utilizó el modelo 2 de bloques al azar con pruebas de clones no emparentados y varias plantas por parcela. Realizado lo anterior, se seleccionó el número de variables según el orden en que se establecieron en el archivo, en este caso severidad fue la variable 1 e incidencia la variable 2 analizadas. Si la variable contiene ceros como valor único esto debe ser contemplado en la opción que así lo especifica. Seleccionado el archivo y variable deseada se ejecutó el análisis.

Cada análisis que se realizó por variable, generó un set de archivos con diferentes valores de los cuales el de tipo "RES" dispuso la información de interés como lo fue los parámetros genéticos y el orden jerárquico en función a su valor genético. A partir de este resultado se seleccionó los parámetros de valor heredable significativo. Los resultados jerárquicos fueron analizados en terciles de manera que se pudo determinar la susceptibilidad genética a partir de la jerarquía genética.

Resultados y discusión

La metodología empleada para evaluar el grado de severidad de los genotipos de melina registró un valor de incidencia de 26,8 % y severidad de 18,7 % para el sitio km 20, por su parte los mismos clones pero establecidos en el sitio Cañaza registraron valores casi 50 % menores en comparación con el primer sitio (16,8 % y 8,4 % para incidencia y severidad, respectivamente) (Cuadro 3).

Resulta significativamente relevante el bajo porcentaje de incidencia y severidad registrado en el ensayo de Cañaza, principalmente por estar ubicado contiguo a otro de mayor edad, de otra colección genética y altamente afectado por esta enfermedad, con valores de incidencia y severidad de 31,7 % y 22,5 %, respectivamente, reportados por Salas et al. (2015).

Cuadro 3. Porcentaje de incidencia y severidad para los ensayos clones de *Gmelina arborea*, Pacífico sur de Costa Rica.

Table 3. Percentage of incidence and severity for clonal trials of *Gmelina arborea*, South Pacific of Costa Rica.

Sitio	Incidencia (%)	Severidad (%)
Km20	26,8	18,7
Cañaza	16,8	8,4

Cuadro 4. Posición de los genotipos de *Gmelina arborea* según la categoría de baja y alta incidencia en la pudrición del tronco, Pacífico sur de Costa Rica.

Table 4. Genotypes position of *Gmelina arborea* clones by low and high incidence of trunk decay category, South Pacific of Costa Rica.

Grado de incidencia	Cañaza (genotipos)	Km 20 (genotipos)
Baja	6	8
	8	9
	3	7
	9	11
	12	12
Alta	16	6
	2	15
	10	2
	15	16
	1	1

Cuadro 5. Posición de los genotipos de *Gmelina arborea* según la categoría de baja y alta severidad a la pudrición del tronco, Pacífico sur de Costa Rica.

Table 5. Genotypes position of *Gmelina arborea* clones by low and high severity of trunk decay category, South Pacific of Costa Rica.

Grado de severidad	Cañaza (genotipos)	Km 20 (genotipos)
Baja	8	8
	6	9
	3	11
	12	13
	9	12
Alta	16	10
	2	15
	10	2
	15	16
	1	1

En el ensayo de km 20, a pesar de estar establecida la misma colección genética de Cañaza, se registraron valores más altos tanto de incidencia como de severidad (26,8 % y 18,7 % respectivamente). Lo anterior puede ser explicado por un manejo menos intensivo de dicho sitio en actividades silviculturales como podas, camellones para plantar, control de maleza y aplicación de *Trichoderma*, por ejemplo; en comparación con lo realizado en Cañaza. Dicho efecto también se ve reflejado en la mortalidad registrada en ambos sitios en ésta evaluación a los 38 meses, donde, si bien es cierto fue muy baja en ambos sitios experimentales, en Cañaza fue de tan sólo 2 % y en km 20 de 9 %.

Lo anterior es ratificado por Apetorgbory Roux (2015), quienes indicaron que la incidencia de enfermedades relacionadas con hongos es variable y está condicionada en gran medida a factores del sitio y manejo de la masa forestal, enfatizando que se deben llevar registros lo más detallados posibles tanto del uso anterior del sitio como de las actividades de establecimiento de la plantación y el manejo de la misma, que ayuden a explicar ciertas condiciones que se pudiesen presentar y tomar decisiones al respecto.

