

 **2025** | **16-20**  
GIJÓN | JUNIO  
**9º CONGRESO FORESTAL ESPAÑOL**

**9CFE-1613**

Actas del Noveno Congreso Forestal Español  
Edita: **Sociedad Española de Ciencias Forestales. 2025.**  
ISBN: **978-84-941695-7-1**

Organiza





## Incorporación de caracteres clave para el sector forestal en el programa de mejora genética de *Pinus pinaster* en Galicia

TORRES-SÁNCHEZ, E. (1)(2), PRADA, E. (1), MENÉNDEZ-GUTIÉRREZ, M. (1) y DÍAZ, R. (1)

(1) Centro de Investigación Forestal de Lourizán. Xunta de Galicia.

(2) ID Forest – Biotecnología Forestal Aplicada S.L.

### Resumen

El programa gallego de mejora genética de *Pinus pinaster* debe avanzar hacia una segunda generación, incorporando nuevos caracteres demandados por el sector forestal. En una encuesta realizada a diferentes miembros del sector, se determinaron la rectitud, el volumen, la resistencia a *Bursaphelenchus xylophilus*, y el módulo de elasticidad como los caracteres más importantes en Galicia.

Ciento dieciséis familias de medios hermanos fueron evaluadas por rectitud, volumen y módulo de elasticidad en seis ensayos en campo. La resistencia a *B. xylophilus* fue analizada en 91 de estas familias mediante experimentos de inoculación artificial en invernadero.

Todos los caracteres presentaron un fuerte control genético, no mostrando la resistencia al nematodo ninguna correlación genética con los demás. Se diseñó un índice de selección que incluyó, por orden de importancia, resistencia al nematodo de la madera del pino, rectitud, volumen y módulo de elasticidad. Aunque la incorporación del módulo de elasticidad podría reducir ligeramente las ganancias en volumen y rectitud, la mejora en la calidad de la madera compensa esta posible disminución. Las ganancias genéticas serían mayores si se seleccionasen los mejores individuos de las mejores familias en lugar de solo las mejores familias.

### Palabras clave

Volumen, rectitud, resistencia a *Bursaphelenchus xylophilus*, módulo de elasticidad, índice de selección

### 1. Introducción

El pino marítimo (*Pinus pinaster*) es una de las especies de mayor relevancia económica y ecológica en Galicia, representando la mitad de las existencias de coníferas de la región con cortas anuales superiores a 1,7 millones de m<sup>3</sup> (PICOS, 2024). El programa de mejora genética gallego para *P. pinaster* comenzó en la década de 1980 enfocándose en el crecimiento y la forma, seleccionando 116 árboles superiores de la procedencia costera de Galicia (procedencia 01a) (ALÍA et al. 2009) y creando varios huertos semilleros de primera generación y uno de 1,5 generaciones (ZAS Y MERLO 2008; DÍAZ et al. 2023).



Actualmente, se están estudiando diferentes escenarios de selección que permitan avanzar hacia una población de mejora de segunda generación. Para ello, el programa busca integrar múltiples variables de alta importancia para el sector forestal como criterios de selección. Hasta la fecha, se han estudiado los parámetros genéticos (i.e., varianza, heredabilidad, interacción genotipo-ambiente) de una gran variedad de variables, entre ellas altura, diámetro, volumen, longitud de entrenudos, ángulo de ramas, rectitud, densidad básica de la madera, módulo de elasticidad dinámico, resistencia al nematodo de la madera del pino (NMP) *Bursaphelenchus xylophilus* y resistencia a *Fusarium circinatum*, entre otros (e.g. DE LA MATA 2012; MENÉNDEZ-GUTIÉRREZ et al. 2018; AKPALU et al. 2019; DÍAZ et al. 2024; TORRES SÁNCHEZ 2024). Estas investigaciones han mostrado resultados interesantes para el sector forestal gallego. Por ejemplo, se ha visto que la población de mejora es susceptible de ser mejorada en cuanto a la resistencia al NMP (MENÉNDEZ-GUTIÉRREZ et al. 2018), dando como resultado el registro de varios progenitores de familia resistentes en el Catálogo Nacional de Materiales Base (MENÉNDEZ-GUTIÉRREZ et al. 2022). También se ha visto que es posible incrementar los valores de la población de mejora en cuanto a las propiedades de la madera, tanto por la densidad básica de la madera como por el módulo de elasticidad (TORRES-SÁNCHEZ et al. 2024b).

Antes de realizar una selección, también es necesario estudiar cómo se relacionan entre sí las diferentes variables del programa, especialmente aquellas que van a ser consideradas criterios de selección. Existe una amplia literatura acerca de cómo se relacionan las variables de crecimiento, forma y propiedades de la madera entre sí (e.g., HONG et al. 2014; HAYATGHEIBI et al. 2017). Sin embargo, aunque se ha estudiado ampliamente la relación entre la resistencia al NMP y rasgos morfológicos en *P. pinaster* (MENÉNDEZ-GUTIÉRREZ et al. 2017, 2018; CARRASQUINHO et al. 2018; TORRES-SÁNCHEZ et al. 2023), no existe mucha bibliografía que estudie la de la resistencia al NMP con las propiedades de la madera (ISHIGURI et al. 2021; TORRES-SÁNCHEZ et al. 2024a). El estudio de estas correlaciones permite poder desarrollar una estrategia de selección multivariable que combine crecimiento, resistencia a enfermedades y propiedades de la madera. Por ejemplo, un estudio previo muestra la posibilidad de mejorar la población del programa de mejora genética canadiense de *Picea abies* por crecimiento, resistencia a *Pissodes strobi* y propiedades de la madera (LENZ et al. 2020).

Uno de los principales objetivos de los programas de mejora genética forestal actuales es maximizar las ganancias genéticas mediante la selección basada en múltiples variables, aunque esto puede complicarse a medida que se consideran más criterios (RIEKSTS-RIEKSTIŅŠ et al. 2019; PEREK et al. 2022; ALEXANDRU et al. 2023). Para abordar este desafío, existen diversas estrategias de selección, siendo el índice de selección un método eficiente. Este índice es una ecuación lineal que asigna un valor específico a cada genotipo, aplicando coeficientes según la importancia de cada criterio de selección para el programa. Este enfoque es especialmente útil cuando los criterios de selección son pocos y sus parámetros genéticos se evalúan en muchos genotipos (WHITE et al. 2007).

## 2. Objetivos



Los objetivos de este trabajo, enmarcado dentro del programa de mejora genética gallego de *P. pinaster*, son (1) estudiar la viabilidad de realizar una selección múltiple basándose en volumen, rectitud, módulo de elasticidad y resistencia a *B. xylophilus*, a través del estudio de los parámetros genéticos; y (2) comparar diferentes índices y escenarios de selección que satisfagan las necesidades del sector forestal gallego y que tengan en cuenta la amenaza actual que supone el NMP.

