UNIVERSIDAD NACIONAL DE LOJA

Facultad Agropecuaria y de Recursos Naturales Renovables

Carrera de Ingeniería Forestal

"VARIABILIDAD GENÉTICA DE PROGENIES DE *Handroanthus chrysanthus* (Jacq.) S.O. Grose PARA FINES DE CONSERVACIÓN"

Tesis de Grado Previa a la Obtención del Título de Ingeniero Forestal

AUTOR: Jordy Andres Alvarado Chamba

DIRECTORA: Ing. Johana Cristina Muñoz Chamba. Mg. Sc.

Loja – Ecuador

2018

UNIVERSIDAD NACIONAL DE LOJA
FACULTAD AGROPECUARIA Y DE RECURSOS NATURALES RENOVABLES
CARRERA DE INGENIERÍA FORESTAL

Ing. Johana Muñoz Chamba. Mg. Sc

CERTIFICA:

En calidad de directora de las tesis titulada **"VARIABILIDAD GENÉTICA DE PROGENIES DE *Handroanthus chrysanthus* (Jacq.) S.O. Grose PARA FINES DE CONSERVACIÓN"**, de autoría del señor egresado de la Carrera de Ingeniería Forestal Jordy Andres Alvarado Chamba, ha sido dirigida, revisada y aprobada en su integridad; por lo que autorizo su presentación y publicación.

Loja, 11 de septiembre del 2018.

Atentamente,

Ing. Johana Muñoz Chamba. Mg. Sc.
DIRECTORA DE TESIS

UNIVERSIDAD NACIONAL DE LOJA

FACULTAD AGROPECUARIA Y DE RECURSOS NATURALES RENOVABLES

CARRERA DE INGENIERÍA FORESTAL

CERTIFICACIÓN:

En calidad de presidenta del Tribunal de Calificación de la Tesis titulada **"VARIABILIDAD GENÉTICA DE PROGENIES DE *Handroanthus chrysanthus* (Jacq.) S.O. Grose PARA FINES DE CONSERVACIÓN"** de autoría del señor egresado de la Carrera de Ingeniería Forestal **Jordy Andres Alvarado Chamba**, portador de la cédula N° 1104124423, se informa que la misma ha sido revisada e incorporadas todas las observaciones realizadas por el Tribunal Calificador, y luego de su revisión se ha procedido a la respectiva calificación. Por lo tanto, autorizo la versión final de la tesis y la entrega oficial para la sustentación pública.

Loja, 08 de noviembre de 2018

Atentamente,

Ing. Paulina Vanesa Fernández Guarnizo, Mg. Sc.

PRESIDENTA

Ing. Nohemí del Carmen Jumbo Benítez, Mg. Sc.

VOCAL

Ph. D. Narcisa de Jesús Urgiles Gómez

VOCAL

AUTORÍA

Yo, Jordy Andres Alvarado Chamba declaro se autor del presente trabajo de tesis y eximo expresamente a la Universidad Nacional de Loja y a sus representantes jurídicos, de posibles reclamos a acciones legales, por el contenido de la misma.

Adicionalmente acepto y autorizo a la Universidad Nacional de Loja, la publicación de mi tesis en el Repositorio Institucional-Biblioteca Vitual.

Autor: Jordy Andres Alvarado Chamba

Firma: .....

Cedula: 1104124423

Fecha: Loja, 12 de Noviembre de 2018

CARTA DE AUTORIZACIÓN DE TESIS POR PARTE DEL AUTOR PARA LA CONSULTA, REPRODUCCIÓN PARCIAL O TOTAL Y PUBLICACIÓN ELECTRÓNICA DEL TEXTO COMPLETO

Yo, Jordy Andres Alvarado Chamba, declaro se autor, de la tesis titulada "**VARIABILIDAD GENÉTICA DE PROGENIES DE *Handroanthus chrysanthus* (Jacq.) S.O. Grose PARA FINES DE CONSERVACIÓN**", como requisito para optar al grado de: Ingeniero Forestal, autorizo al Sistema Bibliotecario de la Universidad Nacional de Loja, para que con fines académicos, muestre al mundo producción intelectual de la Universidad, a través de la visibilidad de su contenido de la siguiente manera en el Repositorio Digital Institucional:

Los usuarios pueden consultar el contenido de este trabajo en el RDI, en las redes de información del país y del exterior, con las cuales tenga convenio la Universidad.

La Universidad Nacional de Loja, no se responsabiliza por el plagio o copia de la tesis que realice un tercero.

Para constancia de esta autorización, en la cuidad de Loja a los doce dias del mes de noviembre del dos mil dieciocho, firma autor.

Firma: .....

Autor: Jordy Andres Alvarado Chamba

Número de cédula: 1104124423

Dirección: Vilcabamba (Via al Chaupi). Correo electrónico: yory.andres1993@gmail.com

Teléfono: 23040281 Celular: +593983262365

DATOS COMPLEMENTARIOS

Director de Tesis: Ing.Johana Cristina Muñoz Chamba, Mg. Sc.

Tribunal de Grado: Ing. Paulina Vanesa Fernández Guarnizo, Mg. Sc. PRESIDENTA

Ing. Nohemi del Carmen Jumbo Benítez, Mg. Sc. VOCAL

Ph.D. Narciza de Jesús Urgiles Gómez VOCAL

AGRADECIMIENTO

Expreso de manera cordial y sincero, mi agradecimiento a quienes hicieron posible y contribuyeron para que este trabajo investigativo sea posible.

Primeramente expreso mi infinito agradecimiento a Dios por la salud y la vida que aún me sigue dando, y a mi familia, principalmente a mis padres y hermanos por haber sido fuente constante de soporte y cariño a lo largo de toda mi vida.

A mi directora de Tesis Ing. Johana Muñoz Chamba por proporcionarme todo el apoyo, técnico y humanístico para que desarrolle con todas las facilidades posibles mí proyecto de tesis.

Al guía de campo y amigos, por la ayuda incondicional que me prestaron a lo largo de la fase de campo y en lo posterior.

A los docentes de la carrera de Ingeniería Forestal de la Universidad Nacional de Loja, por impartirme tan valiosos conocimientos teóricos, técnicos y prácticos que han contribuido en mi formación Profesional.

A los miembros del Tribunal Calificador por proponer sugerencias y consejos oportunos luego de la revisión del proyecto de tesis.

Finalmente, expreso mis más sinceros agradecimientos al Ing. Darlin Gonalez, por el apoyo incondicional que me ha dado en esta etapa de mi vida.

DEDICATORIA

A mi padre Víctor Andrés Alvarado León y a mi madre María Yolanda Chamba, ejemplo de vida, trabajo, sacrificio, lealtad; pilar fundamental de mi formación como persona. Pero además de eso, han sido quienes han sabido encaminarme por el camino correcto, y quien me ha ofrecido sabios conocimientos para lograr mis metas y lo que me proponga.

A mi hermana, Jazlyn Josabeth Alvarado Chamba que llego a mi vida para convertirse en la inspiración de mi familia.

A mi hermano, Jean Pierre Alvarado Chamba y a mi novia, Juliana Gabriela Arciniega Cuenca por brindarme su apoyo incondicional en cada momento de desaliento en esta tan anhelada meta, mi tesis.

A mis docentes, Ing. Darlin González e Ing. Johana Muñoz, quienes se han tomado el arduo trabajo de trasmitirme sus diversos conocimientos, especialmente del campo y de los temas que corresponden a mi profesión.

A mis mejores amigos y profesores de la Carrera de Ingeniería Forestal por su amistad irreprochable y apoyo incondicional.

Gracias a todos….

ÍNDICE GENERAL

PORTADA……i

CERTIFICACIÓN……ii

APROBACIÓN……....iii

AUTORIA……iv

CARTA DE AUTORIZACIÓN……v

AGRADECIMIENTO……..vi

DEDICATORIA……..vii

ÍNDICE GENERAL……...viii

ÍNDICE DE CUADROS……..xii

ÍNDICE DE FIGURAS……...xiv

ÍNDICE DE ANEXOS…..……...xv

TITULO……...xvi

RESUMEN…….xvii

SUMMARY……...xviii

1. INTRODUCCIÓN 1

2. REVISION DE LITERATURA 5

2.1. Descripción e importancia de la especie *Handroanthus chrysanthus* 5

2.1.1. Clasificación botánica 5

2.1.2. Descripción botánica 5

2.1.3. Distribución geográfica 6

2.1.4. Importancia de la especie 6

2.2. Métodos de selección y mejora de árboles 7

2.2.1. Selección de árboles plus 7

2.2.2. Prueba de progenie 9

2.2.3. Establecimiento de huertos semilleros 9

a) Huerto semillero de plántulas o semilla (HSS) 9

b) Huerto semillero genéticamente comprobado (HSC).....10

c) Huerto semillero no comprobado (HSNC).....10

d) Huertos semilleros clónales (HSC).....10

2.3. Variación natural como base del mejoramiento genético.....10

2.3.1. Modelo genético para caracteres cuantitativos.....11

2.3.2. Genotipo 12

2.3.3. Ambiente 13

2.3.4. Fenotipo.....13

2.4. Variabilidad genética.....13

2.4.1. Tipo de caracteres.....14

a) Cualitativos.....14

b) Cuantitativos.....14

2.4.2. Importancia.....15

2.5. Parámetros genéticos de una población.....15

2.5.1. Heredabilidad.....16

2.5.2. Componentes de varianza fenotípica y genotípica 16

2.6. Distribución de la variación entre y dentro de poblaciones 18

2.7. Diseño sistémico Nelder en el ámbito forestal 19

2.8. Manejo y conservación forestal de especies nativas 21

2.8.1. Conservación in situ 22

2.8.2. Conservación ex situ.....22

2.9. Estudios similares 23

3. MATERIALES Y MÉTODOS 26

3.1 Área de estudio 26

3.1.1 Ubicación geográfica y política 26

3.1.2 Características ambientales 26

3.2 Metodología para Identificar y Seleccionar Árboles Semilleros de *Handroanthus chrysanthus* provenientes de dos poblaciones naturales 27

3.2.1. Identificación de los árboles semilleros 27

3.2.2. Evaluación fenotípica de los árboles semilleros 28

3.2.3. Selección de los árboles semilleros 29

3.3 Metodología para Estimar la Variabilidad Genética de Progenies de *Handroanthus chrysanthus* provenientes de dos poblaciones naturales para fines de conservación 30

3.3.1 Instalación del ensayo de progenies 30

3.3.2 Estimación de los componentes de variancia y parámetros genéticos 32

3.3.3 Variables silviculturales por espaciamiento 34

4. RESULTADOS 36

4.1. Identificación y selección de árboles semilleros de *Handroanthus chrysanthus* provenientes de dos poblaciones naturales 36

4.1.1. Características dasometricas y morfológicas para la selección de árboles semilleros 36

4.1.2. Distanciamiento de los árboles semilleros de *Handroanthus chrysanthus* provenientes de Jipiro Alto 39

4.1.3. Distanciamiento de los árboles semilleros de *Handroanthus chrysanthus* provenientes de Virgepamba 40

4.2. Estimación de la variabilidad genética de progenies de *Handroanthus chrysanthus* provenientes de dos poblaciones naturales para fines de conservación. 41

4.2.1. Crecimiento 41

4.2.2. Estimativa Individual de los parámetros genéticos 42

a) Diámetro a la base (DB) 42

b) Altura 43

c) Estimativa Conjunta de los parámetros genéticos 45

5. DISCUSION 47

5.1. Identificación y selección de árboles semilleros 47

5.2. Estimación de la variabilidad genética de progenies de *Handroanthus chrysanthus* provenientes de dos poblaciones naturales para fines de conservación. 49

5.2.1. Crecimiento 49

5.2.2. Estimativa Individual de los parámetros genéticos 50

5.2.3. Estimativa Conjunta de los parámetros genéticos 52

6. CONCLUSIONES 53

7. RECOMENDACIONES 54

8. BIBLIOGRAFIA 55

9. ANEXOS 69

ÍNDICE DE CUADROS

Cuadro 1. Formulario de campo para la identificación de los árboles semilleros 28

Cuadro 2. Matriz para la evaluación de los parámetros fenotípicos de los árboles semilleros 28

Cuadro 3. Agrupación de los árboles por clase..... 29

Cuadro 4. Valores de distancia radial, área por planta y densidad de plantas para 8 tratamientos (espaciamientos) en el delineamiento sistemático Nelder tipo "leque"..... 31

Cuadro 5. Clasificación de árboles de *Handroanthus chrysanthus* de las poblaciones de Jipiro Alto (JA) y Virgepamba (VP), con base en la valoración fenotípica, altura y diámetro..... 36

Cuadro 6. Características dasometría y morfológicas de los árboles seleccionados de *Handroanthus chrysanthus* de las poblaciones de Jipiro Alto (JA) y Virgepamba (VP), con base en la valoración fenotípica, altura y diámetro 38

Cuadro 7. Valores medios de las variables silviculturales por tratamiento (espaciamiento) en un test de progenies de *Handroanthus chrysanthus*, en delineamiento sistemático nelder tipo "leque" 41

Cuadro 8. Estimativas de parámetros estadísticos y genéticos para diámetro a la base (DB) en un test de progenies/procedencia de *Handroanthus chrysanthus*, a los nueve meses de edad 43

Cuadro 9. Estimativas de parámetros estadísticos y genéticos para Altura (ALT) en un test de progenies/procedencias de *Handroanthus chrysanthus*, a los nueve meses de edad 44

Cuadro 10. Análisis del cociente de verosimilitud (LRT) para caracteres de crecimiento en un test de progenies/procedencias de *Handroanthus chrysanthus* a los 6 meses 45

Cuadro 11. Estimativa conjunta de parámetros genéticos y componentes de variancia en un test de progenies/procedencia de *Handroanthus chrysanthus*, a los nueve meses de edad 46

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1. *Handroanthus chrysanthus* (Jacq.) S. O. Grose. A. Vista frontal del Fuste de la especie; B. Hojas palmadas compuestas; C. Fruto capsula cilíndrica 5

Figura 2. Tipos de diseños (I): a) Diseño Ia; b) Diseño Ib; c) Diseño Ic; d) Diseño Id 20

Figura 3. Tipos de diseños (II): a) Diseño II; b) Diseño Ia (adecuado en una parcela rectangular)..... 20

Figura 4. Ubicación de las áreas de estudio 26

Figura 5. Recorrido en bosques nativos *Handroanthus chrysanthus* (Censo Forestal)..... 27

Figura 6. Ubicación de la Estación Experimental “La Argelia” 30

Figura 7. Mapa de instalación del test de progenies de *Handroanthus chrysanthus*, en delineamiento sistematico “leque”..... 32

Figura 8. Árboles seleccionados y distancias entre individuos de *Handroanthus chrysanthus* "Guayacán", provenientes de Jipiro Alto. 39

