

Foto: Demian Gómez

SEMILLA MEJORADA DE PINO ADAPTADA A LAS CONDICIONES DE URUGUAY

Dr. Diego Torres Dini¹, Téc. en Biotec. Ana Vargas²,
Dr. Fernando Resquín¹

¹Sistema Forestal - INIA Tacuarembó
²Polo Tecnológico - UTU Tacuarembó

Este artículo presenta los avances del huerto semillero clonal de *Pinus taeda* en INIA, cuyo objetivo principal es producir semillas mejoradas con alta calidad genética para reforestación y nuevas plantaciones comerciales.

INTRODUCCIÓN

Pinus taeda L., una conífera nativa de América del Norte, ha cobrado relevancia mundial gracias a su rápido crecimiento y adaptabilidad, convirtiéndose en una opción atractiva para producción de madera y captura de CO₂. Las variedades de pino taeda mejoradas genéticamente muestran buen crecimiento y supervivencia en plantaciones comerciales, lo que resulta en madera de calidad para construcción, muebles, embalajes y diversas aplicaciones industriales, aumentando su demanda a nivel global.

En el sureste de Estados Unidos existen 10 millones de hectáreas de bosques naturales de pinos y 14 millones de hectáreas de plantaciones comerciales. En América Latina, el área forestada con *Pinus* y *Eucalyptus* ha crecido por políticas de promoción en Brasil, Chile, Argentina y Uruguay, ocupando colectivamente 4,7 millones de hectáreas. La vasta disponibilidad de tierras en la región, sumada a la adaptabilidad del género *Pinus*, convierte a estas plantaciones en una inversión rentable para producción de madera en gran escala. En Uruguay, el *P. taeda* ocupa un lugar relevante en el sector forestal, especialmente en la región norte,

donde las condiciones climáticas son propicias para su desarrollo. En las últimas décadas, la producción de madera de *P. taeda* ha fortalecido al país como uno de los principales exportadores de productos forestales en América Latina, apoyando la diversificación productiva y creando empleo rural.

Los ejemplares plantados en Uruguay provienen de diversas regiones de Estados Unidos y Sudáfrica, y se establecieron en los años 90 mediante inversión de varias empresas. Para optimizar la producción de pino taeda, se necesitan huertos semilleros de alta calidad genética, logrados mediante la selección de árboles con buen crecimiento, resistencia a plagas, y calidad de madera. Estos huertos aseguran semillas de calidad homogénea y mejorada, lo que garantiza árboles de alta calidad en futuras generaciones.

HUERTO SEMILLERO CLONAL

Un huerto semillero clonal es una plantación que reúne árboles genéticamente seleccionados por sus características superiores, como rápido crecimiento, resistencia a enfermedades y adaptación a condiciones específicas de suelo y clima. A diferencia de los huertos tradicionales, los huertos clonales utilizan material genético homogéneo mediante clonación (injerto o propagación vegetativa), garantizando que todos los árboles compartan las mismas características deseadas.

El objetivo principal es producir semillas mejoradas con alta calidad genética para reforestación y nuevas plantaciones comerciales. Estas semillas transmiten las características superiores de los clones parentales, generando plantaciones productivas y resistentes. Además, al ser una producción uniforme, se facilita la gestión y planificación de las plantaciones en gran escala.

En 2003 se realizó la selección de los árboles plus para el huerto semillero de INIA Tacuarembó, y se evaluaron nueve empresas forestales en un área de 2.068 ha. Los árboles candidatos se seleccionaron en función de crecimiento, rectitud del tronco, diámetro y ángulo de ramas y sanidad general. La sanidad se evaluó subjetivamente, descartando los ejemplares visiblemente afectados por plagas o enfermedades. En una segunda fase, los árboles candidatos se compararon en diámetro a la altura del pecho (DAP) con los 30 árboles cercanos, considerando árboles plus aquellos que superaron el DAP promedio.

Se produjeron 8.600 plántulas a partir de semillas de IFCTA158 e IFCTA197, provenientes de Carolina del Sur y Georgia (EE.UU.) y se injertaron mediante técnica apical. El huerto quedó con 2.220 plantas distribuidas en 124 clones, en un diseño de bloques aleatorizados, con 33 bloques y una planta por parcela.