### 3. Metodología

#### 3.1 Variables morfológicas evaluadas en campo

En el año 2005 se instalaron seis ensayos (S1-S6) de polinización abierta distribuidos a lo largo del territorio de Galicia. En cinco de los seis ensayos se representaron 116 familias de medio hermanos, mientras que en el sexto se incluyeron 94 de ellas. Las semillas fueron recolectadas en el huerto semillero de primera generación perteneciente al programa gallego de mejora genética para *P. pinaster* ubicado en Sergude (Galicia, España, 42.82° N, 8.45° W). Estos ensayos fueron planificados siguiendo una distribución de bloques completos al azar, con ocho bloques por ensayo y tres árboles consecutivos de cada familia por unidad experimental, espaciados 3 x 2 metros. Como resultado, hubo un promedio de 24 árboles por familia en cada ensayo. A lo largo del tiempo, este número de árboles disminuyó debido a causas de mortalidad natural (Tabla 1).

Tabla 1. Localización y descripción de los ensayos de campo. V: volumen; R: rectitud; MOE: módulo de elasticidad.

Ensayo	S1	S2	S3	S4	S5	S6
8,73	7,84	7,99	7,72	7,45		8,48
43,16	42,62	43,46	43,07	42,67		42,46
300	680	550	520	550		350
116	94	116	116	116		116
48	28	23	37	28		16
V, R, MOE	V, R	V, R	V, R	V, R, MOE		V, R, MOE
1.680,6	1.226,1	1.811,4	1.321,5	1.378,2		2.359,2
13,7	12,2	12,9	12,6	12,9		13,8

P: precipitación anual, en mm; T: temperatura media anual, en °C. \* Coordenadas en grados decimales (WGS 84); \*\* Altitud, en metros sobre el nivel del mar; \*\*\* Datos climáticos obtenidos desde ClimateDT Tool para el periodo 1992-2022 (<https://www.ibbr.cnr.it/climate-dt/>, consultado en mayo de 2023). V: volumen; R: rectitud; MOE: módulo de elasticidad.

En todos los ensayos se midió el diámetro a la altura del pecho (D, cm), altura (H, m) y rectitud (R, 1 – torcido y 6 – recto; escala inversa y modificada de GALERA et



al. 1997). El diámetro se midió en todos los árboles, mientras que la altura se midió en los 100 árboles por hectárea con mayor D. Con estas mediciones se estimó H del resto de árboles, lo que permitió, junto con D, estimar el volumen ( $V$ ,  $\text{dm}^3$ ) de cada árbol (DIÉGUEZ-ARANDA et al. 2009). En tres de los seis ensayos se calculó el módulo de elasticidad dinámico (MOE, MPa) como variable representativa de las propiedades de la madera. Para ello, se midió en cada árbol la densidad en verde ( $\text{kg}\cdot\text{m}^{-3}$ ) y la velocidad de onda de estrés ( $\text{m}\cdot\text{s}^{-1}$ ) (TORRES-SÁNCHEZ et al. 2024b). La densidad en verde se estimó en laboratorio a través de muestras de madera recogidas desde la corteza hasta el núcleo del árbol. La velocidad de onda de estrés se midió en dirección longitudinal a lo largo del árbol, mediante un equipo de ultrasonidos Hitman ST300 (Fibre-Gen, NZ). Todas las variables fueron medidas a los 12 años. Las variables H, D, V y R fueron medidas o estimadas en todos los árboles vivos de cada ensayo, mientras que el MOE fue medido en los 8 árboles con mayor diámetro por familia distribuidos en los 4 bloques con mayor supervivencia (Tabla 1).

### 3.2. Experimentos de resistencia a NMP

Se realizaron dos experimentos de inoculación artificial en condiciones controladas en los invernaderos del Centro de Investigación Forestal de Lourizán ( $42^\circ 24' 33''$  N,  $8^\circ 39' 46''$  W, Pontevedra, España). En el primer experimento se evaluaron plántulas de 2 años de 50 familias de medio hermanos. El segundo experimento se llevó a cabo con plántulas de 2 años de 47 familias, 6 de las cuales ya habían sido evaluadas en el primer experimento. Ambos experimentos siguieron un diseño en bloques completos al azar, con 12 bloques y una plántula por familia como unidad experimental. En cada plántula se introdujeron 300  $\mu\text{l}$  de inóculo con 600 *B. xylophilus* en los distintos estadios de desarrollo (MENÉNDEZ-GUTIÉRREZ et al., 2017) de la cepa del foco positivo detectado en As Neves en 2010 (ABELLEIRA et al. 2013). La inoculación se realizó a través de un corte en el tallo en la zona correspondiente al crecimiento del año anterior. Cada plántula fue evaluada por su supervivencia (S) al final del ensayo, 66 días después de la inoculación. De acuerdo con estudios previos (MENÉNDEZ-GUTIÉRREZ et al. 2018), esta se evaluó usando una variable binaria (1 – plántula viva, con menos del 81% de las acículas marchitas y 0 – plántula muerta, con el 81-100% de las acículas marchitas).

### 3.3. Análisis de datos

Previo a los análisis se llevó a cabo un estudio en todas las variables evaluadas en campo para cada uno de los ensayos para detectar la posible existencia de autocorrelación espacial y corregirla en caso de ser necesario (ZAS 2006; MUÑOZ Y SÁNCHEZ 2023). Tras comprobar la presencia de heterogeneidad en la varianza residual del volumen en los datos de cada parcela, se realizó una estandarización del volumen en base a la metodología descrita por varios autores, estableciendo un promedio de 100 % (WHITE et al. 2007; HODGE Y DVORAK 2015). Este nuevo volumen estandarizado fue considerado una nueva variable ( $V_{st}$ , %).



### 3.3.1. Análisis multiambiente

Vst, R y MOE fueron evaluados de acuerdo con el siguiente modelo:

$$Y_{ijm} = \mu + E_i + F_j + [FE]_{ij} + \epsilon_{ijm}$$

Donde  $Y_{ijm}$  es la variable medida en el árbol “m” perteneciente a la familia “j” localizada en el ensayo “i”,  $\mu$  es el promedio general de la variable,  $E_i$  es el efecto fijo del ensayo “i”,  $F_j$  es el efecto aleatorio de la familia “j” y  $[FE]_{ij}$  es el efecto aleatorio de la interacción de la familia con el ensayo (interacción GxE) y  $\epsilon_{ijm}$  es el error aleatorio. Después, se estimaron la heredabilidad individual ( $h^2_i$ ), familiar ( $h^2_f$ ) e intrafamiliar ( $h^2_w$ ) (ISIK et al. 2017) y las correlaciones genéticas de tipo B (rBg) (BURDON 1977):

$$h_i^2 = (4 \cdot S_{fam}^2) / (S_{fam}^2 + S_{G \times E}^2 + S_{res}^2)$$

$$h_f^2 = (S_{fam}^2) / (S_{fam}^2 + (S_{G \times E}^2) / N + (S_{res}^2) / (N \cdot E))$$

$$h_w^2 = (3 \cdot S_{fam}^2) / (S_{res}^2)$$

$$rBg = (S_{fam}^2) / (S_{fam}^2 + S_{G \times E}^2)$$

Donde  $S_{fam}^2$  es la varianza familiar estimada,  $S_{G \times E}^2$  es la interacción entre la familia y el sitio estimada,  $S_{res}^2$  es la varianza residual estimada, N es la media armónica de los individuos de cada familia, E es el número de sitios donde se han establecido los ensayos.

