

9CFE-1405



Evaluación de la variación genética en producción y eficiencia en el uso del agua en *Gmelina arborea* en Colombia

LÓPEZ AGUIRRE, A.M (1), BARRIOS TRILLERAS, A (1),

(1) Departamento de Ciencias Forestales, Facultad de Ingeniería Forestal, Universidad del Tolima, Ibagué-Colombia

Resumen

Gmelina arborea Roxb., especie nativa de Asia, ha sido introducida exitosamente en Colombia desde 1980 gracias a su rápido crecimiento y adaptabilidad, particularmente en regiones secas. Ante los retos del cambio climático y la creciente escasez de agua, surge la necesidad de desarrollar genotipos con mayor eficiencia en el uso de los recursos. Este estudio evaluó la variación genética en variables como la biomasa aérea (BA), el volumen hasta un índice de utilización de 15 cm (V15), la densidad básica (DB) y la eficiencia intrínseca en el uso del agua (WUEi), medida a través de isótopos de carbono ($\delta^{13}C$), en 40 familias de polinización abierta de *G. arborea* en Colombia, con el fin de identificar genotipos superiores. La supervivencia promedio del ensayo fue del 75 %, con 22 familias por encima del promedio. Las heredabilidades para BA ($h^2f = 0.554$), V15 ($h^2f = 0.541$), DB ($h^2f = 0.608$) y WUEi ($h^2f = 0.495$) sugieren una capacidad de respuesta significativa a la selección genética. Las correlaciones positivas entre DB, WUEi y las variables de producción indican que algunas familias combinan alta productividad y WUEi. Estos hallazgos proporcionan una herramienta para mejorar la sostenibilidad y resiliencia de las plantaciones comerciales frente al cambio climático, promoviendo un manejo forestal más eficiente.

Palabras clave

Heredabilidad, variables genéticas, adaptación.

1. Introducción

Gmelina arborea pertenece a la familia Lamiaceae (DE KOK, 2012; HERNÁNDEZ et al., 2013) y es originaria de hábitats que varían entre condiciones húmedas y secas en India, Bangladesh, Sri Lanka, Myanmar, Tailandia y otras regiones del continente asiático (DVORAK, 2004). Esta especie ha sido introducida en numerosos países de América Central y del Sur, incluido Colombia (OSORIO, 2004), donde se cultiva desde 1980 (DVORAK, 2004). Tradicionalmente, los programas de mejora genética de *G. arborea* se han enfocado en incrementar el volumen del fuste y la rectitud (HODGE & DVORAK, 2004; BALCORTA y VARGAS, 2004; ESPITIA et al., 2016). Sin embargo, las condiciones actuales exigen incluir nuevas variables que permitan identificar genotipos con mayor eficiencia en el uso de recursos (BOUVET et al., 2020).

El cambio climático ha reducido la disponibilidad de recursos esenciales como el agua, llevando a restricciones en su uso y resaltando la necesidad de equilibrar la productividad con la conservación mediante estrategias de uso eficiente. El agua es el principal factor limitante en la producción forestal (BHATTACHARYA, 2019; HAKAMADA et al., 2020), cuya escasez puede disminuir la biomasa y, en casos extremos, causar la muerte de los árboles (GUEDES et al., 2018). Por lo tanto, es necesario comprender cómo se puede mejorar (o mantener) la producción de biomasa optimizando el uso del agua. La relación entre estas dos variables se conoce como eficiencia en el uso del agua (WUE) (BRAMLEY et al., 2013). La WUEi relaciona el CO_2 asimilado con la conductancia estomática, y no se ve influenciada por las condiciones climáticas al momento de la medición (BHATTACHARYA, 2019).



La WUEi puede ser medida a través de la discriminación isotópica de carbono ($\delta^{13}C$) en tejidos vegetales.

La evaluación de la variación genética en variables de producción de madera y eficiencia en el uso del agua (WUEi) en *Gmelina arborea* es fundamental para desarrollar estrategias de manejo forestal que optimicen la productividad sin comprometer el recurso hídrico, especialmente en regiones como el bosque seco tropical, donde la disponibilidad de agua es un factor crítico. Este enfoque es clave para garantizar la sostenibilidad en escenarios de cambio climático y creciente demanda de recursos.

2. Objetivos

Los objetivos específicos de este estudio fueron: i) estimar la varianza genética y las heredabilidades de la biomasa y la producción de madera, la densidad de la madera y la WUEi en familias de polinización abierta de *G. arborea*; ii) determinar las correlaciones genéticas y respuesta a la selección de las variables evaluadas individualmente, equilibrando la producción de madera y la eficiencia en el uso del agua.