Figura 9. Árboles seleccionados y distancias entre individuos de *Handroanthus chrysanthus* "Guayacán", provenientes de Virgenpamba..... 40

ÍNDICE DE ANEXOS

Anexo 1. Lista de acrónimos y siglas 69

Anexo 2. Recomendaciones para la medición del Diámetro a la Altura del Pecho (DAP) 70

Anexo 3. Casos que se pueden presentar en la medición de la altura de un árbol 71

Anexo 4. Evaluación fenotipica Handroanthus chrysanthus "Guayacan" de Jipiro Alto 72

Anexo 5. Evaluación fenotípica Handroanthus chrysanthus "Guayacan" de Virgepamba..... 74

Anexo 6. Evaluación fenotípica y dasometrica de los árboles seleccionados de Handroanthus chrysanthus "Guayacan" de los sectos de Jipiro Alto (JA) y Virgepamba (VP) 76

Anexo 7. Clasificación de árboles de Handroanthus chrysanthus de las población de Jipiro Alto (JA), con base en la valoración fenotípica, altura y diámetro..... 77

Anexo 8. Clasificación de árboles de Handroanthus chrysanthus de la población de Virgepamba (VP), con base en la valoración fenotípica, altura y diámetro..... 78

“VARIABILIDAD GENÉTICA DE PROGENIES DE *Handroanthus chrysanthus* (Jacq.) S.O. Grose PARA FINES DE CONSERVACIÓN”

RESUMEN

Handroanthus chrysanthus es una especie arbórea de amplia distribución en la Región Sur del Ecuador y se encuentra amenazada debido a la durabilidad y resistencia mecánica de su madera, es por ello que su población esta reducida a fragmentos forestales y arboles aisladas en potreros. En este contexto es importante generar información sobre las poblaciones naturales de la especie localizados en la Cuenca Superior del Río Zamora "Hoya de Loja", con la finalidad de apoyar estrategias de conservación *ex situ* e *in situ*. Los objetivos del presente estudio fueron identificar y seleccionar arboles semilleros y, estimar la variabilidad genética en progenies. Para la identificación de los árboles semilleros se utilizó la metodología del censo forestal del Ministerio de Agricultura, Ganadería, Acuacultura y Pesca (MAGAP). Una vez identificados los individuos, se registró datos cuantitativos como diámetro a la altura del pecho (DAP), altura comercial (HC) y altura total (HT), además, se procedió a realizar la evaluación fenotípica considerando la forma del fuste, altura de bifurcación, diámetro de copa, ángulo de inserción de las ramas y estado fitosanitario. Se identificó y evaluó un total de 45 individuos que representa el 100% del cual el 40% (18 árboles) en ambas poblaciones presentan características fenotípicas excelentes y de estos el 38% (7 individuos) pueden considerarse como fuentes semilleras.

En el caso de la estimación de variabilidad genética se instaló el ensayo de progenies/procedencias tipo Nelder, en la Estación Experimental "La Argelia" donde se utilizaron 27 progenies dispuestos en radios concéntricos con una progenie por radio, distribuido de forma aleatoria. Esa disposición permite el estudio de ocho espaciamientos por planta. Las variables silviculturales: diámetro a la base (DB, mm), altura total (ALT, m) y sobrevivencia (SOB, %) fueron evaluados a los 9 meses de plantación. Las progenies registran buena adaptación a las condiciones locales del experimento, es así que todos los 10 tratamientos (espaciamiento) tienen sobrevivencia del 100 %. El tratamiento 2 (densidad de 2,16 m^2/planta, equivalente al espaciamiento de 2x1) para las dos variables evaluadas registra los mayores valores. Además las diferencias significativas dentro de progenies, sugieren que la población presenta variabilidad genética, por lo que el muestreo en las poblaciones naturales retuvo variación natural en el test de progenies/procedencias, y que puede ser aprovechado a largo plazo para fines de conservación y mejoramiento forestal.

Palabras clave: conservación genética, especies nativas, variación genética, diseño Nelder

SUMMARY

Handroanthus chrysanthus is a tree species widely distributed in the South Region of Ecuador and is threatened due to the durability and mechanical strength of its wood, that's why its population is reduced to forest fragments and isolated trees in paddocks. In this context it is important to generate information about the natural populations of the species located in the Upper Zamora River Watershed "Hoya de Loja", with the purpose of supporting conservation strategies ex situ and in situ. The objectives of the present study were to identify and select seed trees and, to estimate the genetic variability in progenies. The forest census methodology of the Ministry of Agriculture, Livestock, Aquaculture and Fisheries (MAGAP) was used to identify seed trees. Once the individuals were identified, quantitative data such as diameter at chest height (DAP), commercial height (HC) and total height (HT) were recorded, and in addition, the phenotypic evaluation was carried out taking into account the shape of the shaft, height of bifurcation, cup diameter, angle of insertion of branches and phytosanitary status. A total of 45 individuals was identified and evaluated, representing 100% of which 40% (18 trees) in both populations have excellent phenotypic characteristics and from these 38% (7 individuals) can be considered as seed sources.

In the case of the estimation of genetic variability, the Nelder type progenies / provenance test was installed in the "La Argelia" Experimental Station where 27 progenies arranged in concentric radio were used with a progeny by radio, distributed randomly. This arrangement allows the study of eight spacings per plant. The silvicultural variables: diameter at the base (DB, mm), total height (ALT, m) and survival (SOB, %) were evaluated at 9 months of planting. The progenies register good adaptation to the local conditions of the experiment, so that all treatments (spacing) have 100% survival. Treatment 2 (density of 2,16 m^2 / plant, equivalent to the spacing of 2x1) for the two variables evaluated recorded the highest values. In addition, significant differences within progenies suggest that the population has genetic variability, so that sampling in natural populations retained natural variation in the progenies / provenances test, and that it can be exploited in the long term for conservation and forestal improvement purposes.

Key words: genetic conservation, native species, genetic variation, Nelder design.

1. INTRODUCCIÓN

De los 17 países megadiversos del mundo, donde se concentra el 75 % de la diversidad de animales y plantas, cuatro se ubican en la Región Andina (Ecuador, Colombia, Perú y Bolivia). Estos países representan aproximadamente el 25 % de la biodiversidad del mundo (diversidad de ecosistemas, especies y genes), abarcando un territorio de 4,7 millones de km^2 (Maldonado, 1999; Estrella *et al.*, 2005; Zurita, 2017).

En el Ecuador se ha catalogado 18 198 especies vegetales (Jørgensen y León-Yánez, 1999; Neill y Ulloa, 2011), de las cuales, 7 048 especies se distribuyen en la Región Sur del Ecuador (RSE), 1 294 especies en la provincia de El Oro, 3 039 para Loja y 2 175 para Zamora Chinchipe (Lozano, 2002; Aguirre *et al.*, 2015). Parte de esta riqueza constituyen sus bosques, que son ecosistemas formados predominantemente por árboles que se extienden por más de 0,5 ha y que presentan una altura superior a 5 m con una cubierta de dosel superior al 10 %, o capaces de alcanzar esta altura *in situ* (Food and Agriculture Organization of the United Nations [FAO], 2011), en los cuales crecen alrededor de 5 000 especies arbóreas (Palacios, 2016a, 2016b); dichos ecosistemas cumplen múltiples funciones: productivas, sociales, ecológicas y recreativas (Martín-López y Montes, 2010; FAO, 2016), y adquieren valor económico según sus usos maderables y no maderables.

Además, los bosques tiene gran importancia por la oferta de los Recursos Genéticos Forestales (RGF) que brindan (FAO, 2011; Latin American Forestry Genetic Resources [LAFORGEN], 2008; Tapia *et al.*, 2008), que son el material hereditario que se encuentra dentro de y entre las especies de plantas leñosas y árboles, con un valor social, científico, ambiental y económico real o potencial (Vargas *et. al*, 2004; Mallén, 2014). Asimismo, los RGF son esenciales para los procesos de adaptación y evolución de los bosques y los árboles, así como para mejorar su productividad y rendimiento (FAO, Forest & Landscape Denmark [FLD], Bioversity International [BI], 2007a; FAO, 2014).

Sin embargo, las grandes amenazas para la conservación de la diversidad de los RGF provienen de la deforestación, la escasa atención que recibe el tema, el cambio climático y los sistemas inadecuados de cosecha (Pinedo *et al*., 2001), generando la pérdida de genotipos elites y reduciéndolos a fragmentos forestales; lo cual contribuye con el deterioro de las poblaciones naturales y de la variabilidad genética entre y dentro de estas poblaciones, ocasionando perjuicios incalculables (Vargas *et. al*, 2004; Mallén, 2014), debido a que la variabilidad genética es el factor que garantiza la sobrevivencia de las poblaciones en situaciones adversas del ambiente (resistencia a plagas, enfermedades, predadores, déficit hídrico, intensidad luminosa, viento) (Delgadillo, 2000; Nei y Kumar, 2000) y su potencial económico (madera, forraje, fijación de nitrógeno) (Botero y Russo, 1998; Ferrari y Wall, 2004).

Para preservar y garantizar la diversidad y variabilidad de los RGF amenazados se han intensificado estudios, y una de las herramientas más utilizadas es la conservación *ex situ*, que mantiene el material genético en lugares que no estén amenazados por el desarrollo de actividades humanas (Vargas *et al.*, 2004). Según Ettori *et al*., (1999) y Flores *et. al*, (2017), la conservación *ex situ* de especies nativas, por medio de la instalación de ensayos de progenies, permite evaluar el continuo potencial evolutivo de las especies y el rescate de material genético para el uso en programas de mejoramiento genético forestal.

El ensayo de progenies, además de ser una forma de conservación de especies, demuestra la capacidad de adaptación de las especies a un nuevo ambiente, que depende de: la variabilidad genética existente entre y dentro de las poblaciones, de las características edafoclimáticas, referencias geográficas del sitio de plantación y del origen de las semillas, para asegurar el éxito de las futuras plantaciones (Food and Agriculture Organization of the United Nations [FAO], Forest & Landscape Denmark [FLD] y Bioversity International [BI], 2007b). Según Kemp (1976), Sampaio *et al*. (2000) y Flores *et al.* (2017) una estrategia eficiente para la selección y conservación de los genotipos es la combinación de pruebas de procedencias y progenies, las cuales permiten la determinación de parámetros y estructura genética, valor reproductivo de los individuos y selección de individuos promisorios con potencial silvicultural, con la finalidad de orientar las prácticas productivas en plantaciones forestales con material mejorado genéticamente.

Las plantaciones forestales puras o en sistemas agroforestales provenientes de ensayos de mejoramiento genético**,** desempeñan un papel socioeconómico importante, pues generan una gama de productos forestales (Food and Agriculture Organization of the United Nations [FAO], Danida Forest tree Seed Centre [DFSC] e Intertanational Plant Genetic Resources Institute [IPGRI], 2002; Flores *et al.*, 2017). El éxito de estos emprendimientos forestales requiere una adecuada planificación y organización para su implementación (selección de la especie, procedencia de la semilla, preparación del suelo, manejo silvicultural). Para Aguiar (2004), Diéguez *et al.*, (2009) y Ammour (2012), uno de los principales aspectos a considerar en las plantaciones forestales es la densidad de los arboles por unidad de área que tiene relación directa con la sobrevivencia, crecimiento y desarrollo de los individuos que permita garantizar la calidad de las plantaciones.

Así, en dichas plantaciones forestales, la densidad determinada por los espaciamientos entre árboles, o por el área asociada a cada planta, es por tanto, un dato de alto interés, siendo continuamente estudiada a nivel experimental en función de la constante introducción de nuevas especies a la plantación (Jobet, 1999; Ammour, 2012). Además, la obtención de poblaciones mejoradas que satisfagan las exigencias de la productividad forestal, dependerá de la capacidad de identificar fenotipos deseados en la población de selección (Camarena, Chura y Blas, 2014; Flores *et al.*, 2017).

Las plantaciones forestales con especies nativas de *Handroanthus chrysanthus* (Guayacan) en la RSE, para efecto de la implementación de un programa de conservación y mejoramiento genético son inexistentes. No obstante, aún restan relictos boscosos en la cuenca superior del Río Zamora en la Hoya de Loja, y al igual que otras especies nativas confronta diversos problemas que comprometen su supervivencia y diversidad genética, debido a que son objeto del aprovechamiento indiscriminado por parte de los pobladores rurales que utilizan su madera, frutos y follaje con la finalidad de satisfacer sus necesidades (Vargas *et al.*, 2004; FAO *et al*., 2007a; Grijalva *et al.*, 2012).

Bajo esto contexto, la ejecución del presente proyecto de investigación se orienta a incrementar el número de individuos de la especie de *Handroanthus chrysanthus* a través del establecimiento de ensayos de progenies con el fin multiplicar y conservar los árboles de mayor valor genético, y a la generación de conocimientos sobre diversidad genética de la especie con la finalidad de contribuir al desarrollo de estrategias de conservación en programas de mejoramiento genético forestal, para lo cual se han planteado los siguientes objetivos:

Objetivo general:

- Generar información sobre las poblaciones naturales de *Handroanthus chrysanthus* en la cuenca superior del Río Zamora "Hoya de Loja", con la finalidad de apoyar a las estrategias de conservación *ex situ* y mejoramiento genético de la especie.

Objetivos específicos:

- Identificar y seleccionar árboles semilleros de *Handroanthus chrysanthus* provenientes de dos poblaciones naturales.
- Estimar la variabilidad genética de progenies de *Handroanthus chrysanthus* provenientes de dos poblaciones naturales para fines de conservación.

2. REVISION DE LITERATURA

2.1. Descripción e importancia de la especie *Handroanthus chrysanthus*

A continuación se presenta la descripción taxonómica de la especie *Handroanthus chrysanthus* (Jacq.), según Roskov *et al.* (2018).

2.1.1. Clasificación botánica

ORDEN: Lamiales Bromhead

FAMILIA: Bignoniaceae Juss.

GENERO: *Handroanthus* Mattos

ESPECIE: *Handroanthus chrysanthus* (Jacq.) S. O. Grose

NOMBRE COMUN: Guayacán (Loja), guayacán de montaña, guayacán de la costa, oreja de león (El Oro, Esmeraldas, Manabí y Guayas)

SINÓNIMO: *Tabebuia chrysanthus* (Jacq.) G. Nicholso, *Bignonia chrysantha* Jacq**.**

2.1.2. Descripción botánica

De acuerdo a la descripción de Aguirre (2012), es un árbol caducifolio, entre 12-20 m de altura y 20-40 cm de DAP.

a) El fuste es recto, escasamente ramificado, copa amplia, extendida e irregular. Corteza fisurada pardo-oscura. Fuste cilíndrico, copa amplia extendida e irregular.
b) Sus hojas son palmadas compuestas, opuestas, ápice agudo y bordes aserrados, de 5 foliolos, de 6-12 cm de longitud, envés áspero y ligeramente pubescente por el envés.