### 3.3.2. Experimentos de resistencia a NMP

La supervivencia (S) fue analizada mediante un modelo mixto generalizado binomial (función enlace = logit):

$$S_{hijm} = \mu + E_h + B_i [E]_h + F_j [E]_h + \epsilon_{hijm}$$

Donde  $S_{hijm}$  es la supervivencia de la plántula “m” perteneciente a la familia “j” y localizada en el bloque “i” del experimento “h”,  $\mu$  es la media general,  $E_h$  es el efecto fijo del experimento “h”,  $B_i [E]_h$  es el efecto aleatorio del bloque “i” anidado en el experimento “h”,  $F_j [E]_h$  es el efecto aleatorio de la familia “j” anidada en el experimento “h” y  $\epsilon_{hijm}$  es el error aleatorio.

### 3.3.3. Correlaciones entre variables

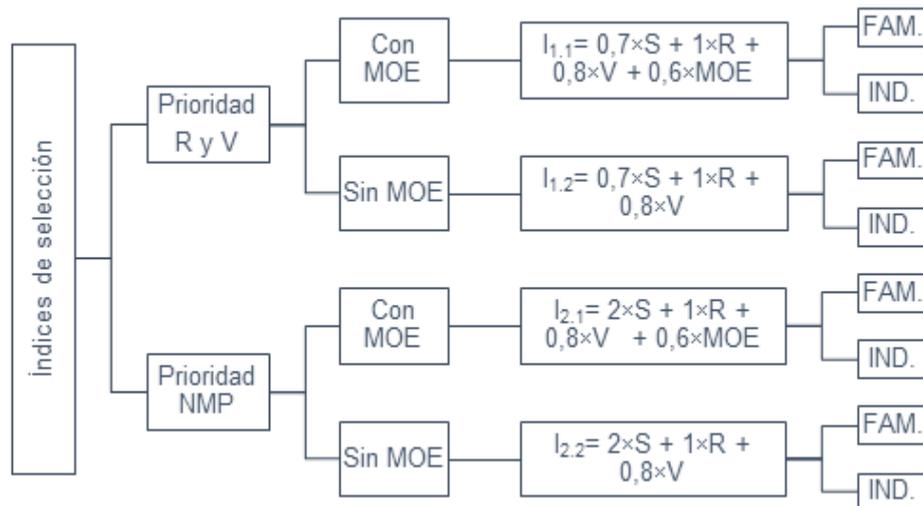
Se estimaron las correlaciones de Pearson entre todas las variables. Para ello, se utilizaron los valores *Best Linear Unbiased Prediction* (BLUPs) familiares obtenidos del modelo mixto multiambiente realizado para Vst, R y MOE y del modelo mixto generalizado binomial realizado para S.

### 3.3.4. Índice de selección

Para desarrollar un posible índice de selección adecuado a las necesidades del sector forestal gallego, se realizó una encuesta a representantes de los diferentes eslabones del sector para que valoraran la importancia de las variables estudiadas para cada uno de ellos. Esta encuesta determinó el orden de importancia de las cuatro variables consideradas en este estudio, clasificándolas de mayor a menor importancia como se indica a continuación (indicando entre paréntesis el

coeficiente obtenido para cada variable): rectitud (1), volumen (0,8), resistencia al NMP (0,7) y módulo de elasticidad (0,6).

Se estudiaron varios escenarios de selección posibles, en los que se incluyeron distinto número de variables con distintos coeficientes de ponderación (Figura 1). La ponderación de cada criterio de selección se determinó de dos formas; por un lado, a partir de los resultados de la encuesta al sector, que dio prioridad a la rectitud y al volumen ( $I_{1,1}$  e  $I_{1,2}$ ), y, por otro lado, se consideró la opción de dar un mayor peso a la amenaza potencial del NMP por el riesgo que esta enfermedad supone para las masas de *P. pinaster* ( $I_{2,1}$  e  $I_{2,2}$ ). En cuanto al número de variables, se consideró tanto la opción de incluir todas las variables, puesto que el MOE es una variable importante para el sector de la construcción en madera, por ejemplo ( $I_{1,1}$  e  $I_{2,1}$ ), como la de excluir el MOE ( $I_{1,2}$  e  $I_{2,2}$ ), ya que fue la variable que figuró en último lugar en la encuesta. Finalmente, cada uno de los cuatro índices se aplicó en dos tipos de selección: selección familiar (donde se seleccionarían las 40 mejores familias, FAM) y selección del mejor individuo dentro de la selección familiar (seleccionando el mejor individuo de las 40 mejores familias, IND).



Las ganancias genéticas se estimaron para cada variable en cada escenario de selección, dividiendo el valor de mejora promedio entre la media fenotípica general y multiplicando por 100. Para cada variable, los valores de mejora de cada familia (así como para sus respectivos individuos) fueron calculados mediante los BLUPs,  $h_w^2$  y los valores residuales (WHITE et al. 2007; ISIK et al. 2017; PEREK et al. 2022). Debido a que los valores de mejora de cada variable se encuentran en diferentes unidades y a que es necesario equipararlas para elaborar un índice de selección, todas las variables se re-escalaron entre los valores 0 y 1.

### 3.3.5. Softwares utilizados

Los datos fueron analizados utilizando R (R FOUNDATION FOR STATISTICAL



COMPUTING 2020). Los análisis de modelos mixtos fueron implementados con el paquete breedR (MUÑOZ Y SÁNCHEZ 2023) y el paquete lme4 (BATES et al. 2015). Los errores estándar de los parámetros genéticos fueron estimados a través de diferentes formas: con el paquete de breedR cuando fue posible o según metodologías previamente descritas (WRIGHT 1976; FALCONER Y MACKAY 1996).