3. Metodología

La información utilizada en esta investigación proviene de un ensayo de progenies de *G. arborea* establecido en el año 2011, ubicado en los Valles inter-Andinos de Colombia en las coordenadas 5°00'52.10" latitud –74°54'36" longitud. El sitio tiene una elevación de 280 m sobre el nivel del mar, y pertenece al bosque seco tropical (HOLDRIDGE, 1947). Se utilizó un diseño experimental de bloques completos al azar con 30 bloques y 40 familias de polinización abierta (tratamientos), con la unidad experimental siendo cada árbol (Parcela de Árbol Único), de modo que el experimento total consistió en 1200 árboles.

A los nueve años de edad se evaluaron las siguientes variables: i) el volumen de madera sin corteza hasta un índice de utilización de 15 cm (V15), calculado mediante el modelo de ahusamiento de NIÑO et al. (2018); ii) la biomasa aérea (BA), estimada con las ecuaciones de OBANDO (2004) y RODRÍGUEZ (2013); iii) la densidad básica de la madera (DB), determinada como la relación entre el peso seco en horno y el volumen fresco, a partir de núcleos de incremento tomados a 1,30 metros sobre el suelo; y iv) la eficiencia intrínseca en el uso del agua (WUEi), obtenida a partir de la discriminación isotópica de ^{13}C en muestras de madera, según lo propuesto por SAURER y SIEGWOLF (2007).

$$WUE_i = C_a \frac{b - \delta^{13}C_a + \delta^{13}C_p}{1.6(b - a)}$$

Los datos individuales fueron analizados mediante un modelo lineal mixto ($y = Xb + Zu + e$) ajustado con el paquete *breedR*. Se consideraron efectos fijos. La heredabilidad en sentido estrecho para medias de familias de polinización abierta (h^2_f) se estimó según ISIK et al. (2017) mediante la expresión:

$$h_f^2 = \frac{\sigma_f^2}{\sigma_f^2 + \frac{\sigma_e^2}{r}}$$

donde σ^2_f es la varianza entre familias, σ^2_e la varianza residual, y r el número de repeticiones (bloques).

Para evaluar la relación genética entre las variables, se estimaron los coeficientes

de correlación genética a partir de los componentes de varianza y covarianza obtenidos del modelo lineal de efectos mixtos.

$$r_G = \frac{\sigma_{A(x,y)}}{\sqrt{\sigma_{Ax}^2 \cdot \sigma_{Ay}^2}}$$

donde $\sigma_{A(x,y)}$, σ_{Ax}^2 y σ_{Ay}^2 son los componentes de covarianza y varianza genética aditiva de los rasgos x e y respectivamente.

El error estándar de las heredabilidades estimadas y los coeficientes de correlación genética se calcularon mediante el método delta, que considera la relación entre varianza-covarianza incluida en el paquete 'breedRPlus' (LIN, 2018). Para estimar la respuesta a la selección de familias de *G. arborea*, se estimó el diferencial de selección para cada rasgo como la diferencia media del 10 % superior (4 familias) y el 20 % superior (8 familias) de las familias seleccionadas contra la media global de las cuarenta familias de polinización abierta evaluadas, y la respuesta a la selección (R) se estimó usando la siguiente ecuación (FALCONER, 1981):

$$R = S \cdot h_f^2$$

donde S es el diferencial de selección y h_f^2 es la heredabilidad de las medias de familias de polinización abierta.

4. Resultados

Las familias de polinización abierta de *Gmelina arborea* mostraron una amplia variabilidad en las variables evaluadas. Se observaron diferencias importantes en el volumen, la biomasa aérea, la densidad básica de la madera y la eficiencia en el uso del agua, con coeficientes de variación que reflejan tanto alta como baja dispersión según la variable considerada (Tabla 1).

Tabla 1. Estadísticas descriptivas de los rasgos medidos en cuarenta familias de polinización abierta en un ensayo de progenie de *G. arborea* de 9 años de edad en Colombia.

-1	201,12	103,82	263,09	34,02	16,91	
3	-1	0,259	0,113	0,343	0,05	18,74
-3	0,454	0,428	0,482	0,01	2,61	
i	-1	59,45	52,66	64,45	4,40	4,65

Las variables de producción (V15, BA y DB) y WUE_i presentaron heredabilidades en sentido estricto moderadas. Considerando la heredabilidad de las medias de familias de polinización abierta, las variables asociadas a la producción mostraron valores de $h_f^2 = 0,55$ para BA, $h_f^2 = 0,54$ para V15 y $h_f^2 = 0,61$ para DB, y WUE_i mostró una heredabilidad moderada $h_f^2 = 0,49$ (Tabla 2).