Figura 1.- *Handroanthus chrysanthus* (Jacq.) S. O. Grose. A. Vista frontal del Fuste de la especie; B. Hojas palmadas compuestas; C. Fruto capsula cilíndrica

c) Flor tubular, 5 cm de longitud, con pedúnculo, cáliz de 5 sépalos cafés; corola de 5 pétalos amarillos, en inflorescencia racimosa.
d) Fruto una capsula cilíndrica pubescente (parecida a una vaina) de 15-30 cm de longitud, verde (tierna) y café (madura), contiene abundantes semillas aladas. Florece dos veces en un año en junio-julio y noviembre-diciembre. Se propaga por semilla y es de lento crecimiento (González *et al.*, 2005; Moto, 2005; Pérez, 2007).

2.1.3. Distribución geográfica

Esta especie habita en laderas, planicies, hondonadas del bosque seco. Crece entre 0-2000 msnm, en las provincias de Bolívar, Chimborazo, El Oro, Esmeraldas, Guayas, Loja, Los Ríos, Manabí, Morona Santiago, Napo, Pastaza, Pichincha y Sucumbíos (Jorgensen y León-Yanez, 1999). El tipo de bosque en que se encuentra es: bosque seco pluvioestacional, bosque seco andino y bosque siempre verde de tierras bajas de la Amazonía (Mogrovejo, 2017).

2.1.4. Importancia de la especie

Durante décadas las especies nativas han sido taladas sin considerar criterios de edad y calidad (SOCIOBOSQUE, 2013), entre estas se encuentra *Handroanthus chrysanthus* (Guayacán) (MAE, 2013), la cual es asociada en los planes de aprovechamiento aprobados por el Ministerio del Ambiente del Ecuador (MAE) dentro de las 138 especies forestales que se utilizan en la RSE, la cual presenta un volumen de aprovechamiento de 7 775 m3 cuyos individuos se han empleado para la elaboración de muebles y en la construcción civil, así como también en la fabricación de polleras y cajonería (Aguirre *et al.*, 2015). Además a este árbol se le atribuyen otras funciones como la utilización de su madera para construcción de pisos carrocerías, chapas, artesanías finas y mangos para herramientas (Gómez *et al.*, 2013).

Así mismo, su madera es utilizada para ebanistería, mueblería, parquet, estructuras y construcciones rurales, así como también sus hojas y flores secas son forraje para ganado vacuno y caprino y la cocción de las flores ayuda a aliviar la osteoporosis (Moto, 2005).

Según Villacis *et al.* (2015), en la provincia de Loja crecen dos especies de Guayacán: *Handroanthus chrysanthus* (Jacq.) S, O. Grose y *Handroanthus billbergii* (Bereau & K. Schum.) S. O. Grose, cuyas poblaciones se han recuperado principalmente por acciones de manejo entre ellas por la declaratoria de veda en 1978. Estas especies han generado un atractivo turístico que se ha difundido nacional e internacionalmente debido a su florecimiento (entre enero-febrero). Además de ser un atractivo turístico la especie *Handroanthus chrysanthus* es utilizado como ornamental y en algunos casos también empleado para sombra. Sus flores son melíferas y las semillas sirven de alimento a la avifauna (Gómez *et al.*, 2013). Por tanto la especie tiene importancia ecológica, socioeconómica y gran potencial para procesos de restauración del paisaje (Palomeque *et al.*, 2017).

2.2. Métodos de selección y mejora de árboles

De acuerdo Flores y Chavarry (2005), los métodos de selección dependen de las especies a evaluar, las características del rodal o de la población, de los objetivos particulares y de los recursos disponibles para la ejecución de dicho programa, los principales métodos que se utilizan para la selección son: selección de árboles plus, prueba de progenie y establecimiento de huertos semilleros.

2.2.1. Selección de árboles plus

Según Ipinza (1998), un árbol plus es un árbol fenotípicamente sobresaliente en una o varias características de interés económico. El objetivo de la selección de árboles plus es usarlos como progenitores en las poblaciones de mejoramiento y de producción. El objetivo principal inmediato de la selección de árboles plus es suministrar material para: a) establecer pruebas genéticas (progenies, procedencias, pruebas clónales, etc); b) establecer huertos semilleros de plántulas o de semillas; c) establecer huertos semilleros clónales; d) colectar semilla o material vegetativo para plantaciones comerciales (Ipinza, 1997a). A continuación, se presentan los métodos de selección de árboles plus:

a) Método de árboles por comparación

Es empleado para el caso de plantaciones forestales, consiste en comparar dentro de una población, las características de un árbol plus, con los cinco mejores árboles vecinos ubicados dentro de un círculo de 10 a 20 m de radio, teniendo como centro al árbol candidato. Este método tiene como ventaja minimizar el efecto de las diferencias de sitio, es decir aumenta la probabilidad de expresión de los caracteres heredables en las generaciones futuras (Flores y Chavarri, 2005; Maldonado, 2015).

b) Método de selección por regresión o de la línea base

Se aplica en rodales naturales multietaneos pie a pie o disetáneos. Para aplicarlo es necesario conocer con seguridad la edad de cada árbol, por ejemplo, mediante un taladro de incremento se extrae un tarugo y se cuentan los anillos de crecimiento en sitios con estaciones climáticas bien definidas.

El método consiste en el desarrollo de curvas (regresiones) para las variables de interés que dependen de la edad o de algún otro factor (Zobel y Talbert, 1998). Por ejemplo, si el árbol candidato es de edad conocida y su volumen supera el predicho por la regresión edad-volumen, entonces el árbol puede ser seleccionado. En general, se puede fijar la superioridad del valor real sobre el valor de regresión en un mínimo para aceptar al árbol candidato como árbol plus. Este mínimo puede ser expresado en términos absolutos, porcentaje o en relación a la desviación estándar. Para aplicar este método se deben elaborar curvas para las diferentes calidades de sitio donde se pretende efectuar la selección (Cornelius *et al.*, 1994).

c) Método de valoración individual

Aplicable en bosques naturales heterogéneos, de edades distintas y donde los árboles generalmente se encuentran dispersos o aislados. Por ese motivo, el método de árboles por comparación no es aplicable. Debido a la alta variación ambiental y a las diferencias de edad entre árboles, la heredabilidad en este tipo de poblaciones es por lo general, baja. Para aplicar

el método, es necesario recorrer previamente la población y conocer el ámbito de variabilidad (comportamiento) de la especie, para luego determinar cuál es un árbol superior (Flores y Chavarri, 2005; Maldonado, 2015).

2.2.2. Prueba de progenie

Según Ipinza (1997b), una prueba genética es una plantación diseñada a partir de la descendencia de una de la poblaciones tipos (población base, población seleccionada y población de mejora) del ciclo de mejoramiento. Dependiendo del papel en el ciclo de mejora, puede denominarse ensayo de progenie, población base, ensayo de producción o investigación experimental y, de acuerdo a su localización, estas pueden ubicarse en el terreno, vivero, invernadero o cámara de enfriamiento.

2.2.3. Establecimiento de huertos semilleros

Un huerto es una plantación de árboles genéticamente superiores, aislados para reducir la polinización de fuentes de polen exterior y genéticamente inferior. Los huertos semilleros son las poblaciones de producción más comúnmente utilizadas. Estos son esenciales para la producción de semilla de alta calidad genética a partir de árboles superiores, seleccionados ya sea de poblaciones naturales, plantaciones o ensayos genéticos de programas de mejoramiento de generaciones avanzadas. El huerto puede ser establecido por clones (estacas, injertos, propágulos vegetativos) o plantas se semilla de progenie de árboles selectos (Ipinza, 1998).

a) Huerto semillero de plántulas o semilla (HSS)

También, conocidos como huertos semilleros de plántulas (HSP), se crea mediante una depuración intensiva de un ensayo de progenie, para permitir que se crucen individuos no emparentados y permitir que llegue luz a la copa para favorecer la producción de flores y por ende la producción de semilla (Ipinza *et al.*, 1998).

b) Huerto semillero genéticamente comprobado (HSC)

El huerto semillero genéticamente comprobado es aquel que tiene el respaldo de pruebas de progenies establecidas y evaluadas en los sitios potenciales de plantación, y que ha sido sometido a los aclareos genéticos necesarios para conservar únicamente los clones o individuos que han demostrado su superioridad. Además, este tipo de fuente semillera deberá cumplir con los demás requisitos básicos de un huerto semillero, en cuanto a métodos de selección de árboles, área, diseño, número mínimo de ramets (o individuos) dentro del huerto (Sotolongo *et al.*, 2010).

c) Huerto semillero no comprobado (HSNC)

Este es un huerto similar al anterior, pero que no ha sido sometido a aclareos genéticos, ya sea por la ausencia de ensayos genéticos o por la corta edad de ensayos. Aunque este huerto no tiene el respaldo de pruebas genéticas, la alta ganancia genética superior a la de otros tipos de fuente semillera, tales como los rodales semilleros y las fuentes selectas o identificadas (Sotolongo *et al.*, 2010).

d) Huertos semilleros clónales (HSC)

Los huertos semilleros clónales se establecen colocando varios rametos, producidos por injertos o estacas enraizadas, de cada árbol seleccionado en un área escogida para la producción de semilla (Ipinza *et al.*, 1998).

2.3. Variación natural como base del mejoramiento genético

La variación es la primera magnitud que define el potencial evolutivo de una población, sin variación no hay evolución. Aunque el grado de variación existente en una población puede venir determinado por la selección natural, la variación es un principio explicativo por sí misma. El análisis y descripción de la variación en la naturaleza ha jugado y juega un papel principal en los estudios evolutivos experimentales (Lewontin, 1974). Se distinguen varios niveles de

variación: fenotípica o genotípica, la primera puede subdividirse a su vez en morfológica, fisiológica o conductual (Barbadilla, 2009).

2.3.1. Modelo genético para caracteres cuantitativos

Para Robledo y Pinto (2017), un modelo es un esquema teórico, generalmente en forma matemática, de un sistema o de una realidad compleja, que se elabora para facilitar su compresión y el estudio de su comportamiento. El valor que se observa cuando un carácter se mide sobre un individuo es el valor fenotípico de ese individuo. El modelo (ecuación) que se utiliza para estudiar el valor fenotípico (*P*) es en componentes atribuibles a la influencia del genotipo (*G*) y del ambiente (*E*):

$$P = G + E$$

Donde:

P = valor fenotípico

G = valor genotípico

E = desviación ambiental.

Al englobar todas las circunstancias no genéticas dentro del término ambiente es claro que el genotipo y el ambiente son, por definición, los únicos dos determinantes del valor fenotípico, ya que todo lo que no es genotipo, por definición, es ambiente. Los caracteres cualitativos tienen muy poca o nula influencia ambiental, por lo que, el modelo que se aplica a ellos es:

$$P = G$$

2.3.2. Genotipo

Expresa la clase de la que se es miembro según el estado de los factores hereditarios internos de un organismo, sus genes y por extensión su genoma. El contenido genético de un organismo (Barbadilla, 2009). Ademas se define como genotipo al arreglo particular de genes que presenta el individuo, y el ambiente como todas y cada una de las circunstancias no genéticas que afectan al valor fenotípico.

De acuerdo a Robledo y Pinto (2017), el genotipo de un individuo o valor genotípico se particiona en componentes atribuibles a diferentes causas:

- Valor Genético Aditivo (Ga): como ya se menciona, para los caracteres cuantitativos, cada gen hace un pequeño aporte individual al genotipo. Ese aporte se denomina valor aditivo del gen. El genotipo aditivo es la sumatoria de dichos efectos de todos los genes que determinan Valor de Cría, Reproductivo o Mejorante. El valor representa el genotípico, solo la parte que puede ser trasmitida de los padres a su descendencia.
- Valor Genético por Dominancia (Gd): o desviación por dominancia que surge de la interacción entre alelos de un locus. Es la sumatoria de los efectos producidos debido a las interacciones alélicas entre todos los pares de genes que determinan el carácter en un individuo.
- Valor Genético por Interacciones (Gi): con más de un locus determinando el carácter, se debe tener en cuenta también las interacciones entre loci (no alélicas), que se denominan epístasis. Es la sumatoria de los efectos producidos debido a las interacciones no alélicas entre todos los pares de genes que determinan el carácter en un individuo.

$$G = Ga + Gd + Gi$$

Donde:

G = Genotipo

Ga = Valor genético aditivo

Gd = Valor genético por dominancia

Gi = Valor genético por interacciones

2.3.3. Ambiente

El ambiente, en términos genéticos, es la combinación de todos los factores, con excepción de los genéticos, que pueden afectar la expresión de los genes. Así, en genética, la palabra ambiente posee un significado muy general. Constituye todo aquel elemento no genético que influye sobre el resultado la expresión de un carácter (Joomia, 2009).

En términos generales, se puede hablar de dos clases de efectos ambientales:

- Permanentes (Ep): son todos aquellos que actúan una sola vez sobre el individuo lo afectan durante toda su vida. Ejemplo forestal
- Temporarios (Et): son los que actúan sobre el genotipo de manera transitoria: alimentación, estado sanitario, condiciones climáticas, etc.

$$E = Ep + Et$$

Donde:

E = Ambiente

Ep = Efectos ambientales permanentes

Et = Efectos ambientales temporarios

2.3.4. Fenotipo

La clase de la que se es miembro según las cualidades físicas observables en un organismo, incluyendo su morfología, fisiología y conducta a todos los niveles de descripción. Las propiedades observables de un organismo (Barbadilla, 2009), la interacción que se produce entre los genes y el ambiente da lugar a diversos efectos fenotípicos.

2.4. Variabilidad genética

La variabilidad genética se refiere a la variación en el material genético de una población o especie, e incluye los genomas. Para que la selección natural pueda actuar sobre un carácter,

debe haber algo que seleccionar, es decir, varios alelos para el gen que codifica ese carácter. Además, cuanta más variación haya, más evolución (Groom *et al.*, 2006).

2.4.1. Tipo de caracteres

De acuerdo a Groom *et al.* (2006), las observaciones que sirvieron de base a las Leyes de la Herencia se realizaron en caracteres cualitativos que expresaban diferencias de clase entre los fenotipos: altura total y comercial, diámetro a la altura del pecho (DAP), forma de fuste, color de la madera, ángulo de las ramas, etc. Sin embargo, se define como fenotipo de un individuo a toda característica visible o medible de dicho individuo. Muchos caracteres de interés económico en producción forestal, específicamente los que pueden ser medidos, varían en forma continua, lo que significa que los individuos no pueden ser clasificados en clases discretas, a continuación se definiran los caracteres cualitativos y cuantitativos:

a) Cualitativos

Son aquellos que están determinados por uno o muy pocos pares de genes, por eso también son llamados oligogénicos. Presentan una variación cualitativa, discreta o discontinua: en una población se observan clases de individuos según el genotipo que presenten y el mecanismo de acción génica actuante.

b) Cuantitativos

Son denominados cuantitativos, métricos o continuos, ya que son aquellos que pueden ser medidos en los individuos: altura, diámetro, forma de la copa, etc. La mayoría de ellos, en una población, presentan una distribución normal.