## 4. Resultados

### 4.1. Parámetros genéticos

El promedio general para las cuatro variables, Vst, R, MOE y S, fue, respectivamente, 100 ( $\pm 48,9$ , %), 2,5 ( $\pm 1,0$ , escala de 1 a 6),  $1,09 \cdot 10^4$  ( $\pm 2,5 \cdot 10^3$ , MPa) y 71 ( $\pm 45$ , %). El volumen original sin estandarizar presentó un promedio de 77,60 dm<sup>3</sup>. Todas las variables presentaron un coeficiente de variación fenotípico alto (0,40, 0,49 y 0,63 para R, Vst y S, respectivamente), a excepción del MOE (0,23).

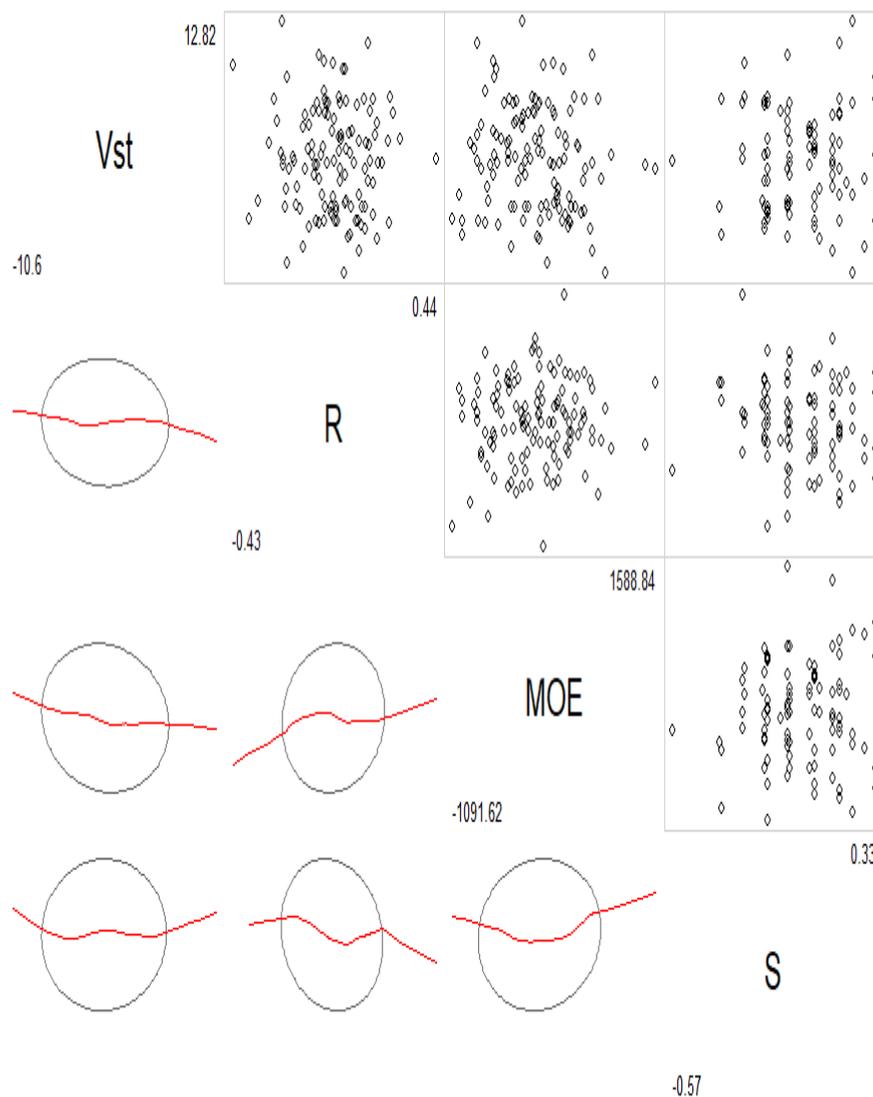
Los valores de  $h^2_i$  fueron menores en Vst y R en comparación con el MOE y S, si bien los valores de  $h^2_f$  fueron moderados-altos para las cuatro variables. En cuanto a  $h^2_w$ , al igual que con  $h^2_i$ , los valores fueron menores en Vst y R respecto al MOE y S (Tabla 2). De las tres variables estudiadas en campo, solo el volumen presentó una interacción genotipo-ambiente significativa ( $rBg = 0,55$ ;  $S^2_{GxE}/S^2_{fam} = 0,81$ ), mientras que la interacción genotipo-ambiente fue débil para R y MOE ( $rBg \geq 0,80$ ;  $S^2_{GxE}/S^2_{fam} < 0,50$ ). Todos los valores de  $rBg$  se consideraron significativos, ya que superaron el doble de sus errores estándar (Tabla 2).

Tabla 2. Heredabilidad individual ( $h^2_i$ ), familiar ( $h^2_f$ ), intrafamiliar ( $h^2_w$ ), correlación genética de tipo B ( $rBg$ ), error estándar (se), y ratio entre la varianza estimada para la interacción genotipo-ambiente y la estimada a nivel familiar ( $S^2_{GxE}/S^2_{fam}$ ) de las variables evaluadas.

Variable	$h^2_i$ (se)	$h^2_f$ (se)	$h^2_w$	$rBg$ (se)	$S^2_{GxE}/S^2_{fam}$
Vst	0,08 (0,01)	0,59 (0,06)	0,06	0,55 (0,11)	0,81
R	0,12 (0,02)	0,75 (0,11)	0,09	0,80 (0,09)	0,33
MOE	0,34 (0,06)	0,68 (0,10)	0,28	0,91 (0,13)	0,10
S	0,24 (0,05)	0,49 (0,07)	0,19	--	--
Volumen estandarizado (Vst); Rectitud (R); módulo de elasticidad (MOE) y supervivencia <i>a B. xylophilus</i> (S).					

### 4.2. Correlaciones entre variables

No se encontraron correlaciones significativas a nivel BLUP entre las cuatro variables evaluadas ( $Vst - R = -0,05$  n.s.;  $Vst - MOE = -0,10$  n.s.;  $Vst - S = 0,02$  n.s.;  $R - MOE = 0,08$  n.s.;  $R - S = -0,12$  n.s.;  $MOE - S = 0,08$  n.s.). En la Figura 2, se muestra esta ausencia de correlaciones.