Tabla 2. Heredabilidades en sentido estricto para las variables evaluadas en familias de polinización abierta de *G. arborea* de 9 años en Colombia

Variable	h _{2i}	h _{2f}
BA	0,16	0,55
V15	0,15	0,54
DB	0,37	0,61
WUE _i	0,25	0,49

El análisis de correlación genética (Tabla 3) mostró que BA y V15 presentan una correlación genética alta ($r_G = 0.988$, $p < 0.001$). DB mostró una correlación genética positiva significativa con BA ($r_G = 0,64$, $p < 0,05$) y V15 ($r_G = 0,56$, $p < 0,05$) y una correlación no significativa con WUE_i ($p > 0,05$), y tanto BA como V15 mostraron una correlación genética significativa con WUE_i ($r_G = 0,50$, $p < 0,05$).

Tabla 3. Correlaciones genéticas entre los rasgos evaluados en familias de polinización abierta de *G. arborea* de 9 años de edad.

Variable	V15	DB	WUE _i
BA	0,988 *** (0,010)	0,635 * (0,339)	0,506 * (0,315)
V15	1	0,557 * (0,336)	0,502 * (0,304)
DB	1	0,144 ns (0,369)	

Para cada variable: los valores entre paréntesis corresponden al error estándar de los coeficientes de correlación genética; ***, significativo con $p < 0.001$; *, significativo con $p < 0.05$; ns, no significativo.

La mayor respuesta a la selección se obtuvo en V15 y BA, con valores que oscilaron entre $0,040 \text{ m}^3 \text{ árbol}^{-1}$ (15,5 %) y $0,033 \text{ m}^3 \text{ árbol}^{-1}$ (12,7 %) para V15, y entre $27,57 \text{ kg árbol}^{-1}$ (13,7 %) y $23,29 \text{ kg árbol}^{-1}$ (11,6 %) para BA, al seleccionar el 10 % o el 20 % de las familias superiores, respectivamente (Figura 1). Aunque DB presentó la heredabilidad h^2_f más alta entre las variables evaluadas, mostró un diferencial de selección bajo, lo que resultó en una ganancia genética modesta del 2,5 % o 2,1 % dependiendo del porcentaje de familias seleccionadas. Finalmente, la respuesta a la selección para WUE_i mostró incrementos menores, con valores que variaron de 3,0 % (4 familias seleccionadas) a 2,9 % (8 familias seleccionadas).