Todo lo anterior sugiere que, tanto las condiciones del sitio como el manejo que se lleve a cabo a la plantación influyen directamente en la incidencia y severidad de la enfermedad, al brindar condiciones favorables para que patógenos oportunistas causen daños severos, sin importar si la especie se encuentra en su ámbito natural o ha sido introducida (Wingfield y Robison, 2004).

Genotipos de baja y alta incidencia y severidad

A partir del valor de incidencia y severidad registrado para cada genotipo evaluado, se ordenaron los cinco clones con mayor y menor afectación para ambos ensayos (Cuadro 4). Para Cañaza los genotipos 6, 8, 3, 9 y 12 resultaron

los menos afectados en cuanto a la incidencia, contrario a lo presentado por los clones 16, 2, 10, 15 y 1 quienes se ubicaron como los de mayor incidencia. En lo que respecta al sitio km 20, los clones 8, 9, 7, 11 y 12 registraron incidencia muy baja, no así para los clones 6, 15, 2, 16 y 1 los cuales fueron los clones más afectados de este ensayo.

El clon 8 registró una baja incidencia en ambos sitios experimentales, por su parte cuatro de los cinco clones identificados como los de mayor incidencia repitieron en ambos ensayos (16, 2, 15 y 1). Ambos resultados obtenidos son de gran importancia para tomar decisiones con criterio técnico – científico, al identificar los clones que registran el mejor crecimiento y calidad, así como los que muestran indicios de tolerancia a la enfermedad, se pueden identificar los genotipos que deben mantenerse en el programa de investigación, o los que deben ser eliminados en la situación contraria.

El clon 6 se ubicó en el grupo de baja incidencia en el ensayo de Cañaza, pero al ser evaluado en km 20 se clasificó como lo de mayor incidencia. Esta situación tan particular ya ha sido registrada por otros autores pero en parámetros de crecimiento y calidad, quienes realizaron evaluaciones tanto fenotípicas como genotípicas (Dvorak, 2003; Osorio, 2004; Indira, 2006). Lo anterior es explicado principalmente por el comportamiento sitio-específico de la melina, donde variables distintas se pueden comportar distinto dependiendo de las condiciones de sitio, sin registrar necesariamente patrones constantes en su comportamiento al compararlas entre sitios (Osorio, 2004; Ávila et al., 2015b).

En cuanto a la evaluación de la severidad, los genotipos 8, 6, 3, 12 y 9 se ubicaron como los menos susceptibles en Cañaza, y el 16, 2, 10, 15 y 1 fueron los que reportaron los valores más altos en cuanto a la severidad del ataque

Cuadro 6. Parámetros genéticos para la severidad en la pudrición del tronco en genotipos de *Gmelina arborea* en dos ensayos clonales, Pacífico Sur de Costa Rica.

Table 6. Genetic parameters for severity of trunk decay in *Gmelina arborea* clones on two clonal trials, South Pacific of Costa Rica.

Parámetros	Cañaza	km 20
h ² g	0,2121	0,2251
h ² mc	0,8859	0,8901
Exactitud	0,9412	0,9434
CVgi%	30,4260	38,8276
Promedio	1,3236	1,7478

h²g: Heredabilidad individual; h²mc: Heredabilidad del genotipo promedio; Exactitud: Precisión de la selección de los genotipos; CVgi%: Coeficiente de variación genotípica; Promedio: Promedio general del experimento.

de la enfermedad. Para el sitio km 20 los clones 8, 9, 11, 13 y 12 registraron menor grado de severidad en comparación con los clones 10, 15, 2, 16 y 1 (Cuadro 5).

Al igual que en la evaluación de la incidencia, en la severidad también se registraron genotipos que repitieron entre sitios. Los clones 8 y 12 presentaron baja severidad en ambos sitios, por su parte los clones 16, 2, 10, 15 y 1 se ubicaron como los de mayor severidad en el ataque de la enfermedad para ambos sitios. El anterior resultado deja en manos del genetista y silvicultor decisiones importantes y necesarias que tomar para depurar la base genética de la colección evaluada, en busca de las características deseables en los genotipos que se multipliquen para proyectos de reforestación comercial.

Al seleccionar cinco genotipos para las categorías de baja y alta incidencia y severidad, para cada sitio experimental, se dejó de manifiesto que existen genotipos que registraron bajas tasas en ambas variables para cada sitio. Es decir, en Cañaza los genotipos 6, 8, 3, 9 y 12 presentaron baja incidencia y severidad, por el contrario el 16, 2, 10, 15 y 1 registraron los valores menos deseables en ambas variables. Por su parte en km 20, cuatro genotipos registraron los valores de menor incidencia y severidad (8, 9, 11 y 12) y otros cuatro los valores más altos para las mismas variables (15, 2, 16 y 1).