La variación continua y normal está dada por dos causas:

- La segregación simultánea de muchos pares de genes: son caracteres poligénicos. Están determinados por muchos pares génicos, cada uno de los cuales hace un pequeño aporte a la determinación del carácter. El genotipo de un individuo es la sumatoria de los efectos individuales (efecto aditivo) de cada uno de estos genes.

- La acción o efecto del ambiente, que modifica al fenotipo en cierto grado. Como los caracteres de la altura, diámetro, volumen y crecimiento de los árboles. Esta influencia ambiental, considerando como ambiente como todo aquello que no sea genético, hace que la simple medición del carácter en el individuo no infiera en su genotipo. Un mismo fenotipo puede así, corresponder a distintos genotipos con diferente influencia ambiental.

2.4.2. Importancia

De acuerdo a la Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad [CONABIO] (2009), la variabilidad genética es una medida de la tendencia de los genotipos de una población a diferenciarse. Gran parte de la variación en los individuos proviene de los genes, es decir, es variabilidad genética. La variabilidad genética se origina por mutaciones, recombinaciones y alteraciones en el cariotipo (el número, forma, tamaño y ordenación interna de los cromosomas). Los procesos que dirigen o eliminan variabilidad genética son la selección natural y la deriva genética. La variabilidad genética permite la evolución de las especies, ya que en cada generación solamente una fracción de la población sobrevive y se reproduce transmitiendo características particulares a su progenie.

2.5. Parámetros genéticos de una población

La estimación de los parámetros genéticos y fenotípicos exigen conocimientos de las magnitudes de las variancias genéticas aditivas y fenotípicas de la característica evaluada o de su heredabilidad (Carneiro *et al.*, 2004). El éxito del mejoramiento de plantas para ninguna característica exige, como regla, ser hereditarias y también la presencia de variación en la población sobre selección (Cruz y Souza, 2006). Por tanto, la heredabilidad es un parámetro muy importante para el productor, permitiendo la estimativa de la porción hereditaria de la variación fenotípica, la estimativa del gano genético (trasmicion de rasgos fisicos) y la elección de los métodos de selección a aplicar (Reis *et al.*, 2002).

2.5.1. Heredabilidad

Para Ramírez y Egaña (2003), uno de los factores más importantes para la mejora vegetal es el conocimiento de la contribución relativa de los genes a la variabilidad de un carácter que se está considerando. La heredabilidad en sentido amplio H^2 se define como la proporción entre la varianza genética y la varianza fenotípica.

$$H^2 = \frac{VG}{VP} \quad H^2 = \sigma^2 G / \sigma^2 P$$

La heredabilidad en sentido estricto h^2 es el cociente entre la varianza genética aditiva sobre la varianza fenotípica.

$$h^2 = \frac{VA}{VP} \quad h^2 = \sigma^2 A / \sigma^2 P$$

La heredabilidad se simboliza como h^2, porque deriva de una terminología en donde h representa el cociente correspondiente de las desviaciones estándar.

2.5.2. Componentes de varianza fenotípica y genotípica

De acuerdo Zamudio (2005) y Escudero (2011), el estudio genético de un carácter métrico se centra en el estudio de su variación. Para estudiar esta variación es necesario desglosarla en componentes atribuibles a diferentes causas. La magnitud relativa de estos componentes es la que determina las propiedades genéticas de una población y, en particular, el parecido fenotípico entre parientes.

a) Varianza fenotípica: Componentes genético y ambiental

Los diferentes componentes en que se puede desglosar la varianza fenotípica de un carácter en una población se relacionan entre si dando como resultado el valor fenotípico. En primer lugar, el valor fenotípico (P) se componen en valor genotípico (G) y desviación ambiental (E):

$$P = G + A$$

Por tanto, la varianza fenotípica se puede descomponer en varianza genotípica (V_G) y varianza ambiental (V_E). La varianza genotípica es la varianza de los valores genotípicos y la varianza ambiental es la varianza de las desviaciones ambientales:

$$V_P = V_G + V_E$$

Esta descomposición de la varianza fenotípica será válida siempre y cuando se cumplan dos condiciones:

- Que los valores genotípicos y las desviaciones ambientales no estén correlacionados. De existir esta correlación, V_P se incrementaría en el doble de la covarianza de G con E.

$$V_P = v_G + V_E + 2\ COV_{GE}$$

- Que no exista interacción entre genotipos y ambientes. Cuando existe interacción entre genotipos y ambientes, el valor fenotípico de un individuo no es simplemente P = G + E, sino que es necesario incluir un componente de interacción: $P = G + E + I_{GE.}$ El componente de interacción da lugar a una fuente de variación adicional atribuible a esta interacción y, por tanto:

$$V_P = V_G + V_E + 2COV_{GE} + V_{GE}$$

b) Componentes genéticos de la varianza: componentes aditivos y no aditivos

La partición de la varianza fenotípica en componentes genotípico y ambiental no conlleva una mejor compresión de las propiedades genéticas de una población y, en particular, no explica el parecido fenotípico entre parientes. Para ello, la varianza genotípica debe descomponerse a su vez, según la partición del valor genotípico (G) en: valor de mejora (A), desviación por dominancia (D) y desviación epistática (I):

$$G = A + D + I$$

Por tanto, la varianza genotípica se puede descomponer en varianza aditiva (V_a), varianza por dominancia (V_d), y varianza epistática (V_i). La varianza aditiva es la varianza de los valores de mejora, la varianza por dominancia es la varianza de las desviaciones por dominancia y la varianza epistática es la varianza de las desviaciones por interacción:

$$V_G = V_A + V_D + V_I$$

Por lo tanto, con ciertas restricciones, la varianza fenotípica total de un carácter métrico se descompone en:

$$V_P = V_G + V_E = V_A + V_D + V_I + V_E$$

La varianza aditiva, que es la varianza de los valores de mejora, es el componente más importante, puesto que es la causa principal del parecido fenotípico entre parientes y, por tanto, el principal determinante de las propiedades genéticas de una población y de la respuesta a la selección. Por tanto, desde un punto de vista práctico, la partición importante de la varianza fenotípica es en varianza genética aditiva frente al resto, incluyendo en este resto, la varianza genética no aditiva ($V_D + V_I$) y la varianza ambiental. Esta partición, nos proporciona el cociente V_A/V_P que denominamos heredabilidad del carácter (López y Toro, 2007).

2.6. Distribución de la variación entre y dentro de poblaciones

De acuerdo a Saenz y Plancarte (1991), la variación natural ocurre a diferentes niveles: entre especies, entre áreas geográficas o procedencias, entre sitios o rodales, entre arboles individuales e incluso, dentro de un mismo árbol. Para fines de manipular la variación, es necesario cuantificarla en cada nivel, identificando en lo posible, que proporción es producto de efectos ambientales, genéticos y de interacción entre ambos. Se la puede considerar en dos niveles la interespecífica o entre especies y la intraespecífica o dentro de una especie, la primera se refiere al número de especies vegetales y animales diferentes presentes en un ecosistema en cambio la segunda refleja el nivel de variación genética que se da entre individuos dentro de una población o una especie dada (diversidad intrapoblacional) o entre poblaciones diferentes de la misma especie (diversidad interpoblacional).

2.7. Diseño sistémico Nelder en el ámbito forestal

Para Penso (2017), los diseños sistemáticos están constituidos por una malla de puntos, siendo cada uno de ellos interpretados como una parte del experimento. Los diseños sistemáticos para ensayos de espaciamiento siguen tres pasos (Nelder, 1962), 1) la colocación de la rejilla de las plantas en un formato rectangular; 2) así las plantas tienen vecinas cercanas; la rejilla puede ser anidada por conjuntos de curvas, las cuales pueden ser líneas rectas o arcos de cruce concéntricos; 3) la densidad y la rectangularidad varían dentro de la malla de puntos para obtener un número mayor de combinaciones. Nelder (1962), desarrolló cinco diferentes tipos de delineamientos en abanico para experimentos de espaciamiento, el cual se divide de la siguiente manera:

- Delineamiento (Ia): El arreglo de las plantas en el campo es constantemente rectangular, y el área por cada una de las plantas aumenta con el radio r.
- Delineamiento (Ib): El área de las plantas es constante, además, la rectangularidad varía según haya alteración en el radio r.
- Delineamiento (Ic): Ha cambiado la rectangularidad con el radio r, pero la densidad será constante por toda la extensión de las líneas perpendiculares a la línea base.
- Delineamiento (Id): Existe un cambio en la densidad con el radio y la rectangularidad se mantendrá constante en las líneas perpendiculares a la línea base.
- Delineamiento (II): La densidad de las plantas y la rectangularidad difieren sistemáticamente.

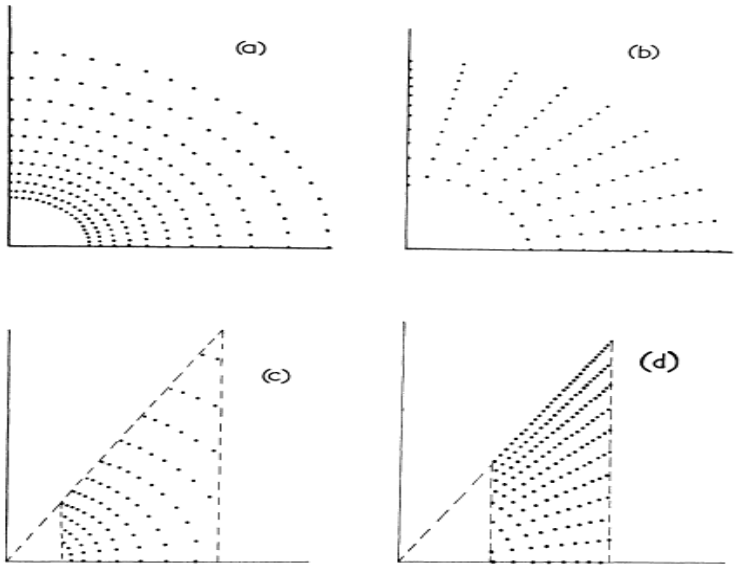


Figura 2.- Tipos de diseños (I): a) Diseño Ia; b) Diseño Ib; c) Diseño Ic; d) Diseño Id (Penso, 2017 extraído de Nelder, 1962)

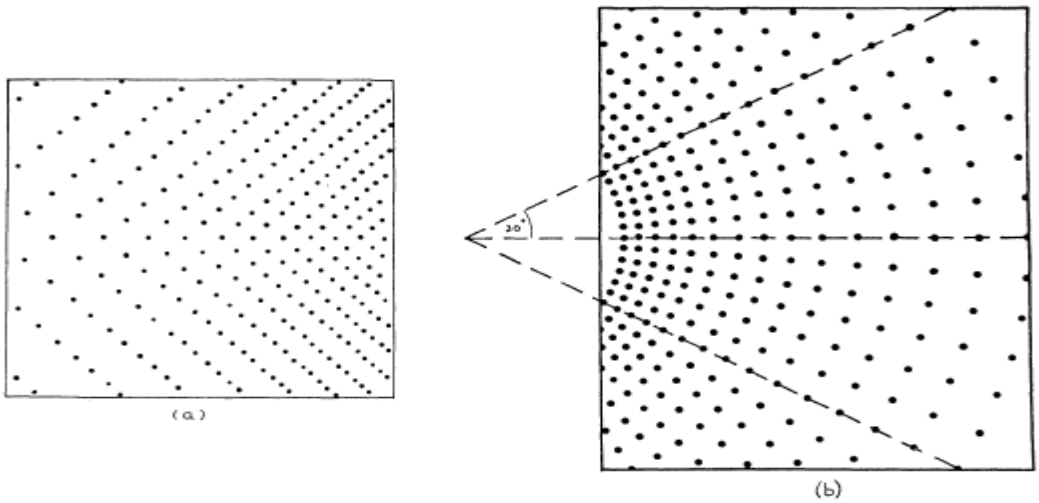


Figura 3.- Tipos de diseños (II): a) Diseño II; b) Diseño Ia (adecuado en una parcela rectangular) (Penso 2017 extraído de Nelder, 1962)

Entre los cinco delineamientos sistemáticos con factor cuantitativo continuo propuestos por Nelder (1962), "Se destaca el denominado delineamiento sistemático tipo "leque" (IA), que se caracteriza por estar basado en un sistema de rayos y arcos de círculos concéntricos, donde la rectangularidad, es decir, la razón entre las distancias inter e intra líneas es constante. En este diseño, el área por planta aumenta con el aumento de la distancia al origen, siendo los radios separados por un ángulo constante y los arcos espaciados por una progresión geométrica de la distancia radial" (Stape, 1995).

2.8. Manejo y conservación forestal de especies nativas

Los principales efectos de la reducción y fragmentación de poblaciones naturales son: endogamia, distanciamiento entre individuos reproductivos, disminución del flujo génico y el aumento de la divergencia genética entre las poblaciones de especies arbóreas. Por lo tanto, el conocimiento de la variabilidad genética en esas poblaciones es importante para establecerse estrategias de conservación de las especies y ecosistemas, además de orientar programas de colecta de material para banco de germoplasma y producción de plántulas para los programas de reforestación (Kageyama *et al.*, 1998).

Los patrones de variabilidad genética pueden servir de modelo para la generación de programas de conservación y mejoramiento genético. La estrategia de conservación ex situ y mejoramiento debe ser guiada por los niveles de diversidad genética y adaptación local, para evitar problemas relacionados a la mala adaptación (McKay *et al.*, 2005). La obtención de poblaciones mejoradas que satisfagan las exigencias de la productividad forestal depende de la capacidad de identificar genotipos deseados en la población sobre selección.

Una estrategia, de eficiencia comprobada, para selección de esos genotipos es la combinación de los ensayos de procedencias y progenies, que permiten la determinación del valor reproductivo de los individuos seleccionados, de la estimación de parámetros genéticos, de la estructura genética y la selección, orientando decisiones prácticas en el programa de mejoramiento (Kemp, 1976; Sampaio *et al.*, 2000; Aguiar, 2004). El mejoramiento de especies nativas presenta, una importancia ecológica muy grande para los ecosistemas que participan y, muchas veces, no se adecuan a plantaciones puras. Entre tanto, la conservación genética de estas especies demanda mayor interés de que el propio mejoramiento genético.