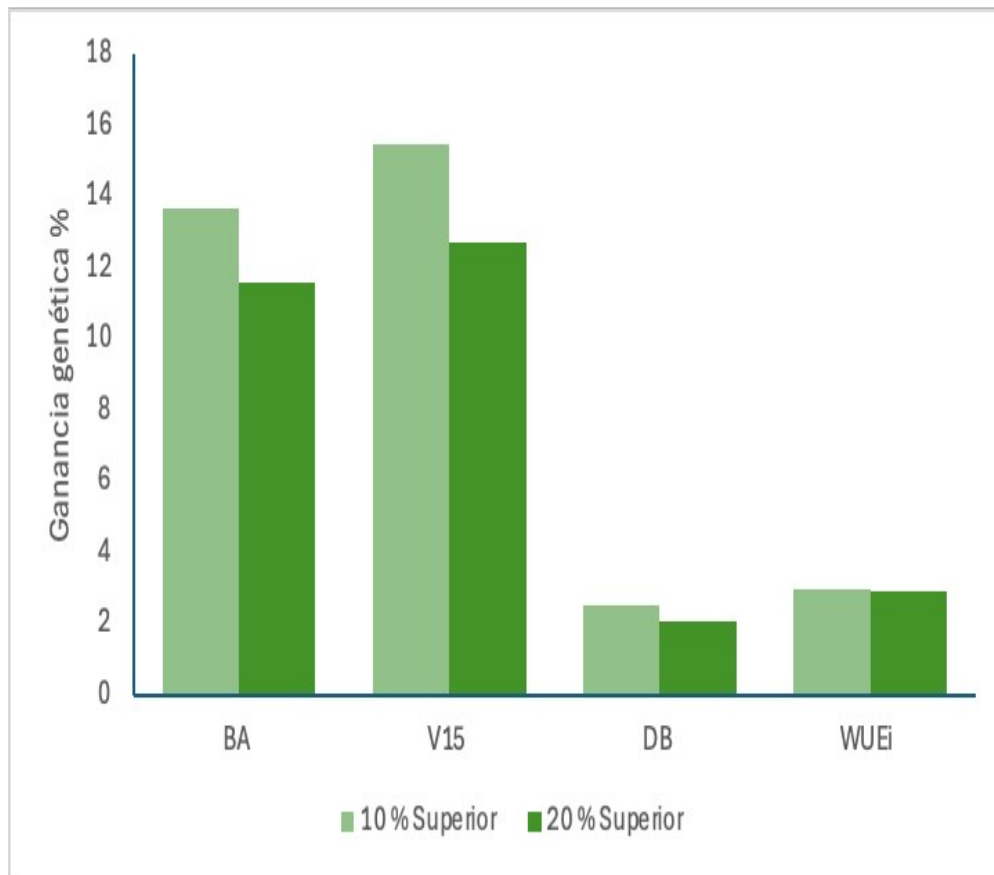


Figura 1. Ganancia genética al seleccionar el 10 % (verde claro) o el 20 % (verde oscuro) de las familias superiores

5. Discusión

Se evaluaron variables de producción y eficiencia en el uso del agua en cuarenta familias de polinización abierta de *Gmelina arborea* sembradas en un bosque seco tropical, un entorno caracterizado por la limitada disponibilidad de agua. Este estudio aporta evidencia sobre el potencial de la mejora genética en árboles, conciliando los objetivos de productividad maderera y eficiencia en el uso del agua. La eficiencia intrínseca en el uso del agua (WUEi) se estimó a partir de la discriminación isotópica de carbono en muestras de madera, considerada un indicador clave de la adaptabilidad de los árboles frente al cambio climático (WEIWEI et al., 2018).

Los resultados sugieren respuestas moderadas a la selección en BA y V15, con diferencias de selección superiores al 10 %, aunque menores a las reportadas en estudios previos por ESPITIA et al. (2016) y HODGE & DVORAK (2004). V15 y BA mostraron las mayores ganancias genéticas, destacando el buen desempeño de las familias evaluadas. Por otro lado, la DB presentó una baja respuesta a la selección, aunque las familias mostraron valores de DB superiores a los reportados por DVORAK (2004) y similares a los de LAURIDSEN & KJAER (2002) y ESPINOZA (2004). La ganancia genética para WUEi fue baja (2.9-3.0 %), pero la correlación positiva con BA y V15 indica que es posible mejorar simultáneamente la producción y la eficiencia en el uso del agua. Esto sugiere que, en algunas familias, WUEi está más influenciada por las tasas fotosintéticas que por el control estomático.

Los resultados obtenidos destacan la compatibilidad entre la mejora en la producción y la eficiencia en el uso del agua en *G. arborea*, lo que sugiere que la



selección de familias con altos valores en estas variables no compromete la calidad de la madera, medida a través de la DB. Este hallazgo es relevante para los programas de mejora genética, ya que permite equilibrar los objetivos de productividad y sostenibilidad. Además, se evidencia que algunas familias tienen el potencial de cumplir simultáneamente con las demandas de alta producción y eficiencia hídrica, lo que refuerza la adaptabilidad de esta especie a entornos con recursos limitados, como el bosque seco tropical.

6. Conclusiones

Este estudio evaluó genéticamente variables de producción y eficiencia en el uso del agua (WUEi) en cuarenta familias de polinización abierta de *Gmelina arborea* en un bosque seco tropical. Se observaron heredabilidades moderadas y respuestas a la selección de hasta 15.5 % en V15, 13.7 % en BA, 2.5 % en DB y 3.0 % en WUEi. Las correlaciones genéticas positivas entre las variables de producción, DB y WUEi indican que algunas familias son más productivas y eficientes en el uso del agua. Se identificaron tres familias superiores como base para la mejora genética, contribuyendo a un manejo forestal sostenible que optimice la adaptabilidad de la especie ante el cambio climático.

7. Agradecimientos

Los autores agradecen a la Oficina de Investigación y Desarrollo Científico de la Universidad del Tolima por el apoyo financiero otorgado para desarrollar la investigación.