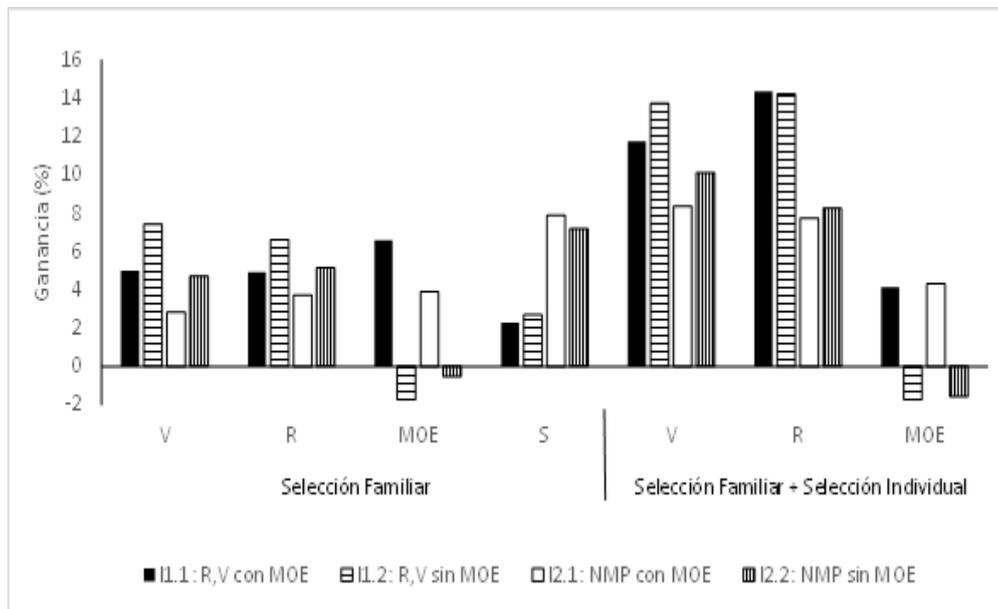
#### 4.3. Índice de selección

Las ganancias genéticas obtenidas con los índices de selección por árbol individual dentro de las 40 mejores familias superarían en prácticamente todos los casos a las obtenidas con índices de selección por familia, especialmente en V y R, donde las ganancias podrían incluso duplicarse (Figura 3). En el caso de la resistencia al NMP, no se pudieron estimar las ganancias individuales, dado que no se tenían

datos de resistencia de los árboles existentes en los ensayos de campo, sino en plántulas en ensayo de invernadero, las cuales se destruyeron al final de los ensayos.

Darle una ponderación mayor a la resistencia al NMP supondría una importante subida en las ganancias genéticas para esta variable, ya que pasarían de 2,70 % a 7,17%, en el caso de no considerar MOE, o de 2,28 % a 7,90 %, si se tuviese en cuenta. Sin embargo, al considerar el MOE, las ganancias genéticas para R y V se verían en todos los casos disminuidas ( $I_{1.1}$  e  $I_{1.2}$  tienen mayores valores que  $I_{2.1}$  e  $I_{2.2}$ , tanto seleccionando las 40 mejores familias como los 40 mejores individuos de las mejores familias, Figura 3). Por ejemplo, en el caso de hacer selección de árbol individual e incluir el MOE en el índice, la ganancia en rectitud (R) bajaría de 14,38 a 7,74 %, y en volumen (V) disminuiría de 11,76 a 8,37 % ( $I_{1.1}$  frente a  $I_{2.1}$ )

Cabe resaltar que la no inclusión del MOE en el índice supondría una ganancia negativa para esta variable en todos los casos ( $I_{1.2}$  e  $I_{2.2}$ , MOE, Figura 3), mientras que su inclusión ( $I_{1.1}$  e  $I_{2.1}$ , MOE) conllevaría ganancias que oscilarían entre el 3,9 y 6,6%. Incluir MOE en el índice no afectaría prácticamente en las ganancias a obtener en resistencia al NMP, mientras que disminuiría un poco las de R y V, si bien seguirían obteniéndose ganancias genéticas positivas para todos los caracteres (Figura 3).



## 5. Discusión

Este estudio muestra que es viable avanzar en el programa de mejora genética gallego de *P. pinaster* empleando un índice de selección que incluya todas las variables evaluadas en el presente trabajo. La ausencia de correlaciones significativas entre la resistencia al NMP y el resto de las variables permite una selección eficaz basada en múltiples variables, facilitando el proceso de selección,



dado que posibilita la mejora de la resistencia al NMP sin comprometer otras variables de interés que también son cruciales para el programa de mejora.

El estudio de las correlaciones entre variables nos permite decidir qué variables se pueden o no incluir como criterios de selección. Correlaciones positivas indican que podría haber una selección indirecta beneficiosa en otras variables no consideradas en el índice y que pueden ser de interés en un futuro, como ya han demostrado otros autores (HONG et al. 2014; PEREK et al. 2022; YASUDA et al. 2021, TORRES-SÁNCHEZ et al. 2024b). Sin embargo, detectar correlaciones negativas ayuda a evitar selecciones indirectas indeseadas. De hecho, algunos programas de mejora genética forestal observaron con el paso del tiempo que las sucesivas selecciones basadas en el crecimiento y la forma del tronco implicaba una selección indirecta desfavorable en la densidad de la madera (BOUFFIER et al. 2008). La falta de una correlación significativa entre el volumen y la rectitud está de acuerdo con otros autores (BELABER et al. 2018). Por otro lado, este trabajo destaca la ausencia de correlaciones significativas entre la resistencia al NMP a los 2 años, y las tres variables evaluadas en campo a los 12. De igual forma, ISHIGURI et al. (2021) no observaron ninguna relación significativa entre el módulo de elasticidad y la resistencia al NMP. Sin embargo, la ausencia de correlación con el volumen parece contradictoria con experimentos previos de inoculación artificial donde se encontró una correlación negativa significativa entre la resistencia al NMP y el crecimiento en plántula de 2-3 años de *P. pinaster* (MENÉNDEZ-GUTIÉRREZ et al. 2018; TORRES-SÁNCHEZ et al. 2023). Esta discrepancia puede ser debida a las diferentes condiciones ambientales en las que se desarrollaron las plantas (HARFOUCHE 2003). Se ha visto que el crecimiento en familias de *P. pinaster* en condiciones controladas en invernadero no correlacionó con el crecimiento de esas mismas familias de *P. pinaster* en campo (ZAS et al. 2004), por lo cual, aunque la correlación entre resistencia al NMP y el crecimiento en invernadero sea negativa, puede no serlo con el crecimiento en condiciones de campo. De hecho, en otras especies forestales, se han encontrado correlaciones positivas entre el crecimiento y la resistencia a plagas y enfermedades (LENZ et al. 2020; MOTTET et al. 2015).

Debido a las restricciones impuestas por la legislación europea (COMISIÓN EUROPEA 2012), los experimentos de resistencia al NMP en España se realizan exclusivamente en condiciones controladas, lo que impide el trabajo con árboles adultos. De todos modos, numerosos estudios han demostrado que la resistencia a enfermedades aumenta con la edad (PATTON 1961; KISHI 1999; KURODA et al. 2007; LU Y DERBOWKA 2012) y que está más influenciada por factores genéticos que ambientales, por lo que los genotipos resistentes en experimentos con condiciones controladas tienden a mantener su resistencia en el campo (ISIK et al. 2008; HAYDEN et al. 2013). Por lo tanto, el ranking de resistencia entre familias al NMP observado en plántulas de dos años bajo condiciones controladas puede considerarse un predictor de la resistencia familiar en árboles adultos en condiciones ambientales de campo. Esto permite utilizar los resultados de este estudio para analizar las correlaciones entre variables y considerar la resistencia al NMP como parte del índice de selección, junto con otras variables evaluadas en campo a edades adultas.