Por tanto, se debe dar énfasis a estudios sobre biología reproductiva, los métodos de propagación de las especies, el conocimiento de la estructura genética, del tamaño efectivo poblacional y de la variación genética entre y dentro de las poblaciones (Kageyama, 1990; Resende, 1999; Sebbenn, 2003).

2.8.1. Conservación in situ

Para FAO *et al.* (2002), la conservación de los recursos genéticos en su ambiente natural, ya sea en bosques de producción o en áreas protegidas, se denomina conservación *in situ*. La conservación *in situ* implica que una población determinada se mantiene dentro de la comunidad de la que forma parte, en el ambiente en que se ha desarrollado (Frankel, 1977).

De acuerdo con el Artículo 2. del Convenio de las Naciones Unidas sobre la Diversidad Biológica, la conservación *in situ*, se entiende a la conservación de los ecosistemas y los hábitats naturales, y el mantenimiento y recuperación de poblaciones viables de especies en sus entornos naturales y, en el caso de las especies domesticadas y cultivadas, en los entornos en que hayan desarrollado sus propiedades especificas (Sierralta *et al.*, 2011)

Por lo tanto la conservación *in situ* en bosques naturales suele comprender los funcionamientos del ecosistema y las interacciones de las especies y no solo especies arbóreas individuales. La experiencia práctica sugiere que una buena ordenación de los recursos genéticos debe incluir esfuerzos de conservación basados en dos estrategias que se superponen: la ordenación de bosques naturales con el debido respeto a sus recursos genéticos y el establecimiento de redes de áreas más pequeñas de conservación genética (FAO, *et al.*, 2002).

De acuerdo Aguirre (2015), las herramientas e instrumentos para el manejo y conservación *in situ* de la biodiversidad ecuatoriana son las siguientes a) las áreas naturales protegidas conocida como el Sistema Nacional de Áreas Protegidas del Ecuador (SNAP), b) los corredores de conservación, c) la conservación en fincas, d) bosque protectores, e) los remanentes boscosos, f) servidumbres ecológicas y g) las reservas de biosfera.

2.8.2. Conservación ex situ

Cuando se habla de conservación *ex situ* de los recursos genéticos de árboles forestales se considera principalmente el muestreo y el mantenimiento de la mayor cantidad de variación genética que preexiste dentro de y entre las poblaciones de las especies seleccionadas como objetivos (FAO *et al.*, 2007a). Esta técnica necesita altos niveles importantes de intervención

humana (Jaramillo y Baena, 2000), ya sea en forma de recolecciones simples de semillas, almacenamiento y plantaciones de campo o de métodos más intensivos de mejoramiento genético y fitomejoramiento (FAO *et al.,* 2007b).

Para Gollin y Smale (1999), este tipo de conservación está adaptada hacia un número relativamente pequeño de plantas conocidas en donde se fija el material genético de la planta al momento en que éste entra al banco de germoplasma, a diferencia de la conservación *in situ* que está dirigida a colecciones más grandes de especies, las cuales no siempre son conocidas y la conservación se realiza en su contexto ambiental.

Este método de conservación se realiza en instalaciones de almacenamiento especializadas donde se está intentando conservar el recurso genético fuera de las influencias ambientales. Por ello, la diversidad genética existente entre poblaciones es importante y fundamental para la conservación de los recursos genéticos forestales, especialmente porque puede referirse al mantenimiento a largo plazo de la diversidad genética en poblaciones viables (FAO *et al.,* 2007a).

Para Aguirre (2015), las herramientas para la conservación *ex situ* implementadas en Ecuador son los a) jardines botánicos, b) bancos de germoplasma, c) zoológicos, d) zoocriaderos y e) centros de rescate.

Asi, por ejemplo las personas dedicadas a la producción de plantas en los viveros forestales tienen inconvenientes en la producción rápida de nuevas variedades, a diferencia de los productores de cultivos agrícolas.

2.9. Estudios similares

A pesar de que no exista un Programa de Mejoramiento Genético adecuadamente estructurado en el país, existen iniciativas de la empresa privada orientadas a dar respuesta a necesidades específicas de mercados particulares para especies determinadas. Asimismo, algunos Centros de Educación Superior han llevado estudios puntuales de investigación, pero están lejos de

sustentar y responder a un plan nacional de mejoramiento genético forestal (Grijalva *et al.*, 2012).

En la década del 90, el ex INEFAN con el apoyo de PROFAFOR-Face, COSUDE, FOSEFOR y ECOPAR, iniciaron acciones pioneras sobre Mejoramiento Genético Forestal en la Región Interandina del Ecuador, con el propósito de identificar, evaluar y mejorar la calidad de las principales especies forestales nativas y exóticas utilizadas en la región andina (Ministerio del Ambiente del Ecuador [MAE], Proyecto de Investigaciones en Páramos y Bosques Andinos [ECOPAR], Programa Face de Forestación [PROFAFOR] y Red Andina de Semillas Forestales [RASEFOR], 1999). De igual manera, durante el periodo 1993-1999 se seleccionaron árboles con características fenotípicas sobresalientes en plantaciones de *Pinus radiata*, *Pinus pátula* y *Eucalyptus* globulus (eucalipto). Posteriormente, se condujeron ensayos de progenies, huertos clonales (Estevez, 2001) y se estudiaron métodos de injerto en *Pinus radiata* utilizando púas de árboles seleccionados con la finalidad de conservar el material genético de cada árbol superior (Ruiz, 2000).

Entre las empresas privadas que cuentan con programas de mejoramiento genético, se citan a EUCAPACIFIC (Eucalyptus Pacífico S.A.) para la producción de pulpa de eucalipto, ENDESA BOTROSA en *Acacia* mangium (Acacia), *Cabralea cangereana* (Batea caspi), *Cedrelinga cateneiformis* (chuncho), *Cordia alliodora* (laurel), *Eucalyptus* spp. (Eucalipto), *Jacarandá* copaia (Jacaranda), *Parkia* multijuga (Guarango), *Schyzolobium* spp. (Pachaco), *Tectona* grandis (Teca), *Terminalia* spp. (Castaño), *Virola* spp. (Virola), *Vochysia* sp., entre otras especies con aptitud maderera. Esta última empresa estableció plantaciones clonales de laurel (ENDESA-BOTROSA, 2011), en tanto que PLANTABAL S.A. en Balsa (*Ochroma pyramidale*). Sin embargo, los protocolos, metodologías y resultados sobre el comportamiento de procedencias y la diversidad del germoplasma utilizados, no son de libre acceso.

En cuanto a los centros de educación superior, la Universidad Estatal de Quevedo con el Gobierno Provincial de Los Ríos y la empresa Plantabal S.A. impulsaron un programa de mejoramiento del cultivo de balsa, que contempla estudios anatómicos, dendrológicos y morfológicos; así como su distribución a nivel nacional, el manejo forestal, mejoramiento

genético, usos y comercialización e impactos ambientales, sociales y económicos (UTEQ, 2011). Por otra parte, la Universidad Estatal del Sur de Manabí ejecutó un proyecto de mejoramiento de balsa y laurel para el fomento de plantaciones en la zona sur de Manabí, cuyos resultados se reflejan en la definición de zonas de procedencia, la distribución natural de las especies consideradas, identificación de productores de semilla, en base del análisis de variables dasométricas y de calidad y de huertos semilleros clonales (Cantos *et al.*, s.f.).

El Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias (INIAP), a través del Programa Nacional de Forestería conduce varias investigaciones en especies forestales nativas, desarrollando actividades de recolección, manejó, evaluación agronómica y caracterización molecular de especies maderables amenazadas de la eco región bosque seco como moral fino, *Chlorophora tinctoria* (86 individuos), bálsamo *Myroxylon peruiferum* (95 individuos) y amarillo de guayaquil, *Centrolobium ochroxylum* (348 individuos), material que se encuentra en bancos de germoplasma en las Estaciones Experimentales Litoral Sur, Portoviejo, Pichilingue y en la Granja Experimental El Almendral del INIAP. Entre estas investigaciones se destaca el estudio sobre Amarillo de Guayaquil (*Centrolobium ocroxylum),* especie de uso múltiple de los bosques secos del Ecuador, obteniendo información sobre las características morfológicas y reproductivas de la especie, requerimientos ambientales, multiplicación, establecimiento y silvicultura en general y la variabilidad genética de 71 accesiones colectadas en cinco provincias del Ecuador, consolidando de esta forma información relevante para futuros programas de mejoramiento genético (Limongi *et al*. 2011).

3. MATERIALES Y MÉTODOS

3.1 Área de estudio

3.1.1 Ubicación geográfica y política

El presente estudio se desarrolló en los sectores de Jipiro Alto y Virgenpamba localizados en la Cuenca Superior del Río Zamora "Hoya de Loja" (Figura 1), parroquia El Valle, cantón y provincia de Loja, los cuales se encuentran separados por 4,8 km.

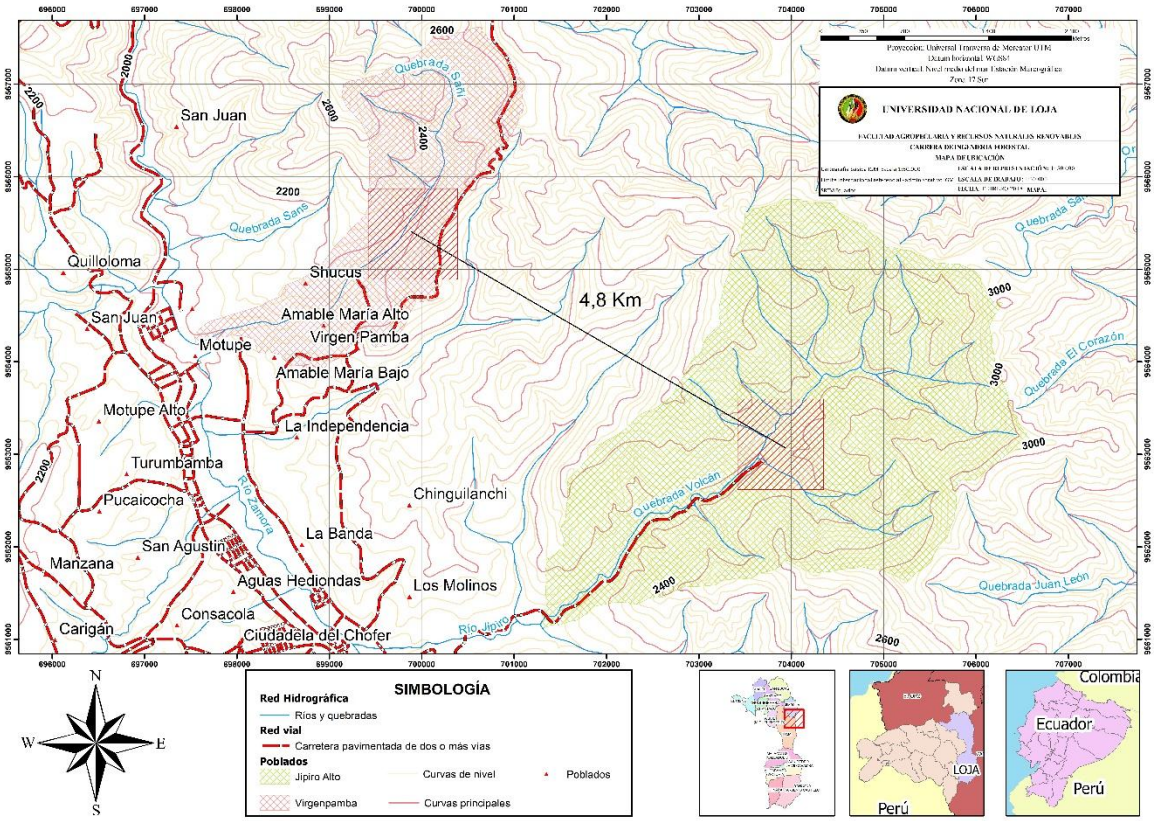


Figura 4.- Ubicación de las áreas de estudio

3.1.2 Características ambientales

Los sectores Jipiro Alto y Virgenpamba están a un rango altitudinal comprendido entre 1 880 a 2 900 msnm, con una precipitación de 700-800 mm/anual (Centro Integrado de Geomática Ambiental de la Universidad Nacional de Loja [CINFA], 2008), temperatura media anual 18 °C y humedad relativa de 75,4 % (Municipio de Loja, 2007) posee un clima templado andino.

3.2 Metodología para Identificar y Seleccionar Árboles Semilleros de *Handroanthus chrysanthus* provenientes de dos poblaciones naturales

La evaluación se realizó mediante la aplicación de la metodología de censo forestal MAGAP (2016), para lo cual, se realizó de un recorrido en zigzag en los bosques nativos de *Handroanthus chrysanthus* con orientación Sur-Oeste – Este (rumbo norte) en fajas establecidas de 30 m de ancho divididas por una línea central con la finalidad de ubicar los árboles a una distancia 15 m de cada lado (Figura 2).

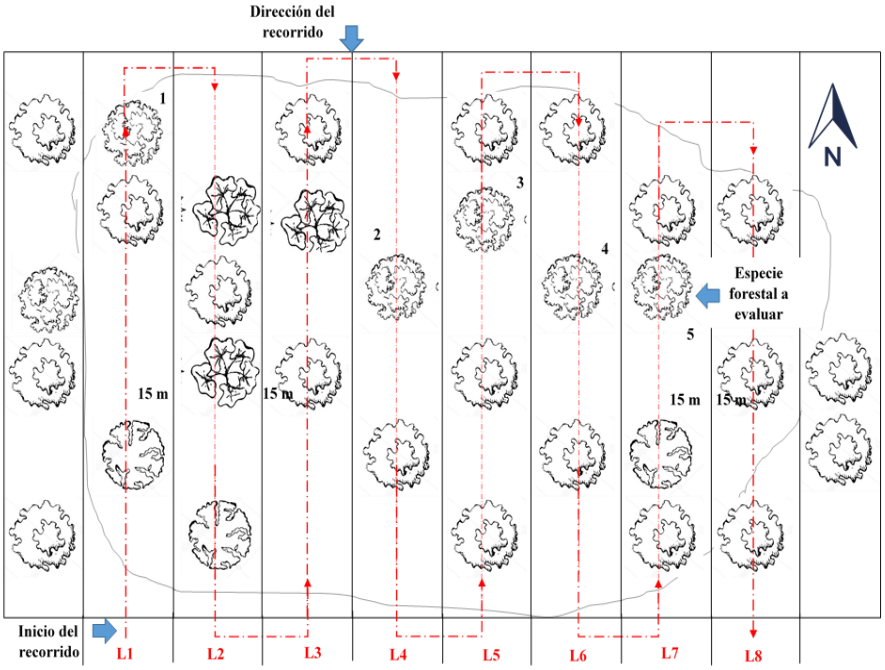


Figura 5.- Recorrido en bosques nativos *Handroanthus chrysanthus* (Censo Forestal)

3.2.1. Identificación de los árboles semilleros

Para la identificación de los árboles semilleros (Cuadro 1), se procedió a codificar los individuos donde se consideró la altura de 1, 30 m del suelo para posteriormente colocar la placa de metal con su respectiva codificación (VPHc001, VPHc002….VPHc00n) y con ayuda del GPS se registró los datos de las coordenadas geográficas de cada individuo. Seguidamente, con la cinta diamétrica se midió el DAP a los individuos ≥ a 30 cm (Anexo 1); posteriormente con el hipsómetro tipo Haga se procedió a tomar los datos de altura total (HT) y altura comercial (HC),

(Anexo 2); para el registro de los datos de diámetro de copa se consideró dos medidas una en el eje vertical y otra en eje horizontal.