8. Bibliografía

- 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. *Rev. Chapingo Ser. Cienc. For. Amb.*, 9, 213–219.
- BHATTACHARYA, A. (2019). *Changing climate and resource use efficiency in plants*. Academic Press.
- BOUVET, J. M., MAKOUANZI, C. G., BRENDDEL, O., LACLAU, J. P., BOUILLET, J. P., & EPRON, D. (2020). Selecting for water use efficiency, wood chemical traits and biomass with genomic selection in a *Eucalyptus* breeding program. *For. Ecol. Manage.*, 465, 118092.
- BRAMLEY, H., TURNER, N., & SIDDIQUE, K. (2013). Water use efficiency. In C. Kole (Ed.), *Genomics and breeding for climate-resilient crops* (pp. 225–268). *Springer*.
- BRUGNOLI, E., HUBICK, K. T., VON CAEMMERER, S., WONG, S. C., & FARQUHAR, G. D. (1988). Correlation between the carbon isotope discrimination in leaf starch and sugars of C3 plants and the ratio of intercellular and atmospheric partial pressures of carbon dioxide. *Plant Physiology*, 88, 1418–1424. <https://doi.org/10.1104/pp.88.4.1418>
- DE KOK, R. (2012). A revision of the genus *Gmelina* (Lamiaceae). *Kew Bull.*, 67, 293–329.
- DVORAK, W. (2004). World view of *Gmelina arborea*: Opportunities and challenges. *New For.*, 28, 111–126
- ESPITIA, M., MURILLO, O., & CASTILLO, C. (2016). Ganancia genética esperada en melina (*Gmelina arborea* Roxb.) en Córdoba (Colombia). *Rev. Árvore.*, 40, 71–80.
- FARQUHAR, G., LEARY, M., & BERRY, J. (1982). On the relationship between carbon isotope discrimination and the intercellular carbon dioxide concentration in leaves. *J. Plant Physiol.*, 9, 121.
- FALCONER, D. S. (1981). *Introduction to quantitative genetics* (2nd ed.). Longmans



Green.

GUEDES, B. S., OLSSON, B. A., SITOE, A. A., & EGNELL, G. (2018). Net primary production in plantations of *Pinus taeda* and *Eucalyptus cloeziana* compared with a mountain miombo woodland in Mozambique. *Glob. Ecol. Conserv.*, 15, e00414.

HAKAMADA, R. E., MOREIRA, G., STAPE, J. L., CAMPO, O., & BARROS, S. F. (2020). Influence of stand density on growth and water use efficiency in *Eucalyptus* clones. *For. Ecol. Manage.*, 466, 118125.

HERNÁNDEZ, A., ROJAS, A., HINE, A., & DAQUINTA, M. (2013). Multiplicación in vitro de *Gmelina arborea* Roxb en sistemas de inmersión temporal. *Biotechnol. Veg.*, 13, 153–159.

HODGE, G., & DVORAK, W. (2004). The CAMCORE international provenance/progeny trials of *Gmelina arborea*: Genetic parameters and potential again. *New For.*, 28, 147–166.

HOLDRIDGE, L. R. (1947). Determination of world plant formations from simple climatic data. *Science.*, 105, 367–368.

ISIK, F., HOLLAND, J., & MALTECCA, C. (2017). Genetic data analysis for plant and animal breeding. Springer Nature. <https://doi.org/10.1007/978-3-319-55177-7>

LAURIDSEN, E. B., & KJAER, E. D. (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. *Int. For. Rev.*, 4, 20–29.

LIN, Y. (2018). *breedRPlus: Augments the use of "breedR" in fitting mixed models*. R package version 1.01. <https://CRAN.R-project.org/package=breedRPlus>

MARSHALL, D. C. (1958). Measurement of sap flow in conifers by heat transport. *Plant Physiology*, 33, 385–396. <https://doi.org/10.1104/pp.33.6.385>

NIÑO, G. S., RAMOS, P. A., BARRIOS, A., & LÓPEZ, A. M. (2018). Modelos compatibles de ahusamiento-volumen para árboles de *Gmelina arborea* Roxb. en el Alto Magdalena, Colombia. *Colomb. For.*, 21, 174–187

OBANDO, D. (2004). Interceptación de la radiación, acumulación y distribución de biomasa y contenido de carbono en *Gmelina arborea* Roxb. y *Pochota quinata* (Jacq) Dugand. [Tesis de maestría, Universidad del Tolima].

OSORIO, L. F. (2004). Provenance results of *Gmelina arborea* in southwest Colombia at three years of age. *New For.*, 28, 179–185.

RODRÍGUEZ, N. (2013). Guía para la cuantificación de la biomasa y el carbono forestal, generación de modelos y uso de herramientas para su estimación. Corporación Autónoma Regional de Cundinamarca.

SAURER, M., SIEGWOLF, R.T.W. (2007) Human impacts on tree-ring growth reconstructed from stable isotopes. In: Dawson T, Siegwolf R (eds) Stable isotopes as indicators of ecological change. Elsevier Academic Press, San Diego

WEIWEI, L., XINXIAO, Y., GUODONG, J. I. A., HANZHI, L., & ZIQIANG, L. (2018). Responses of intrinsic water use efficiency and tree growth to climate change in semi-arid areas of north China. *Sci. Rep.*, 8, xx.