PRUEBAS DE PROGENIES

Las pruebas de progenies son fundamentales en el mejoramiento genético forestal. Consisten en la evaluación de la descendencia de diversos árboles padres para conocer su calidad genética y el potencial de sus características hereditarias.

Los huertos clonales utilizan material genético propagado en forma vegetativa (injerto en este caso), lo cual permite acortar los ciclos de mejora y reducir el tiempo de obtención de semilla para su comercialización.

Cuadro 1 - Número de clones seleccionados por unidad de área y ubicación.

Nº	Proveedor	Ubicación	Área prospectada (ha)	Cantidad de Clones
1	Caja Bancaria	Paysandú	15	1
2	Caja Notarial	Río Negro	225	21
3	Arazatí	San José	30	4
4	I.M.T	Tacuarembó	11	3
5	I.N.C	Tacuarembó	58	12
6	La Rosada	Tacuarembó	227	21
7	FYMNSA	Rivera	1392	52
8	M. Zinger	Rivera	70	9
9	Consular S.A.	Tacuarembó	40	1
Total		-	2068	124

Para realizar estas pruebas se recolectan semillas de árboles seleccionados y se cultivan en campo. Durante el crecimiento, se evalúan características como altura, diámetro, rectitud del fuste y resistencia a plagas y enfermedades.

La relevancia de estas pruebas estriba en la posibilidad de identificar árboles de alto valor genético que transmiten sus cualidades deseables de manera efectiva a la descendencia. Esto permite a los mejoradores forestales seleccionar los mejores ejemplares para programas de mejora genética, incrementando la calidad y productividad de las futuras plantaciones. A través de la evaluación de descendencia, se identifican los mejores árboles madre y se eliminan los de menor desempeño, favoreciendo la polinización abierta entre individuos destacados.

Para evaluar los 124 clones del huerto semillero clonal de INIA, se establecieron dos pruebas de progenies de polinización abierta en 2004, una en Rivera (FYMNSA) y otra en Paysandú (LUMIN). Se plantaron con un espaciamiento de 4 × 2,5 m, cubriendo 10 m² por planta, en un diseño de bloques completos al azar con 124 progenies, una planta por parcela y 20 y 25 bloques en Rivera y Paysandú, respectivamente. Cada prueba incluyó 124 familias cosechadas de los árboles plus

originales. En ambas ubicaciones, se midieron DAP, altura y volumen a los nueve años.

DIVERSIDAD GENÉTICA

Las estimaciones de diversidad genética mediante marcadores moleculares son cruciales en la investigación y mejoramiento de especies forestales. Estos marcadores genéticos, que incluyen microsatélites y polimorfismos de nucleótido único (SNP), permiten identificar diferencias genéticas en la población y analizar su variabilidad.

El análisis de diversidad genética comienza con la recolección de muestras de tejido vegetal, de las cuales se extrae ADN. A través de técnicas como la PCR (reacción en cadena de la polimerasa) y la secuenciación, se identifican variaciones en los marcadores y se calculan índices de diversidad genética, como la heterocigosidad y número de alelos por locus. Esto ofrece una visión detallada de la variabilidad genética, clave en programas de conservación y mejora, ya que una alta diversidad genética es esencial para la adaptabilidad a cambios ambientales y resistencia a plagas. Las poblaciones con baja diversidad son más vulnerables y tienen un mayor riesgo de declive o extinción.



Figura 1 - A) Cosecha de semilla de árboles plus, **B)** Púa doble bisel para realizar un injerto, **C)** Púa injertada en el pie.

Cuadro 2 - Intensidad de selección y ganancia genética esperada.

Escenario	Intensidad de selección (%)	Ganancia genética esperada (%)
1	12	17
2	25	13
3	50	8

Para analizar la diversidad genética del huerto de INIA, se purificó el ADN de los 124 clones y se genotiparon usando 10 marcadores de microsatélites. Se estimaron parámetros como número de alelos por locus y heterocigosidad, obteniendo alta diversidad genética. Esto reduce el riesgo de endogamia y permite una selección más efectiva en futuros raleos. La distancia genética entre clones se ilustra en un dendograma, que muestra una variabilidad amplia, sin agruparse según su proveedor (Figura 2).