Cuadro 1.- Formulario de campo para la identificación de los árboles semilleros.

Sector:												
Fecha:												
Árbol	**Código**	**Coordenadas**		**DAP (cm)**	**HC (m)**	**HT (m)**	***(a)*** ***Forma del fuste*** *(R, Lt, T,Mt)*	*(b)* ***Altura de bifurcacion*** *(Nb, Bs, Bm, Bi)*	*(c)* ***Diámetro de copa*** *(Cv, Cm, Cp)*		*(d)* ***Ángulo de inserción de las ramas*** *(1,2,3)*	*(e)* ***Estado fitosanitario*** *(S, P, I, E)*
		X	**Y**									

a) ***R*** *recto;* ***Lt*** *ligeramente torcido a lo largo de la HC;* ***T*** *torcido antes de la HC y* ***Mt*** *Muy torcido antes y despues de la HC*
b) ***Nb*** *no bifurcado;* ***Bs*** *bifurcado en el 1/3 superior;* ***Bm*** *bifurcado en el 1/3 medio y* ***Bi*** *bifurcado en el 1/3 inferior*
c) ***Cv*** *copa vigorosa > a 10 m;* ***Cm*** *copa promedio entre 10 y 5 m, y* ***Cp*** *copa pequeña < de 5 m*
d) ***1*** *60°-90°;* ***2*** *30-60° y* ***3*** *0-30°*
e) ***S*** *totalmente sano;* ***P*** *presencia de plantas parásitas;* ***I*** *atacado por insectos en hojas o tallo y* ***E*** *enfermo*

3.2.2. Evaluación fenotípica de los árboles semilleros

Para realizar la evaluación fenotípica de los árboles semilleros se valoró los parámetros fenotípicos (características) de los individuos en una escala de calificación de 1 a 7 (Cuadro 2).

Cuadro 2.- Matriz para la evaluación de los parámetros fenotípicos de los árboles semilleros.

Parámetros	Descripción	Puntaje	Simbología
Forma del fuste	Recto	6	R.
	Ligeramente torcido a lo largo de la HC	4	Lt.
	Torcido antes de la HC	2	T.
	Muy torcido antes y después de la HC	1	Mt.
Altura de bifurcación	No bifurcado	6	Nb.
	Bifurcado en el 1/3 superior	4	Bs.
	Bifurcado en el 1/3 medio	2	Bm.
	Bifurcado en el 1/3 inferior	1	Bi.
Diámetro de copa	Copa vigorosa > a 10 m	7	Cv.
	Copa promedio entre 10 y 5 m	3	Cm.
	Copa pequeña < de 5 m	1	Cp.
Ángulo de inserción de las ramas	60-90°	3	1
	30-60°	2	2
	0-30°	1	3

Estado fitosanitario	Totalmente sano	6	S.
	Presencia de plantas parásitas	4	P.
	Atacado por insectos en hojas o tallo	2	I
	Enfermo	1	E.

a)	***R*** *recto;* ***Lt*** *ligeramente torcido a lo largo de la HC;* ***T*** *torcido antes de la HC y* ***Mt*** *Muy torcido antes y despues de la HC*
b)	***Nb*** *no bifurcado;* ***Bs*** *bifurcado en el 1/3 superior;* ***Bm*** *bifurcado en el 1/3 medio y* ***Bi*** *bifurcado en el 1/3 inferior*
c)	***Cv*** *copa vigorosa > a 10 m;* ***Cm*** *copa promedio entre 10 y 5 m, y* ***Cp*** *copa pequeña < de 5 m*
d)	***1*** *60°-90°;* ***2*** *30-60° y* ***3*** *0-30°*
e)	***S*** *totalmente sano;* ***P*** *presencia de plantas parásitas;* ***I*** *atacado por insectos en hojas o tallo y* ***E*** *enfermo*

Fuente: Adaptado de Ordóñez, Aguirre y Hofstede (2004).

Para la síntesis de los resultados obtenidos de la evaluación fenotípica, los árboles fueron agrupados en tres clases según su puntaje (Cuadro 3).

Cuadro 3.- Agrupación de los árboles por clase.

Clase	Puntaje	Condiciones
1	28-24	**Árboles excelentes**, con fustes ligeramente torcidos, sin bifurcaciones en la parte inferior, estado fitosanitario bueno, sanos y vigorosos.
2	23 - 19	**Árboles buenos**, fuste ligeramente torcido, con bifurcaciones en la parte media del fuste, que presente un estado fitosanitario bueno.
3	18 - 14	**Árboles indeseables**, suprimidos, enfermos y muy torcidos, con defectos en el fuste, dichos parámetros no puede ser considerado como árbol semillero.

Fuente: Adaptado por Ordóñez *et al.* (2004)

3.2.3. Selección de los árboles semilleros

Para la selección de los árboles semilleros, se aplicó el método de comparación con los mejores vecinos; que consistió en seleccionar al individuo con características fenotípicas excelentes. Además, se consideró la distancia mínima de 100 m entre individuos, tomando como referencia el estudio realizado por Augsburger (1986), quien determino que de 34 especies arbóreas que dependen del viento para la dispersión de semilla, estas manifestaron una distancia de dispersión que fluctúa entre 22 y 194 m para evitar la endogamia.

3.3 Metodología para Estimar la Variabilidad Genética de Progenies de *Handroanthus chrysanthus* provenientes de dos poblaciones naturales para fines de conservación

Los frutos de *Handroanthus chrysanthus* fueron colectados en diciembre del 2015, en dos poblaciones naturales (procedencias) (Figura 1). Cada árbol fue identificado y georreferenciado, siendo 13 en Virgenpamba (UTM 17S 699900 E y 9565399) y 14 en Jipiro Alto (UTM 17S 703875 E y 9563050); de forma aleatoria.

3.3.1 Instalación del ensayo de progenies

Los frutos de los arboles fueron llevados al Vivero Forestal de la Universidad Nacional de Loja, donde fueron colocados para secar, con la finalidad de obtener las semillas y posterior germinación en fundas de polietileno con sustrato 2:1 (tierra + arena de mina).

Con las mejores plántulas de cada progenie, fue instalado el ensayo de progenies/procedencias en la Estación Experimental "La Argelia" (Figura 3), perteneciente a la Universidad Nacional de Loja, localizada en el sector la Argelia, coordenadas geográficas ,04º02´47" y 04º 02´32" de latitud sur y 79º 12´40" y 79º 12´59" de longitud oeste, y altitud aproximada de 2 100 msnm, precipitación media anual de 955 mm/anual, temperatura media anual 16,2°C, humedad relativa media 71,96 %, evaporación media 111, 33 mm, bioclima sub-húmedo templado (Rojas, 2012 citado en Luzón, 2016).

Figura 6.- Ubicación de la Estación Experimental "La Argelia"

El test de progenies fue instalado el 11 de octubre de 2017, en delineamiento sistemático Nelder, tipo "leque" propuesto por Nelder (1962). Este diseño está caracterizado por definirse los valores del radio inicial r_o (distancia del centro del circulo a la bordadura interna), la razón de la progresión geométrica de los radios (α), el ángulo entre los mismos (θ) y el área (A_i) entre las plantas en el test de progenies, que fue estimada en base a la siguiente expresión:

$$\mathbf{A_n} = \frac{\theta.\mathbf{r}^2.\left(\alpha - \frac{1}{\alpha}\right)}{2}$$

Utilizada por Stape (1995); en que: θ = 12° o 0,2326 rd; r_o = 5,76 m; α = 1,21.

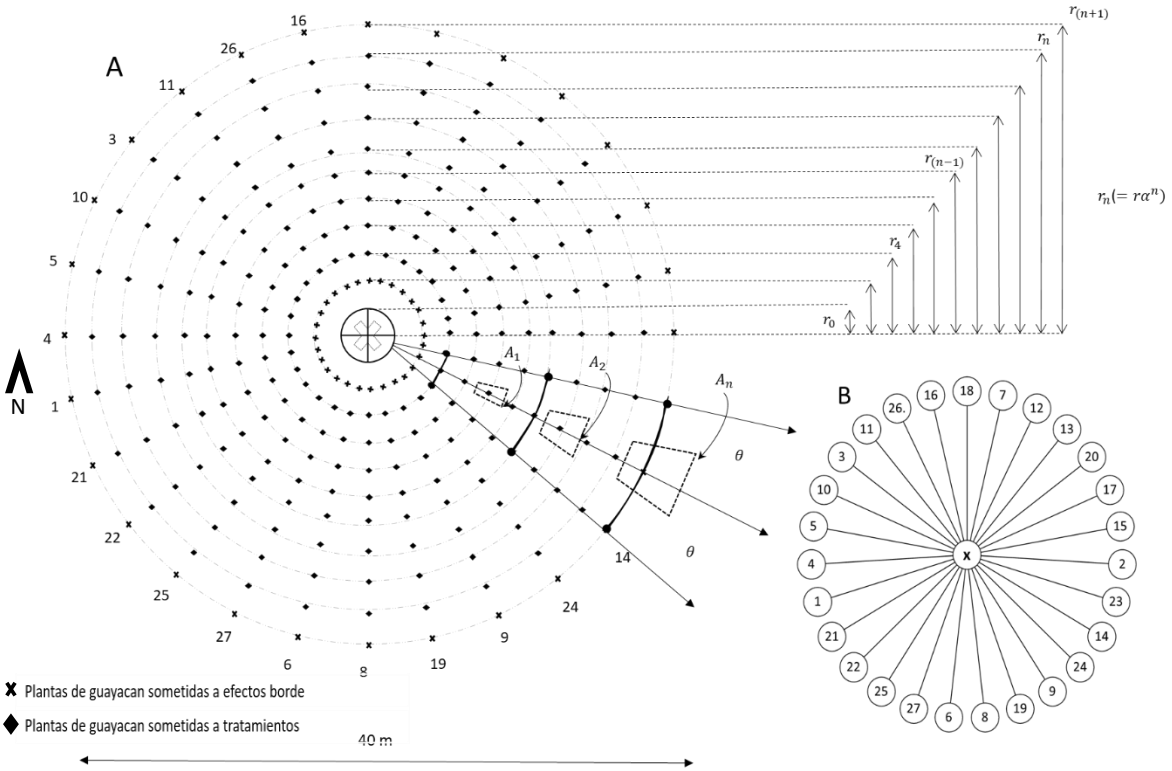
En el ensayo de *H. chrysanthus* fueron utilizadas 27 progenies, dispuestos en un sistema de 27 radios concéntricos, con una progenie por radio, distribuida de forma aleatória, en angulos (θ) de 13,33°. En cada uno de los radios las plantas de las progenies fueron dispuestas en progresión geométrica de razón (α) igual a 1,21, a partir de r_o = 5,76m. (Figura 4). Esa disposición permite el estudio de ocho espaciamientos por planta (Cuadro 4).

Las variables silviculturales: diámetro a la base (DB, mm), altura total (ALT, m) y sobrevivencia (SOB, %) fueron evaluadas a los 9 meses después de la plantación.

Cuadro 4.- Valores de distancia radial, área por planta y densidad de plantas para 10 tratamientos (espaciamientos) en el delineamiento sistemático Nelder tipo "leque".

Tratamientos	Distancia radial (m)	Área m^2/arb.	Densidad Arb. /ha
1 (B)	5,76	1,48	6756
2	6,97	2,16	4629
3	8,42	3,16	3164
4	10,20	4,64	2155
5	12,35	6,80	1470
6	14.94	9,95	1005
7	18,08	14,58	685
8	21,87	21,34	468
9	26,47	31,26	320
10 (B)	32,03	45,77	218

(B) Borde



A Valor de radio inicial (r0), radios de tratamientos (r_1 a r_n), ángulo entre radios (θ) y área asociada a cada planta (A_1 al A_n) en delineamento sistemático tipo "leque"; **B** Diagrama de distribución de las progenies en el test de progenies/procedencias.

Figura 7.- Mapa de instalación del test de progenies de *Handroanthus chrysanthus*, en delineamiento sistematico "leque".