A la hora de plantear qué selección resultaría más eficiente, los resultados observados en las heredabilidades indican que es mucho mejor realizar una selección familiar o una selección individual dentro de una selección familiar, que realizar únicamente una selección individual o masal. Esto es debido a que observamos altos valores de heredabilidad familiar, moderados en la heredabilidad intrafamiliar y bajos en la heredabilidad individual para las variables de volumen y rectitud. Sin embargo, hay que ser cautelosos con la baja heredabilidad individual de la rectitud, ya que puede estar infraestimada al ser analizada mediante variables categóricas (WILLIAMS Y LAMBETH 1988; HAAPANEN et al. 1997; BELABER et al. 2018). La interacción genotipo-ambiente en volumen identificada en este estudio muestra un cambio en el ranking familiar entre distintos ambientes (WHITE et al. 2007). Sin embargo, un índice de selección que considera el volumen prioriza las familias con mayores rendimientos en todo Galicia, compensando la posible inestabilidad de algunas familias en determinados ambientes. Por otro lado, tampoco existe una limitación en cuanto a la rectitud y al módulo de elasticidad debido a la baja interacción genotipo-ambiente que indica un ranking familiar estable en los diversos ambientes gallegos.

Desde el comienzo del programa de mejora genética de *P. pinaster* en Galicia, el volumen y la rectitud han sido pilares clave en los criterios de selección (ZAS Y MERLO 2008). En la última década se han empezado a tener en cuenta también otros caracteres como la resistencia a enfermedades y las propiedades de la madera, puesto que es preciso adaptarse tanto al cambio global como a las nuevas necesidades del sector. Por esta razón, y para asignar pesos adecuados a cada variable en el índice de selección, se realizó una encuesta dirigida al sector forestal gallego para determinar su importancia relativa. Si bien el módulo de elasticidad fue el carácter menos valorado de los 4 mostrados en este estudio, está habiendo un creciente interés de la industria de la construcción en madera por estudiar e incrementar el módulo de elasticidad (PICOS 2024), ya que esta propiedad es crucial para determinar los usos potenciales de la madera (BACHER Y KRZOSEK 2014). Por otro lado, desde el Centro de Investigación Forestal de Lourizán incluir índices dando mayor peso a la resistencia al NMP se consideró imprescindible, debido a la amenaza que este patógeno representa para los bosques de *P. pinaster* en Galicia (PICOS et al. 2024).

Entre todos los índices estudiados, tanto a nivel familiar como individual dentro de las familias, el que generaría unas ganancias buenas para todos los caracteres es el que prioriza la resistencia al nematodo del pino y que, además, incluye el módulo de elasticidad. Aunque es cierto que los índices que priorizan la resistencia al NMP muestran menores ganancias genéticas en volumen y rectitud, no priorizarla implicaría una ganancia en resistencia al NMP muy escasa. Dado el riesgo significativo que este patógeno supone para las masas de coníferas de Galicia, especialmente las formadas por *P. pinaster*, se considera aconsejable sacrificar ciertas ganancias en volumen y rectitud para obtener una mayor resistencia al NMP y asegurar así una mayor supervivencia en previsión de que el NMP se expanda en Galicia en los próximos años como indican DE LA FUENTE et al. (2018) y DE LA FUENTE Y SAURA (2021). Por otro lado, incluir también el módulo de elasticidad en el índice supondría una posible mejora en la calidad de la madera y un mayor valor de los productos resultantes, que puede compensar la reducción de



la cantidad de madera extraída, justificando la inclusión de esta propiedad en el índice.

Cuando comparamos la selección de las 40 mejores familias frente a la selección de los 40 mejores individuos (uno por familia), encontramos que las ganancias genéticas son mayores cuando se seleccionan los mejores individuos dentro de las mejores familias. Esto también ocurre en otros estudios (RIEKSTS-RIEKSTIŅŠ et al. 2019).

En este trabajo se han estudiado cuatro variables clave para el sector forestal gallego. Sin embargo, tan solo representan una parte del conjunto de variables estudiadas dentro del programa de mejora genética gallego para *P. pinaster* (TORRES SÁNCHEZ 2024). En caso de considerarse de interés, también sería posible realizar una selección basada en un único criterio en vez de por varios, por ejemplo, seleccionar solamente por el módulo de elasticidad o el volumen, lo que reportaría mayores ganancias genéticas para dichas variables (TORRES-SÁNCHEZ et al. 2024b). Aun así, seleccionar basándonos en un único criterio no sería eficiente para satisfacer todas las necesidades del sector forestal gallego.

## 6. Conclusiones

Los resultados indican que la selección basada en múltiples variables es viable para la población de mejora genética de *P. pinaster* en Galicia, debido a la falta de correlaciones significativas entre la resistencia al NMP y otras variables (volumen, rectitud y módulo de elasticidad). La selección individual dentro de las mejores familias resulta ser más eficiente que la selección únicamente familiar debido a los altos valores de heredabilidad familiar e intrafamiliar observados. El índice de selección que maximiza las ganancias para las cuatro variables estudiadas y, por lo tanto, se considera el más adecuado para el sector forestal gallego, es el que prioriza la resistencia al nematodo de la madera del pino *B. xylophilus* e incluye el módulo de elasticidad, aunque realmente implique sacrificar un pequeño porcentaje de las ganancias en volumen y rectitud para asegurar una mayor resistencia y supervivencia frente al nematodo, así como un mayor módulo de elasticidad.

## 7. Agradecimientos

Agradecemos a Ricardo Ferradás y Sergio Frade de CIF Lourizán la asistencia técnica durante la ejecución de los experimentos, a Esther Merlo de Madera+ la toma de datos de MOE, y a Juan José Acosta y Gary R. Hodge el apoyo en el análisis de datos durante la estancia de Esteban Torres-Sánchez en CAMCORE (NC State University, USA).

## 8. Bibliografía

ABELLEIRA, A.; PICOAGA, A.; MANSILLA, J.P.; 2013. Ensayo de inoculación de



distintas concentraciones de *Bursaphelenchus xylophilus* aislado en Galicia sobre *Pinus pinaster*. 6º Congreso Forestal Español.

AKPALU, K.J.; DIEZ CASERO, J.J.; DIAZ, R.; 2019. Susceptibility of *Pinus pinaster*'s families to pine pitch canker caused by *Fusarium Circinatum*. Universidad de Valladolid.