El caso del clon 8 es muy importante de resaltar y tomar en cuenta, el mismo se ubicó en la categoría de baja incidencia y baja severidad para ambos sitios, dicho genotipo eventualmente podría ser tomado en cuenta en un programa de mejoramiento nacional que reúna los materiales genéticos que hayan presentado indicios de tolerancia a la enfermedad.

Parámetros genéticos para severidad e incidencia

Se determinaron los parámetros genéticos para la evaluación del parámetro severidad, se registró una

Cuadro 7. Parámetros genéticos para la incidencia en la pudrición del tronco en genotipos de *Gmelina arborea* en dos ensayos clonales, Pacífico Sur de Costa Rica.

Table 7. Genetic parameters for incidence of trunk decay in *Gmelina arborea* clones on two clonal trials, South Pacific of Costa Rica.

Parámetros	Cañaza	km 20
h ² g	0,1325	0,1024
h ² mc	0,8275	0,7641
Exactitud	0,9097	0,8742
CVgi%	83,4155	53,0417
Promedio	0,1612	0,2667

h²g: Heredabilidad individual; h²mc: Heredabilidad del genotipo promedio; Exactitud: Precisión de la selección de los genotipos; CVgi%: Coeficiente de variación genotípica; Promedio: Promedio general del experimento.

heredabilidad intermedia del árbol individual (rameto) (h²g 0,2 < 0,4), la heredabilidad promedio del genotipo (clon h²mc) fue alta en ambos sitios (h²mc > 0,6). Los anteriores parámetros son respaldados con una buena precisión (exactitud), la cual fue superior a 7 %. Además se registró una alta variación genética producto de los valores del coeficiente de variación genotípica que superaron el 10 % (Cuadro 6).

Los parámetros genéticos generados para los valores incidencia evidenciaron una baja heredabilidad del árbol individual (rameto) (h²g < 0,2) para ambos sitios, no obstante, la heredabilidad promedio del genotipo (clon h²mc) fue alta de igual manera para ambos sitios (h²mc > 0,6). La exactitud de estos parámetros respaldan el resultado de la heredabilidad con valores superiores al 7 % utilizado como indicador de este parámetro; el coeficiente de variación genotípica reveló en ambos sitios una confiabilidad superior al 10 %, lo que se considera alta (Cuadro 7).

Los parámetros genéticos determinados expresan una alta representación de la heredabilidad del genotipo promedio en ambos ensayos, lo que sugiere que existe una alta posibilidad en la selección de genotipos que presentan indicios de tolerancia a la enfermedad que hoy en día está provocando daños más severos a la melina. La heredabilidad registrada en el análisis de severidad, tanto individual como del genotipo promedio para ambos sitios (Cañaza= h²g: 0,212, h²mc: 0,8859; km 20= h²g: 0,2251, h²mc: 0,8901) es significativa para la toma de decisiones sobre los clones evaluados. De la misma manera los parámetros de exactitud y coeficiente de variación genética superaron los valores establecidos como indicadores de precisión. Esta situación también se presentó en el estudio de Salas et al. (2015) donde los parámetros genéticos analizados fueron significativos para ambos sitios experimentales.

Cuadro 8. Jerarquía genética de clones de melina para severidad e incidencia a la pudrición del tronco en dos ensayos clonales, Pacífico Sur de Costa Rica.

Table 8. Genetic hierarchy of melina clones by severity and incidence of trunk decay on two clonal trials, South Pacific of Costa Rica.

Orden	Cañaza		km 20	
	Sev	Inc	Sev	Inc
1	6	6	8	8
2	8	8	9	9
3	3	3	11	7
4	12	9	13	11
5	9	12	12	12
6	13	13	4	13
7	4	5	7	10
8	5	4	3	4
9	7	7	6	5
10	11	11	5	3
11	16	16	10	6
12	2	2	15	15
13	10	10	2	2
14	15	15	16	16
15	1	1	1	1

Sev: Severidad; Inc: Incidencia; Tercio superior ■ Baja susceptibilidad; Tercio intermedio ■ Media susceptibilidad; Tercio inferior ■ Alta susceptibilidad.