3.3.2 Estimación de los componentes de variancia y parámetros genéticos

La estimación de los componentes de variancia y parámetros genéticos se obtuvieron por el método REML/BLUP (máxima verosimilitud restringida/mejor predicción linear no sesgado), para lo cual, se utilizó el software genético-estadístico SELEGEN-REML/BLUP (Resende, 2007). En cada una de las poblaciones las variables fueron analizadas por la metodología del modelo linear mixto (aditivo univariado) - REML/BLUP. La metodología adoptada fue del modelo 19 y 111, considerando el test de progenies de polinización abierta (asumiendo progenies de medios-hermanos), según el procedimiento propuesto por Resende (2002):

$$y = Xr + Za + Wp + e$$

dónde: "y"=vector de datos, " r"=vector de los efectos de repetición (efectos fijos) sumados a

la media general, “a”=vector de los efectos genéticos aditivos individuales (efectos aleatorios), “p”=vector de los efectos de parcelas (aleatorios), y “e”=vector de los errores o residuos (aleatorios). La estimación de los parámetros genéticos tuvo como base las siguientes expresiones:

i) Variancia genética aditiva ($\hat{\sigma}_a^2$g):

$$\hat{\sigma}_a^2 = [\hat{a}' A^{-1} \hat{a} + \hat{\sigma}_e^2 \ tr \ (A^{-1} C^{22})]/q;$$

ii) Variancia ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}_c^2$):

$$\hat{\sigma}_c^2 = [\hat{c}'\hat{c} + \hat{\sigma}_e^2 \ tr \ C^{33}]/s_1;$$

iii) Variancia residual (ambiental + no aditiva) ($\hat{\sigma}_e^2$):

$$\hat{\sigma}_e^2 = [y'y - \hat{r}'X'y - \hat{a}'Z'y - \hat{c}'W'y]/[N - r(x)];$$

iv) Variancia fenotípica individual ($\hat{\sigma}_f^2$):

$$\hat{\sigma}_f^2 = \hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_c^2 + \hat{\sigma}_e^2;$$

v) Herdabilidad individual en el sentido restricto, o sea, de los efectos aditivos:

$$\hat{h}_a^2 = \frac{\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_f^2};$$

vi) Herdabilidad de la media de progenies:

$$\hat{h}_m^2 = \frac{(1/4).\hat{\sigma}_a^2}{(1/4).\hat{\sigma}_a^2 + \frac{\hat{\sigma}_c^2}{r} + \frac{(0{,}75.\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_e^2)}{n.r}};$$

Donde; n = número de plantas por parcela; y r = número de repeticiones.

vii) Herdabilidad aditiva dentro de parcela:

$$\hat{h}_{ad}^2 = \frac{0{,}75.\hat{\sigma}_a^2}{0{,}75.\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_e^2};$$

viii) Coeficiente de variación genética aditiva individual:

$$CV_{gi}(\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_a^2}}{\hat{m}}.100;$$

Dónde: $\hat{m}$ = media general del carácter.

ix) Coeficiente de variación genotípica entre progenies:

$$CV_{gp}\,(\%) = \frac{\sqrt{0{,}25.\hat{\sigma}_a^2}}{\hat{m}}.100;$$

x) Coeficiente de variación experimental:

$$CV_e\,(\%) = \frac{\sqrt{[(0{,}75.\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_e^2)/n] + \hat{\sigma}_c^2}}{\hat{m}}.100;$$

xi) Coeficiente de variación relativa:

$$CV_r = \frac{CV_{gp}}{CV_e};$$

xii) Error de selección de progenies, asumiendo sobrevivencia completa:

$$r_{\hat{a}a} = \sqrt{\hat{h}_m^2};$$

xiii) Coeficiente de determinación de los efectos de parcela ($\hat{C}_p^2$):

$$\hat{C}_p^2 = \frac{\hat{\sigma}_c^2}{\hat{\sigma}_f^2}$$

Para el análisis conjunta, con la finalidad de verificar la significancia o no entre las procedencias, se utilizó el modelo 110 de SELEGEN, basándose en el modelo estadístico:

$$y = Xr + Za + Wp + \varepsilon$$

en que: “y” es el vector de datos; “r” es el vector de los efectos de repetición (asumidos como fijos) sumados a la média general; “a” es el vector de los efectos genéticos aditivos individuales (asumidos como aleatórios); “p” es el vector de los efectos de parcela (asumidos como aleatórios); y “ε” es el vector de errores o resíduos (aleatórios). Las letras mayúsculas representan las matrices de incidencia para los referidos efectos.

3.3.3 Variables silviculturales por espaciamiento

Los efectos de círculos fueron ajustados como efectos fijos en la columna de bloques y son referentes a los efectos de espaciamiento. En cada círculo la progenie aparece una sola vez, como si fuera parcelas de una planta. Por otro lado, los efectos de los radios (con diferente

material genético) fueron ajustados en la columna de progenies. Así, es posible una inferencia simultánea para la mejor progenie en el mejor espaciamiento.

4. RESULTADOS

4.1. Identificación y selección de árboles semilleros de *Handroanthus chrysanthus* provenientes de dos poblaciones naturales

Para la identificación y selección de los árboles semilleros es necesario considerar las características dasometricas y morfológicas de los individuos; así como también la distancia que presentan los árboles, a continuación se presentan los resultados obtenidos de estos factores:

4.1.1. Características dasometricas y morfológicas para la selección de árboles semilleros

Del total de individuos identificados con características potenciales para ser árboles semilleros 20 pertenecen al sector Jipiro Alto y 25 al sector de Virgepamba. Como se puede observar en los dos sectores, existen 18 árboles en cada población que pertenecen a la clase 1 y 2 los cuales tienen características fenotípicas sobresalientes en altura y diámetro siendo dominantes y formando parte del dosel superior (Cuadro 5).

Cuadro 5.- Clasificación de árboles de *Handroanthus chrysanthus* de las poblaciones de Jipiro Alto (JA) y Virgepamba (VP), con base en la valoración fenotípica, altura y diámetro

Población	Clase	Puntaje	Diámetro medio	Altura media	Árbol	Total
JA	1	24-28	44,25	17,29	2,6,12,17	4
	2	19 - 23	40,40	17,56	1,3,4,5,9,10,11,13,14,15,16,18,19,20	14
	3	14-19	35	15,49	7,8	2
VP	1	24-28	56,34	19	11,13,22	3
	2	19-23	50,07	17,80	1,2,3,4,5,8,9,12,16,17,18,19,21,23,25	15
	3	14-19	43,27	16,29	6,7,10,14,15,20,24	7

La altura y el diámetro medio de *Handroanthus chrysanthus* en ambas poblaciones están dentro de los intervalos de 15-19 m y 35-56 cm, respectivamente. En ambos sectores, nueve de los árboles son considerados en la clase 3 siendo catalogados como indeseables debido a que son

individuos suprimidos, enfermos y que presentan defectos en sus fustes por lo que no se los pueden considerar como árboles semilleros.

De los 45 individuos presentados en el Cuadro 5, siete pueden considerarse como semilleros (Anexo 3 y 4) de acuerdo a la valoración obtenida de sus características dasometricas y morfológicas (Cuadro 6).

Las características dasometricas de los árboles semilleros presentan en diámetro a la altura del pecho (DAP) intervalos comprendidos entre 36 – 75 cm. En altura total (HT) va desde los 16 hasta los 22,05 m no así en la variable relacionada con altura comercial (HC) donde el valor mayor es de 9 m y el menor de 4 m.

En cuanto a los parámetros morfológicos se observa que la forma del fuste para su aprovechamiento maderable se ubica en recto alcanzando una valoración de 6 en todos los individuos seleccionados (Anexo 5). En altura de bifurcación se destaca un comportamiento homogéneo para los 7 árboles cuya bifurcación se encuentra en el tercio superior.

En el diámetro de copa la evaluación muestra que los 7 individuos se comportan de manera similar con copa vigorosa puesto que el diámetro es mayor a los 10 m. Para el caso del ángulo de inserción de rama con respecto al fuste va de 30° a 60° con ponderación de 2 puntos.

Cuadro 6.- Características dasometría y morfológicas de los árboles seleccionados de *Handroanthus chrysanthus* de las poblaciones de Jipiro Alto (JA) y Virgepamba (VP), con base en la valoración fenotípica, altura y diámetro

Código	Coordenadas		DAP (cm)	HC (m)	HT (m)	*(a)*	*(b)*	*(c)*			*(d)*	*(e)*	Puntaje
	X	Y				***Forma del fuste***	***Altura de bifurcacion***	***Diámetro de copa***			***Ángulo de inserción de las ramas***	***Estado fitosanitario***	
						(R, Lt, T,Mt)	*(Nb, Bs, Bm, Bi)*	*(Cv, Cm, Cp)*			*(1,2,3)*	*(S, P, I, E)*	
JAHc002	703558	9562749	54,75	4	16,65	6	4	13	11,40	7	2	6	25
JAHc006	703772	9563074	43,61	4	16,35	6	4	12,20	8,90	7	2	6	25
JAHc012	703983	9563190	42,34	4	14,10	6	4	12,80	13,55	7	2	6	25
JAHc017	704068	9562956	36,29	5	22,05	6	4	13,10	8,	7	2	6	25
VPHc011	700118	9565873	49,02	5	22	6	4	9	13	7	2	6	25
VPHc013	700112	9565429	75	9	19	6	4	20	17	7	2	6	25
VPHc022	700232	9565869	45	4	16	6	4	11	10	7	2	6	25
Promedio			60	5	19	6	4	13	13	7	2	6	25

a) R (6): recto; Lt (4): ligeramente torcido a lo largo de la HC; T (2): torcido antes de la HC y Mt (1): Muy torcido antes y después de la HC ; **b)** Nb (6): no bifurcado; Bs (4): bifurcado en el 1/3 superior; Bm (2): bifurcado en el 1/3 medio y Bi (1): bifurcado en el 1/3 inferior; **c)** Cv (7): copa vigorosa > a 10 m; Cm (3): copa promedio entre 10 y 5 m, y Cp (1): copa pequeña < de 5 m; **d)** 60°-90° (3); 30-60° (2) y 0-3 (1); **e)** S (6): totalmente sano; P (4): presencia de plantas parásitas; I (2): atacado por insectos en hojas o tallo y E (1): enfermo

4.1.2. Distanciamiento de los árboles semilleros de *Handroanthus chrysanthus* provenientes de Jipiro Alto

En Jipiro Alto, son cuatro los individuos seleccionados como árboles semilleros los cuales presentarón en promedio: 44,25 cm de DAP; 4,25 m de HC y 17,29 m de HT (Anexo 6). Estos individuos de *H. chrysanthus* se distribuyen en rangos altitudinales que van desde 2 200 a 2 360 msnm; su distancia de dispersión va desde 241 m hasta 550 m y la topografía en donde se encuentran es irregular por lo que dos de los individuos se encuentra paralelamente a la quebrada (Figura 5).

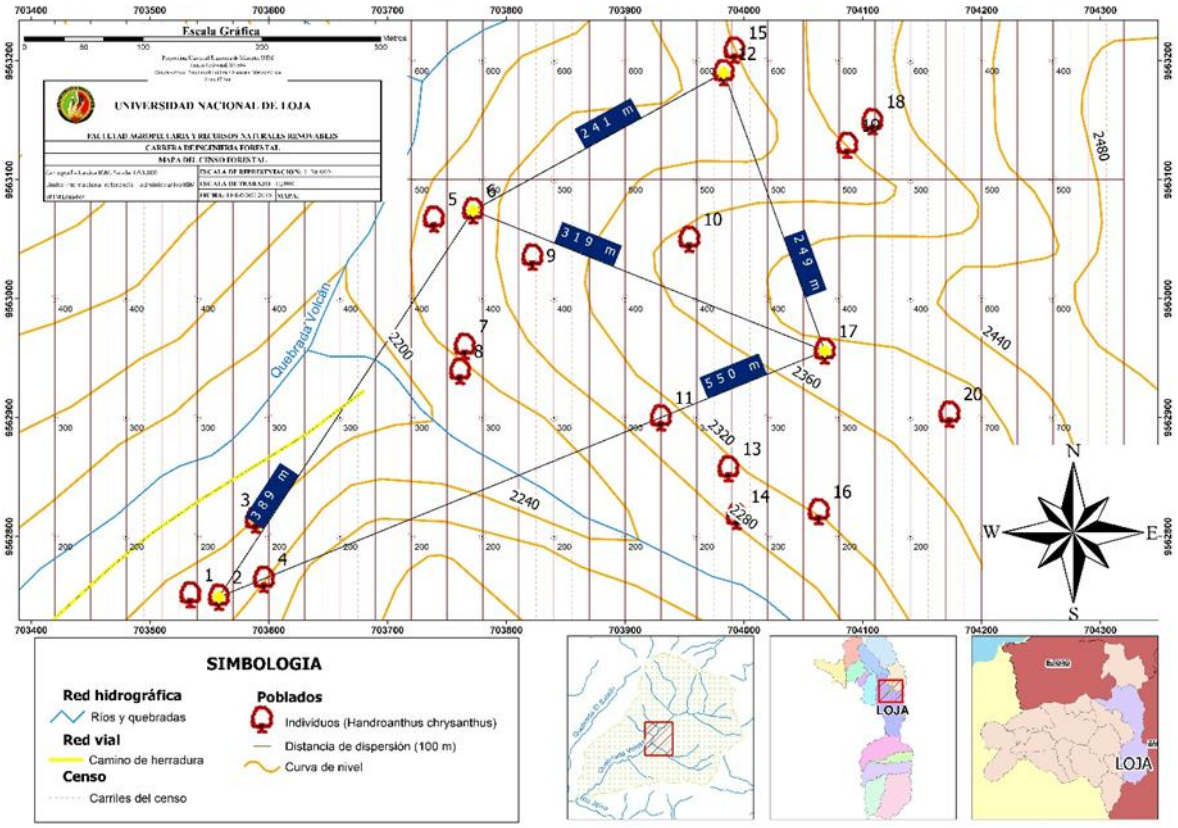


Figura 8.-Árboles seleccionados y distancias entre individuos de *Handroanthus chrysanthus* "Guayacán", provenientes de Jipiro Alto.

4.1.3. Distanciamiento de los árboles semilleros de *Handroanthus chrysanthus* provenientes de Virgepamba

En Virgepamba, son tres los individuos seleccionados como árboles semilleros los cuales presentan en promedio: 56,34 cm de DAP; 6 m de HC y 19 m de HT (Anexo 7). Distribuyéndose en rangos altitudinales que van desde 2 160 a 2 320 msnm; su distancia de dispersión va desde 114 m hasta 456 m y se encuentra dos individuos a las cercanías de la quebrada (Figura 5).

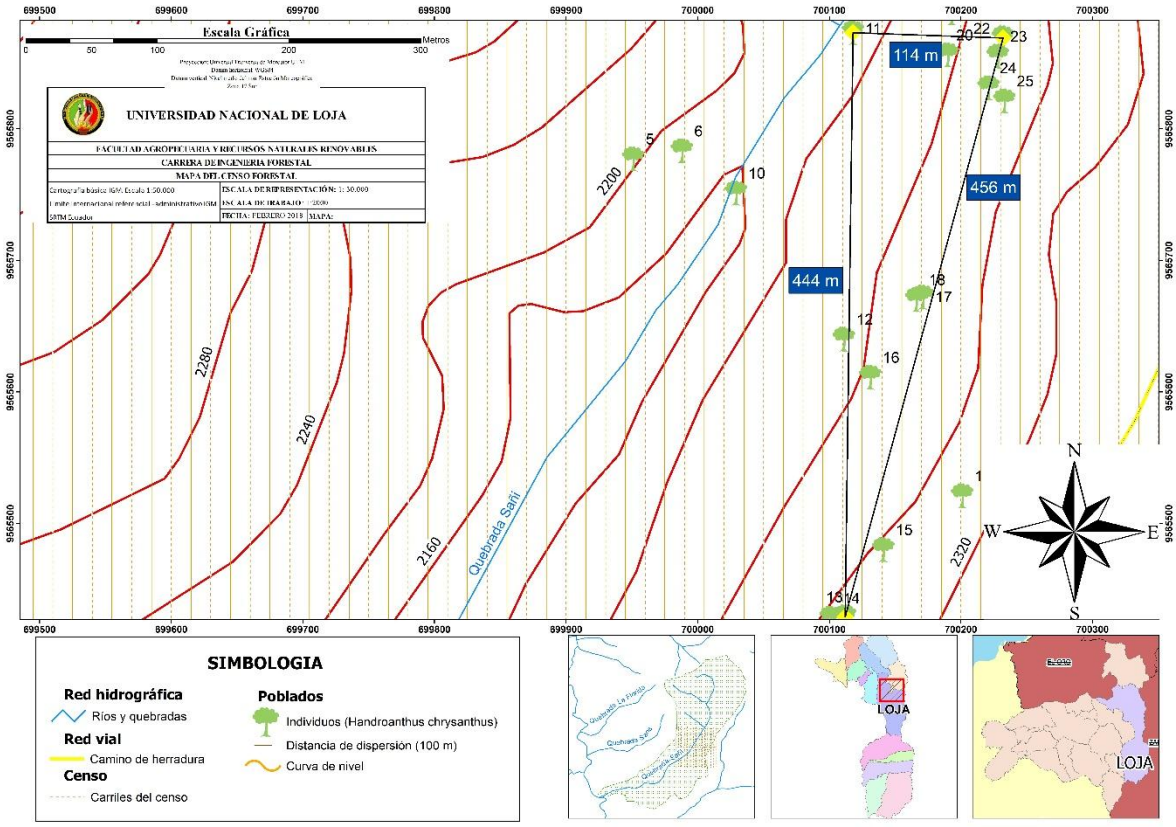


Figura 9.-Árboles seleccionados y distancias entre individuos de *Handroanthus chrysanthus* "Guayacán", provenientes de Virgenpamba.