ALEXANDRU, A.M.; MIHAI, G.; STOICA, E.; CURTU, A.L.; 2023. Multi-trait selection and stability in Norway spruce (*Picea abies*) provenance trials in romania. Forests 14: <https://doi.org/10.3390/f14030456>.

ALÍA, R.; GARCIA DEL BARRIO, J.M.; IGLESIAS, S.; 2009. Regiones de procedencia de especies forestales de España. OA Parques Nacionales. Madrid.

BACHER, M.; KRZOSEK, S.; 2014. Bending and tension strength classes in European standards. Annals of Warsaw University of Life Sciences - SGGW Forestry and Wood Technology 88:14–22.

BATES, D.; MÄCHLER, M.; BOLKER, B.; WALKER, S.; 2015. Fitting linear mixed-effects models using lme4. J Stat Softw 67:1–48. <https://doi.org/10.18637/jss.v067.i01>.

BELABER, E.C.; GAUCHAT, M.E.; REIS, H.D.; 2018. Genetic parameters for growth, stem straightness, and branch quality for *Pinus elliottii* var. *elliottii* × *Pinus caribaea* var. *hondurensis* F 1 Hybrid in Argentina. For Sci 64:595–608. <https://doi.org/10.1093/forsci/fxy021>.

BOUFFIER, L.; ROZENBERG, P.; RAFFIN, A.; KREMER, A.; 2008. Wood density variability in successive breeding populations of maritime pine. Can J For Res 38:2148–2158. <https://doi.org/10.1139/X08-051>.

BURDON, R.D.; 1977. Genetic correlation as a concept for studying genotype-environment interaction in forest tree breeding. Silvae Genet 26:168–175.

CARRASQUINHO, I.; LISBOA, A.; INÁCIO, M.L.; GONÇALVES, E.; 2018. Genetic variation in susceptibility to pine wilt disease of maritime pine (*Pinus pinaster* Aiton) half-sib families. Ann For Sci 75:75–85. <https://doi.org/10.1007/s13595-018-0759-x>.

COMISIÓN EUROPEA (2012) Decisión de ejecución de la Comisión de 26 de septiembre de 2012 relativa a las medidas de emergencia para evitar la propagación en la Unión de *Bursaphelenchus xylophilus* (Steiner et Buhner) Nickle et al. (el nematodo de la madera del pino). Notificada con el número C (2012) 6543.



DE LA FUENTE, B.; SAURA, S.; 2021. Long-term projections of the natural expansion of the pine wood nematode in the Iberian Peninsula. *Forests* 12: <https://doi.org/10.3390/f12070849>.

DE LA FUENTE, B.; SAURA, S.; BECK, P.S.A.; 2018. Predicting the spread of an invasive tree pest: The pine wood nematode in Southern Europe. *J Appl Ecol* 55:2374–2385. <https://doi.org/10.1111/1365-2664.13177>.

DE LA MATA, R.; 2012. Alternativas de mejora de *Pinus pinaster* Ait. en la zona interior de Galicia. Universidade de Vigo.

DÍAZ R., POVEDA, J., TORRES-SÁNCHEZ, E., SÁNCHEZ-GÓMEZ, T., MARTÍN-GARCÍA, J., DÍEZ, J. J., 2024. Relation between morphology and native climate in the resistance of different *Pinus pinaster* populations to pitch canker disease caused by *Fusarium circinatum*. *Forest Ecology and Management* 561 (2024) 121909. <https://doi.org/10.1016/j.foreco.2024.121909>.

DÍAZ, R.; PRADA, E.; ALONSO SANTOS, M.; 2023. Resistencia al nematodo del pino. La investigación produce conocimiento y ... resultados reales. *Cuad Soc Esp Cienc For* 49:31–52. <https://doi.org/10.31167/csef.v0i49.19942>.

DIÉGUEZ-ARANDA, U.; ROJO ALBORECA, A.; CASTEDO-DORADO, F.; 2009. Herramientas gestión forestal sostenible en Galicia. Lugo.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C.; 1996. Introduction to quantitative genetics, 4th Editio. Harlow.

GALERA, R.M.; MARTÍN, S.; ALÍA, R.; 1997. Manual de selección de masas productoras de semillas. Evaluación de caracteres. Madrid.

HAAPANEN, M.; VELLING, P.; ANNALA, M.L.; 1997. Progeny trial estimates of genetic parameters for growth and quality traits in Scots Pine. *Silva Fennica* 31:3–12.

HARFOUCHE, A.; 2003. Retrospective early test for adult vigor of *Pinus pinaster* families grown under two water regimes. Implications for early selection. *Ann For Sci* 60:539–547. <https://doi.org/10.1051/forest:2003047> 539.

HAYATGHEIBI, H.; FRIES, A.; KROON, J.; WU, H.X.; 2017. Genetic analysis of lodgepole pine (*Pinus contorta*) solid-wood quality traits. *Can J For Res* 47:1303–1313. <https://doi.org/10.1139/cjfr-2017-0152>.

HAYDEN, K.J.; GARBELLOTO, M.; DODD, R.; WRIGHT, J.W.; 2013. Scaling up from



greenhouse resistance to fitness in the field for a host of an emerging forest disease. *Evol Appl* 6:970–982. <https://doi.org/10.1111/eva.12080>.

HODGE, G.R.; DVORAK, W.S.; 2015. Provenance variation and within-provenance genetic parameters in *Eucalyptus urophylla* across 125 test sites in Brazil, Colombia, Mexico, South Africa and Venezuela. *Tree Genet Genomes* 11: <https://doi.org/10.1007/s11295-015-0889-3>.

HONG, Z.; FRIES, A.; WU, H.X.; 2014. High negative genetic correlations between growth traits and wood properties suggest incorporating multiple traits selection including economic weights for the future Scots pine breeding programs. *Ann For Sci* 71:463–472. <https://doi.org/10.1007/s13595-014-0359-3>.

ISHIGURI, F.; NEZU, I.; ENDO, R.; 2021. Inheritance of the wood properties of the Japanese red pine (*Pinus densiflora* Siebold et Zucc.) from the open-pollinated families selected as resistance to the pine wood nematode. *Silvae Genet* 70:186–194. <https://doi.org/10.2478/sg-2021-0016>.

ISIK, F.; AMERSON, H.V.; WHETTEN, R.W.; 2008. Resistance of *Pinus taeda* families under artificial inoculations with diverse fusiform rust pathogen populations and comparison with field trials. *Can J For Res* 38:2687–2696. <https://doi.org/10.1139/X08-111>.

ISIK, F.; HOLLAND, J.; MALTECCA, C.; 2017. *Genetic Data Analysis for Plant and Animal Breeding*, 1st edn. Cham: Springer International Publishing.

KISHI, Y.; 1999. Influence of tree age on wilt and mortality of pines after inoculation with *Bursaphelenchus xylophilus*. *Nihon Ringakkai Shi/Journal of the Japanese Forestry Society* 81:330–333.