GANANCIA GENÉTICA DE LA SEMILLA MEJORADA

La ganancia genética es el aumento en características deseables en una población mediante la selección y reproducción de individuos superiores, optimizando la productividad de plantaciones y generando mayores rendimientos. Los datos de las pruebas de progenies en este estudio permitieron identificar las madres de mejor desempeño en crecimiento.

Esta identificación posibilitó definir la intensidad de selección para raleos futuros. En el raleo inicial, la selección aplicó una intensidad del 50 %, que se estima generará una ganancia del 8 % en volumen. La incorporación de mayores intensidades de selección permitirá mejorar características como el módulo de elasticidad, alcanzando hasta un 17 % de ganancia genética en volumen en el huerto semillero.

CONCLUSIONES FINALES

Este estudio buscó establecer un huerto semillero clonal con individuos seleccionados de *Pinus taeda*, adaptados a las condiciones de Uruguay, para producir semillas con alta calidad genética. Las pruebas de progenies muestran una ganancia genética significativa en futuras generaciones, y la diversidad genética del huerto permite asegurar la adaptabilidad de esta especie a diversas condiciones. La semilla mejorada de *Pinus taeda* adaptada a Uruguay estará disponible para su comercialización en 2025.

A partir del próximo año se comenzará con la evaluación a campo de este genotipo comparándolo con semilla comercial utilizada en las plantaciones de las empresas del sector. En simultáneo, se instalarán nuevos test de progenies para continuar con el proceso de selección en el huerto semillero identificando en los próximos años los materiales de mayor valor productivo.

REFERENCIAS

Torres-Dini, D.; Sebbenn, A.M.; de Aguiar, A.V.; Vargas, A.; Rachid-Casnati, C.; Resquín, F. Progeny Selection and Genetic Diversity in a *Pinus taeda* Clonal Seed Orchard. *Forests* 2024, 15, 1682. <https://doi.org/10.3390/f15101682>

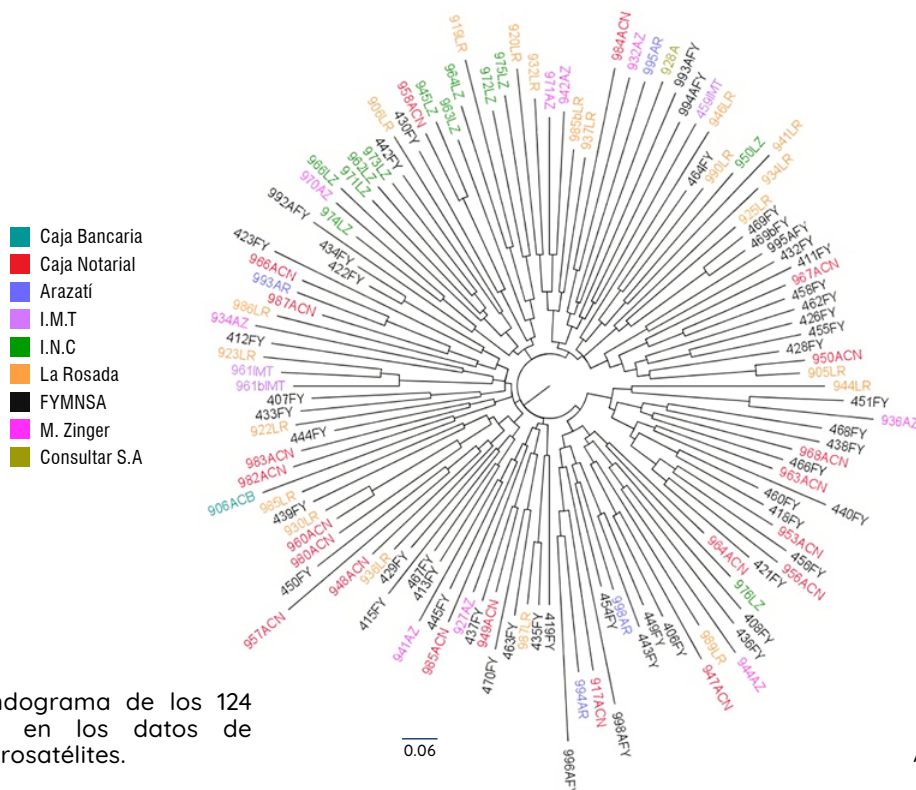


Figura 2 - Dendograma de los 124 clones basado en los datos de marcadores microsatélites.

Autor: Diego Torres Dini