Los resultados de las evaluaciones genéticas y de heredabilidad sobre parámetros de interés son la base para decidir la continuidad o no de genotipos en programas de mejoramiento genético, tal es el caso del crecimiento del eucalipto en zonas áridas de Chile, mediante el análisis REML/BLUP se identificaron los clones que registraron los valores más deseables para circunstancias de escasas de agua (Mora, 2006).

Jerarquía genética

A partir de los datos de incidencia y severidad procesados por medio del software SELEGEN se generó una jerarquía genética donde se determinó que la mayoría de los clones se ubicaron en el tercio de baja susceptibilidad. Los clones 6, 8 y 3 representan los menos susceptibles para Cañaza, tanto en severidad como incidencia. En km 20 se identifica a los genotipos 8, 9 y 11 como los menos susceptibles en las mismas variables.

Un patrón repetitivo se registró para los clones ubicados en las categorías de media y alta susceptibilidad para ambos sitios. Los genotipos 2 y 15 coinciden tanto en severidad como incidencia para ambos sitios experimentales (Cuadro 8).

El ordenamiento en terciles de susceptibilidad para los clones evaluados identificó los genotipos de alto riesgo por su susceptibilidad a la enfermedad. Al respecto, los

Cuadro 9. Genotipos de *Gmelina arborea* ubicados en la categoría de baja y alta susceptibilidad genética a la pudrición del tronco, Pacífico Sur de Costa Rica.

Table 9. *Gmelina arborea* genotypes located in the high and low category of genetic susceptibility for trunk decay, South Pacific of Costa Rica.

Grado de Susceptibilidad genética	Cañaza	km 20
Baja	6	8
	8	9
	3	11
	9	12
	12	13
Alta	16	6
	2	15
	10	2
	15	16
	1	1

clones 15 para Cañaza y 16 para km 20 se identificaron como los más susceptibles tanto para incidencia como para severidad. El clon 2 se mantuvo en ambos ensayos en susceptibilidad media, se registró además que los clones 15 y 16 varían entre la categoría media y alta de susceptibilidad. Este resultado a nivel genético coincide con el registrado a nivel fenotípico (Cuadros 4 y 5), lo que le da fortaleza a los resultados de la presente investigación.

Susceptibilidad genética

De manera similar a lo mostrado en los cuadros 4 y 5, se seleccionaron los cinco genotipos que presentaron la susceptibilidad más baja y alta hacia la enfermedad de la pudrición del tronco de melina. La selección se basa en los que coincidieron en el resultado genético tanto de incidencia como de severidad (Cuadro 9).

En Cañaza se identificó al clon 6 como el de menor susceptibilidad (incidencia/severidad) y en km 20 el clon 8, sin embargo los valores de los clones 8, 9 y 12 resultaron muy prometedores para ambos sitios. Por su parte, y aplicando el mismo criterio de selección, en ambos sitios el clon 1 registró la mayor susceptibilidad. Lo anterior coincide con los resultados descritos en párrafos anteriores y reafirma la necesidad de no multiplicarlos para ser utilizados en sistemas productivos en condiciones similares a las descritas para Cañaza y km 20.

En el sitio km 20, los clones 8, 9, 11, 12 y 13 se identificaron como los de baja susceptibilidad a la enfermedad según el análisis genético. Se debe rescatar el resultado registrado para los clones 8, 9 y 12, los cuales, a nivel genético, se ubicaron en la categoría de baja susceptibilidad en ambos sitios. De igual manera, pero para la categoría de alta susceptibilidad se encuentran los clones 15, 16, 1 y 2 para ambos sitios, lo que coincide perfectamente con el resultado de la evaluación fenotípica presentada en los cuadros 4 y 5. Concordante con la presente investigación, Wingfield y Robison (2004) apuntan que sin duda los clones difieren en su resistencia al ataque de hongos, encontrándose el caso de algunos con muy alta susceptibilidad tanto para ambientes específicos como para diversos también.

Los anteriores resultados resultan de vital importancia en el proceso de filtrar los genotipos de mayor valor genético y más importante aún, si coinciden tanto para severidad e incidencia y en el análisis fenotípico y genotípico, lo que da la certeza que la selección, sea para continuar en el programa de mejoramiento genético o para sacarlo del mismo, se sustenta en información científica validada en campo. Autores varios concuerdan con lo anterior, al concluir que las estrategias en mejoramiento y reproducción vegetativa pueden hacer exitosa la selección de genotipos tolerantes a insectos y enfermedades (Lauridsen y Kjaer, 2002; Wingfield y Robison, 2004).