KURODA, K.; OHIRA, M.; OKAMURA, M.; FUJISAWA, Y.; 2007. Migration and population growth of the pine wood nematode (*Bursaphelenchus xylophilus*) related to the symptom development in the seedlings of Japanese black pine (*Pinus thunbergii*). *Nihon Ringakkai Shi/Journal of the Japanese Forestry Society* 89:241–248. <https://doi.org/10.4005/jjfs.89.241>.

LENZ, P.R.N.; NADEAU, S.; MOTTET, M.J.; 2020. Multi-trait genomic selection for weevil resistance, growth, and wood quality in Norway spruce. *Evol Appl* 13:76–94. <https://doi.org/10.1111/eva.12823>.

LU, P.; DERBOWKA, D.; 2012. Effects of seedling age on blister rust resistance assessments in eastern white pine and its hybrid backcrosses. *Can J For Res* 42:67–74. <https://doi.org/10.1139/X11-164>.



MENÉNDEZ-GUTIÉRREZ, M.; ALONSO, M.; TOVAL, G.; DÍAZ, R.; 2017. Variation in pinewood nematode susceptibility among *Pinus pinaster* Ait. provenances from the Iberian Peninsula and France. *Ann For Sci* 74: 1-15. <https://doi.org/10.1007/s13595-017-0677-3>.

MENÉNDEZ-GUTIÉRREZ, M.; ALONSO, M.; TOVAL, G.; DÍAZ, R.; 2018. Testing of selected *Pinus pinaster* half-sib families for tolerance to pinewood nematode (*Bursaphelenchus xylophilus*). *Forestry* 91: 38-48. <https://doi.org/10.1093/forestry/cpx030>.

MENÉNDEZ-GUTIÉRREZ, M.; PRADA OJEA, E.; DÍAZ VÁZQUEZ, R.; 2022. Catalogación de progenitores de familia de *Pinus pinaster* tolerantes a la enfermedad del marchitamiento del pino causada por *Bursaphelenchus xylophilus*. 8º Congreso Forestal Español 1-7.

MOTTET, MJ.; DEBLOIS, J; PERRON, M; 2015. High genetic variation and moderate to high values for genetic parameters of *Picea abies* resistance to *Pissodes strobi*. *Tree Genet Genomes* 11, 58. <https://doi.org/10.1007/s11295-015-0878-6>.

MUÑOZ, F.; SANCHEZ, L.; 2023. breedR: Statistical Methods for Forest Genetic Resources Analysts. R package version 0.12-5, pp. 1-36.

PATTON, R.; 1961. The effect of age upon susceptibility of eastern white pine to infection by *Cronartium ribicola*. *Phytopathology* 51: 429-434.

PEREK, M.; HODGE, G.; TAMBARUSSI, E.V.; 2022. Predicted genetic gains for growth traits and wood resistance in *Pinus maximinoi* and *Pinus tecunumanii*. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 22:1-9. <https://doi.org/10.1590/1984-70332022V22N2A23>.

PICOS, J. 2024. A CADEA FÓRESTAL- MADEIRA DE GALICIA 2023-2024\*. Axencia Galega da Industria Forestal. Consellería do Medio Rural. Universidade de Vigo. 70 p.

PICOS, J.; MENÉNDEZ-GUTIÉRREZ, M., DÍAZ, R. 2024. Emerging Threats to Spanish Pine Forests: Exploring the Impact of Pine Wilt Disease on the Forestry Sector in Galicia. XXVI IUFRO World Congress. Stockholm (Sweden), 23-29 June 2025.

R FOUNDATION FOR STATISTICAL COMPUTING; 2020. A language and environment for statistical computing.

RIEKSTS-RIEKSTIŅŠ, R.; ZELTIŅŠ, P.; BALIUCKAS, V.; 2019. *Pinus sylvestris* breeding for resistance against natural infection of the fungus *Heterobasidion annosum*.



Forests 11:1–10. <https://doi.org/10.3390/f11010023>.

TORRES SÁNCHEZ, E.; 2024. Avances en el programa de mejora genética gallego de *Pinus pinaster*: resistencia a *Bursaphelenchus xylophilus* y calidad de madera. Universidad de Vigo.

TORRES-SÁNCHEZ, E.; ACOSTA, J.J.; HODGE, G.R.; 2024a. Volume-based selection in *Pinus pinaster* Aiton breeding: evaluating resistance to *Bursaphelenchus xylophilus* (Steiner & Buhner) Nickle and wood properties. *Ann For Sci* 81: <https://doi.org/10.1186/s13595-024-01266-3>.

TORRES-SÁNCHEZ, E.; MENÉNDEZ-GUTIÉRREZ, M.; VILLAR, L.; DÍAZ, R.; 2023. The effects of provenance, climate, and chemical defense on the resistance of *Pinus pinaster* Aiton to *Bursaphelenchus xylophilus* (Steiner and Buhner). *Ann For Sci* 80: <https://doi.org/10.1186/s13595-023-01202-x>.

TORRES-SÁNCHEZ, E.; PRADA, E.; DÍAZ, R.; 2024b. The feasibility of adding wood quality traits as selection criteria in the Galician *Pinus pinaster* Aiton breeding program: case study. *Eur J For Res*. <https://doi.org/10.1007/s10342-024-01695-9>.

WHITE, T.; ADAMS, W.; NEALE, D.; 2007. *Forest genetics*. Cambridge.

WILLIAMS, C.G.; LAMBETH, C.C.; 1988. Bole straightness measurement for advanced-generation Lobolly pine genetic test. *Silvae Genet* 38:212–217.

WRIGHT, J.W.; 1976. *Introduction to Forest Genetics*. Academic Press.

YASUDA, Y.; IKI, T.; TAKASHIMA, Y.; 2021. Genetic gains in wood property can be achieved by indirect selection and nondestructive measurements in full-sib families of Japanese cedar (*Cryptomeria japonica* D. Don) plus tree clones. *Ann For Sci* 78:50:1–10. <https://doi.org/10.1007/s13595-021-01064-1>.

ZAS, R.; 2006. Iterative kriging for removing spatial autocorrelation in analysis of forest genetic trials. *Tree Genet Genomes* 2:177–185. <https://doi.org/10.1007/s11295-006-0042-4>.

ZAS, R.; MERLO, E.; 2008. El programa de mejora genética de *Pinus pinaster* en Galicia. *Boletín del CIDEU* 5–24.

ZAS, R.; MERLO, E.; FERNÁNDEZ-LÓPEZ, J.; 2004. Juvenile - mature genetic correlations in *Pinus pinaster* Ait. under different nutrient x water regimes. *Silvae Genet* 53:124–129. <https://doi.org/10.1515/sg-2004-0022>.