Necesariamente el establecimiento de nuevas plantaciones debe tomar en cuenta la presencia de patógenos que causan ésta y otras enfermedades, además de relacionar el material que será plantado con las condiciones del sitio, con el fin de llevar a cabo todas las actividades indispensables para evitar árboles con un nivel de estrés significativo. Pero, adicionalmente, es necesario establecer mecanismos de monitoreo, protección y prevención en la aparición o introducción de nuevos patógenos.

Conclusiones y recomendaciones

La escala de severidad, utilizada como metodología de evaluación del estado de la plantación de melina, permitió cuantificar de manera objetiva que el sitio Cañaza no presenta altos grados de severidad e incidencia, caso contrario al sitio km 20, el cual debe ser intervenido para controlar el avance de la enfermedad. El insumo para la toma oportuna de decisiones se convierte en la principal importancia de dicha escala diagramática.

Las condiciones del sitio Cañaza le permitieron a los genotipos expresar indicios de tolerancia que se deben resaltar al estar directamente expuestos a otra colección genética severamente afectada.

Se determinaron valores altos y significativos de heredabilidad, tanto individual para la severidad, como del genotipo promedio para severidad e incidencia. La severidad registró mayor control genético que la incidencia.

Se identificaron genotipos que repitieron para ambos sitios evaluados en presentar indicios de menor susceptibilidad genética (mayor tolerancia) en cuanto a la incidencia y severidad del ataque de la enfermedad (8, 9 y 12); de la misma manera existen otros con una muy alta susceptibilidad genética (1, 2, 15 y 16).

Para dar continuidad al programa de investigación de melina en Costa Rica, estos ensayos deben ser replicados y evaluados periódicamente, de manera que se genere una prospección en el mejoramiento genético contra la enfermedad que afecta a la melina.

Referencias

- Apetorgbor, M. & Roux, J. (2015). Diseases of plantation forestry trees in Southern Ghana. *International Journal of Phytopathology*, 4(01), 5-13.
- Arguedas, M. (2004). Problemas fitosanitarios de la melina (*Gmelina arborea* Roxb.) en Costa Rica. *Kurú: Revista Forestal*, 1(2), 1-9.
- Ávila, C. (2015). *Evaluación del crecimiento y calidad de clones de Gmelina arborea Roxb. a los dos años, en sitios planos del Pacífico sur de Costa Rica*. (Tesis). Heredia, Costa Rica: UNA.
- Ávila, C., Murillo, R., Murillo, O., Sandoval, C. (2015a). Desarrollo juvenil de clones de *Gmelina arborea* Roxb. de dos procedencias, en sitios planos del Pacífico Sur de Costa Rica. *Revista Forestal Mesoamericana kurú*, 12(28), 23-35.
- Ávila, C., Murillo, R., Murillo, O., Sandoval, C. (2015b). Interacción genotipo sitio para dos conjuntos clonales de *Gmelina arborea* Roxb., en sitios planos del Pacífico Sur de Costa Rica. *Revista Forestal Mesoamericana kurú*, 12(29), 2-14.
- Balcorta, H. y Vargas, J. (2004). Variación fenotípica y selección de árboles en una plantación de melina (*Gmelina arborea* Linn., Roxb.) de tres años de edad. *Revista Chapingo*, 10(1), 13-19.
- Borges, R., Santos, M., Macedo, M., Martins, I., Nascimento, A., Café, A., Boiteux, L., Fonseca, M., Inácio, C., Mello, S. (2015). A trunk canker disease of *Tectona grandis* induced by *Lasiodiplodia theobromae* in Brazil. *New Disease Report*, 31, 26.
- De Kok, R. (2012). A revision of the genus *Gmelina* (Lamiaceae). *Kew Bulletin*, (67), 293-329.
- Dvorak, W. (2003). World view of *Gmelina arborea*: opportunities and challenges. In: Dvorak W.S., Hodge G.R., Woodbridge W.C. and Romero J.L. (Eds). *Recent Advances with Gmelina arborea*. CD-ROM. CAMCORE, North Carolina State University, Raleigh, North Carolina, USA.
- Greaves, A. (1981). *Gmelina arborea*: Annotated bibliography. (20 p). Oxford, England, US-CAB.
- Hodge, G. & Dvorak, W. (2004). The CAMCORE international provenance/progeny trials of *Gmelina arborea*: genetic parameters and potential gain. *New Forest*, 28, 147-166.

- Indira, E. (2006). Provenance variations in *Gmelina arborea* with particular reference to tree form. *Journal of Tropical Forest Science*, 18(1), 36-50.
- Kumar, A. (2007). Growth performance and variability in different clones of *Gmelina arborea* (Roxb.). *Silvae Genetica*, 56:32-36.
- Lauridsen, E. & Kjaer, E. (2002). Provenance research in *Gmelina arborea* Linn., Roxb.: a summary of results from three decades of research and a discussion of how to use them. *International Forestry Review*, 4(1), 15.
- Mora, F. (2006). Heredabilidad y valor genético (REML/BLUP) en genotipos de un Eucalipto tolerante a la sequía, en el norte de Chile. *Ciencia Forestal Santa María*, 2(16): 145-151. Recuperado de http://www.sifloresta.ufv.br/bitstream/handle/123456789/11823/Ci%C3%A9ncia_Florestal_v16_n2_p145-151_2006.pdf?sequence=1&isAllowed=y
- Murillo, R. (1996). *Evaluación de algunos factores ambientales que afectan la calidad de sitio a nivel de micrositio para melina (Gmelina arborea Roxb) plantada en suelos planos en la zona Sur de Costa Rica*. (Tesis). Heredia, Costa Rica: UNA.
- Murillo, O. y Badilla, Y. (2010). Calidad de la plantación forestal. (75 p). Cartago, Costa Rica: Instituto Tecnológico de Costa Rica. (Información sin publicar).
- Murillo, O. & Valerio, J. (1991). Melina (*Gmelina arborea*) especie de árbol de uso múltiple en América Central. Colección de Guías Silviculturales. (69 p). Turrialba, Costa Rica: CATIE.
- Murillo, R. y Ávila, C. (2011). Informe final del proyecto Mejoramiento de la capacidad productiva de pequeños y medianos reforestadores de la Zona Sur. (218 p). Heredia, Costa Rica: INISEFOR-UNA-CONARE.
- Obregón, C. (2006). *Gmelina arborea*: Versatilidad, renovación y productividad sostenible para el futuro. *Revista el mueble y la madera (M y M)*, 50, 14-20.
- Osorio, L. (2004). Provenance results of *Gmelina arborea* in southwest Colombia at three years of age. *New Forest*, 28, 179-185.
- Padua, F. (2003). Clonal correlation in growth and stem quality of *Gmelina arborea*. In: XII World Forestry Congress. Québec City, Canada. Retrieved from <http://www.fao.org/docrep/ARTICLE/WFC/XII/0022-B4.HTM>.
- Padua, F. (2004). Juvenile selection of *Gmelina arborea* clones in the Philippines. *New Forest*, (28), 195-200.
- Rojas, F., Arias, D., Moya, R., Meza, A., Murillo, O. y Arguedas, M. (2004). Manual para productores de melina (*Gmelina arborea*) en Costa Rica: Botánica y ecología. Cartago, Costa Rica, Instituto Tecnológico de Costa Rica. 83 p.
- Resende, MDV de. (2006). O Software Selegen-REML/BLUP. Campo Grande, BR, EMBRAPA. 305 p.
- Resende, MDV de. (2008). SELEGEN-REML/BLUP: Sistema estatístico e seleção genética computadorizada. Brasília, BR, EMBRAPA.
- Salas, A., Murillo, O., Murillo, R., Ávila, C. y Mata, X. (2015). Evaluación de la severidad de la pudrición del tronco de *Gmelina arborea* (Roxb). (20 p).
- Salas, A., Murillo, O., Murillo, R. y Ávila, C. (2015). Evidencia de tolerancia genética de clones de *Gmelina arborea* Roxb. a la pudrición del tronco en Costa Rica. (20 p).
- Wee, A., Li, C. y Dvorak, W. (2012). Genetic diversity in natural populations of *Gmelina arborea*: implications for breeding and conservation. *New Forests*. 43: 411-428.
- Wingfield, M. & Robison, D. (2004). Diseases and insect pests of *Gmelina arborea*: real threats and real opportunities. *New Forest*, 28, 227-243.