4.2. Estimación de la variabilidad genética de progenies de *Handroanthus chrysanthus* provenientes de dos poblaciones naturales para fines de conservación.

4.2.1. Crecimiento

Las progenies registran buena adaptación a las condiciones locales del experimento durante el periodo de estudio (9 meses), es así que todos los 10 tratamientos (espaciamientos) tienen sobrevivencia del 100 %. Las tres evaluaciones realizadas en la etapa inicial de crecimiento, muestran que el tratamiento 2 (densidad de 2,16 m^2/planta, equivalente al espaciamiento de 2 x 1 m) para las dos variables evaluadas registra los mayores valores, esto puede ser debido a la competición por agua, luz y nutrientes entre las progenies (Cuadro 7).

Para la variable altura, el tratamiento 2 fue el que presentó los mejores resultados, variando de 32,12 cm (3 meses) a 49,78 cm (9 meses). Entre tanto, el tratamiento 7 registra los menores valores de crecimiento, variando de 31,53 (3 meses) a 39,56 cm (9 meses). Los valores de diámetro a la base presentan el mismo desempeño a 3 y 9 meses de altura, variando de 10,81 a 17,26 mm en el tratamiento 2 y 10,34 a 14,74 mm en el tratamiento 7.

Cuadro 7.- Valores medios de las variables silviculturales por tratamiento (espaciamiento) en un test de progenies de *Handroanthus chrysanthus*, en delineamiento sistemático nelder tipo "leque".

Tratamientos (m^2/planta)	**Edad (meses)**					
	Diámetro a la Base (mm)			**Altura (cm)**		
	3	**6**	**9**	**3**	**6**	**9**
1 (B)	10,07	11,64	19,37	31,34	37,95	56,89
2	10,81	12,04	17,26	32,12	38,76	49,78
3	10,88	12,18	16,31	32,62	36,50	42,23
4	10,74	11,99	15,87	29,88	34,59	41,16
5	10,31	11,75	15,45	30,41	34,56	40,49
6	10,41	12,14	16,41	33,33	37,69	45,03
7	10,34	11,77	14,74	31,53	36,13	39,56
8	10,38	11,69	15,39	31,49	34,89	41,53
9	10,05	11,31	15,72	31,82	36,57	41,84
10 (B)	9,84	11,31	14,43	32,72	35,39	43.93

Tratamientos (área por planta): 1= 1,48 m^2; 2= 2,16 m^2; 3= 3,16 m^2; 4= 4,64 m^2; 5= 6,80 m^2; 6= 9,95 m^2; 7=14,58 m^2; 8= 21,34 m^2; 9= 31,26 m^2; 10= 45,77 m^2.

4.2.2. Estimativa Individual de los parámetros genéticos

a) Diámetro a la base (DB)

Las progenies de Virgenpamba *H. chrysanthus* a los nueves meses de edad (Cuadro 9) sobresalen con mayor valor para DB (16,46 mm), resultado que permite inferir de que las progenies de esta procedencia tienen condiciones favorable para su crecimiento.

El coeficiente de variación experimental (CV_e) está asociado a la precisión experimental y forma de medición de las variables, así los resultados obtenidos se encuentran en la media de 22,59 %, donde sobresale la procedencia de Jipiro. En lo que se refiere al coeficiente de variación relativa (CV_r) para la variable estudiada indica valores altos, obteniendo el valor mayor en la procedencia de Virgenpamba fue de 1,0871 (Cuadro 8).

El coeficiente de variación genética aditiva individual (CV_{gi}) encontrado oscilo de 36,57 % a 47,64 %) y, para el coeficiente de variación genética entre progenies (CV_{gp}) fueron obtenidas estimativas de 18,28 % y 23,82 %, en ambos casos el mayor valor para la procedencia de Virgenpamba.

La herdabilidad es una razón entre variancias, no es un valor fijo, variando de acuerdo con la variable, especie, edad y condiciones ambientales; tiene como función expresar la confianza del valor fenotípico como una guía para el valor genético o el grado de correspondencia entre el valor fenotípico y el valor genético. La heredabilidad para el diámetro a la base en nivel de media de progenies ($\hat{h}^2_m$) presenta valores superiores en el nivel de plantas individuales ($\hat{h}^2_a$) y dentro de parcela ($\hat{h}^2_{ad}$) en las dos procedencias (Cuadro 8).

La exactitud ($r_{\hat{a}a}$) registró valores de 0,91 y 0,95 para Jipiro y Virgenpamba, respectivamente. Así también, el efecto de progenies fue significativo al 1 % según el test del cociente de verosimilitud (LRT) para las dos procedencias, indicando la existencia de variación genética entre familias dentro de cada procedencia.

Cuadro 8.- Estimativas de parámetros estadísticos y genéticos para diámetro a la base (DB) en un test de progenies/procedencia de *Handroanthus chrysanthus*, a los nueve meses de edad.

Estimativas	Jipiro	Virgenpamba
$\hat{\sigma}_a^2$ g	7,8958	15,3787
$\hat{\sigma}_e^2$	12,7793	13,0130
$\hat{\sigma}_f^2$	20,6752	28,3917
$\hat{h}_a^2$	0,78±0,34	0,80±0,30
$\hat{h}_{ad}^2$	0,6431	0,5545
$\hat{h}_m^2$	0,8317	0,9043
$r_{\hat{a}a}$ **(%)**	0,9120	0,9509
CV_{gi} **(%)**	36,5718	47,6481
CV_{gp} **(%)**	18,2859	23,8240
CV_r	0,7860	1,0871
CV_e **(%)**	23,2630	21,9150
$\hat{m}$	15,3669	16,4606
LRT (x^2)	26,86**	46,73**

**significativo a 1%, con 1 grado de libertad; $\hat{\sigma}_a^2$ variancia genética aditiva; $\hat{\sigma}_e^2$ variancia residual (ambiental + no aditiva); $\hat{\sigma}_f^2$ variancia fenotípica individual; $\hat{h}_a^2$: herdabilidad individual en el sentido restricto; $\hat{h}_m^2$: herdabilidad de la media de progenies; $\hat{h}_a^2$: herdabilidad aditiva dentro de parcela; $r_{\hat{a}a}$: exactitud; CV_{gi} : coeficiente de variación genética aditiva individual; CV_{gp} coeficiente de variación genotípica entre progenies; CV_e coeficiente de variación experimental; CV_r coeficiente de variación relativa; $\hat{m}$ - media general; LRT - Test del cociente de verosimilitud.

b) Altura

Los valores medios para Altura fueron: 40,88 cm y 44,77 cm para Jipiro y Virgenpamba, mostrando crecimiento y adaptación local del experimento. El análisis de desviancia (LRT) detecta diferencias significativas al 1 % de probabilidad entre y dentro de las progenies en las dos procedencias (Cuadro 9). Las diferencias significativas sugieren que la población presenta variabilidad genética, por lo que el muestreo en las poblaciones naturales retuvo variación natural en el test de progenies/procedencias (conservación *ex situ*), y que puede ser aprovechada a largo tiempo para fines de conservación o mejoramiento genético.

El control de la variación experimental y dentro de parcelas fue eficiente en el ensayo, esto puede ser confirmado en los coeficientes de variación experimental, variación relativa y de parcela (Cuadro 9). Las estimativas de coeficiente de herdabilidad en nivel de media de

progenies ($\hat{h}_m^2$) variaron de 0,84 a 0,92, lo que muestra control genético en las variables estudiadas en las dos procedencias. La precisión experimental (CV_e) oscila de 22,20 a 26,75 % (Cuadro 9), valores que son considerados intermedios, y esta tendencia de aumento continuara en función de la edad del experimento, evidenciando que los efectos en función de los diferentes tratamientos (espaciamientos) entre las parcelas y progenies están en pleno desarrollo vegetativo. En lo que se refiere al coeficiente de variación genética aditiva individual (CV_{gi}) mostró la existencia de variabilidad genética (44, 05 a 54, 84 %) y además la probabilidad de encontrar individuos superiores dentro de cada progenie para Altura en las dos procedencias. La herdabilidad en el sentido restricto ($\hat{h}_a^2$) cuantifica la importancia relativa de la proporción aditiva de la variancia genética que puede ser transmitida para la próxima generación, así Virgenpamba tiene el mayor valor (0,89). La exactitud presenta resultados de 91,88 y 96,14 % considerados como alta, y por tanto precisión y control de las causas de variación ambiental.

Cuadro 9.- Estimativas de parámetros estadísticos y genéticos para Altura (ALT cm) en un test de progenies/procedencias de *Handroanthus chrysanthus*, a los nueve meses de edad.

Estimativas	Jipiro	Virgempamba
$\hat{\sigma}_a^2$ g	81,1078	150,7257
$\hat{\sigma}_e^2$	119,6384	98,8424
$\hat{\sigma}_f^2$	200,7463	249,5681
$\hat{h}_a^2$	0,77±0,32	0,89±0,32
$\hat{h}_{ad}^2$	0,6118	0,7155
$\hat{h}_m^2$	0,8443	0,9242
$r_{\hat{a}a}$ **(%)**	91,88	96,14
CV_{gi} **(%)**	44,0556	54,8448
CV_{gp} **(%)**	22,0278	27,4224
CV_r	0,8234	1,2348
CV_e **(%)**	26,7530	22,2065
$\hat{m}$	40,8849	44,7702
LRT (x^2)	29,65**	57,95**

**significativo a 1%, con 1 grado de libertad; $\hat{\sigma}_a^2$ variancia genética aditiva; $\hat{\sigma}_e^2$ variancia residual (ambiental + no aditiva); $\hat{\sigma}_f^2$ variancia fenotípica individual; $\hat{h}_a^2$: herdabilidad individual en el sentido restricto; $\hat{h}_m^2$: herdabilidad de la media de progenies; $\hat{h}_a^2$: herdabilidad aditiva dentro de parcela; $r_{\hat{a}a}$: exactitud; CV_{gi} : coeficiente de variación genética aditiva individual; CV_{gp} coeficiente de variación genotípica entre progenies; CV_e coeficiente de variación experimental; CV_r coeficiente de variación relativa; $\hat{m}$ - media general; LRT - Test del cociente de verosimilitud.

c) Estimativa Conjunta de los parámetros genéticos

La significancia de los efectos genéticos y de los efectos de la interacción de las procedencias fue evaluada por medio del test del cociente de verosimilitud (LRT) (Cuadro 10). El análisis LRT para los efectos de procedencias no fue significativo, al contrario del efecto de progenie que fue significativo a 2.5 %, con 0,5 grados de libertad para las variables altura total (ALT cm) y diámetro a la base (DB mm). El LRT muestra diferencias genéticas entre progenies, por tanto permite la posibilidad de obtener ganos con selección al aprovechar la variabilidad genética existente dentro de cada procedencia.

Cuadro 10.-Análisis del cociente de verosimilitud (LRT) para caracteres de crecimiento en un test de progenies/procedencias de *Handroanthus chrysanthus* a los 6 meses.

Efectos	Caracteres	
	DB	**ALT**
Progenies	39,21**	37,93**
Procedencias	0,01ns	1,16ns

Valores tabulados de chi-quadrado: 6,63 (*significativo a 1% con 1 grado de libertad); *ns:* no significativo.

La variancia ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}^2_{par}$) muestra valores bajos (0,0362 para DB y 4,3147 para ALT), mostrando que el ambiente no está influenciando a la estimación de los parámetros genéticos de las dos variables. En lo que se refiere a las estimativas de los parámetros genéticos (Cuadro 11), es deseado que haya poca influencia ambiental en la variación dentro de los tratamientos, para lo cual valores iguales o inferiores a 0,10 en el coeficiente de determinación de los efectos de parcela ($\hat{C}^2_p$) son ideales. En las variables evaluadas se registraron valores de 0,0015 a 0,0187, que son menores al citado, esto indica que la distribución de los tratamientos (espaciamientos) en el experimento no tuvo interferencias (mortalidad) para los análisis genéticos.

Las herdabilidades muestran bajan estimativas ($\hat{h}^2 < 0{,}50$), lo que establece bajo control genético en las variables evaluadas a esta edad, sin embargo la heredabilidad en nivel de media de progenies ($\hat{h}^2_m$) (Cuadro 11) muestran valores más altos que en nivel de plantas individuales ($\hat{h}^2_a$) y dentro de parcela ($\hat{h}^2_{ad}$). En términos generales altas $\hat{h}^2_m$ posibilitan el

mejoramiento genético por medio de la selección de las mejores progenies y en relación a conservación, indican que estas dos poblaciones tienen potencial evolutivo para responder a cambios ambientales. La estimación de exactitud ($r_{\hat{a}a}$) permite conocer la relación entre el valor genético verdadero y el estimado. En el presente estudio los valores obtenidos para las dos variables analizadas (DB 0,6549 y ALT 0,6522) están dentro de la magnitud intermediaria (0,25 a 0,75).

Cuadro 11.- Estimativa conjunta de parámetros genéticos y componentes de variancia en un test de progenies/procedencia de *Handroanthus chrysanthus*, a los nueve meses de edad.

Estimativas	**Conjunta (0,65)**	
	DB (mm)	**ALT (cm)**
$\hat{\sigma}^2_a$ **g**	6,6047	62,1834
$\hat{\sigma}^2_{par}$	0,0362	4,3147
$\hat{\sigma}^2_e$	17,5513	163,6526
$\hat{\sigma}^2_f$	24,1921	230,1508
$\hat{h}^2_a$	0,40±0,15	0,39±0,15
$\hat{C}^2_p$	0,0015	0,0187
$\hat{h}^2_m$	0,4290	0,4254
$r_{\hat{a}a}$	0,6549	0,6522
$\hat{h}^2_{ad}$	0,1765	0,1782
$\hat{m}$	16,00	43,1983

Variancia genética entre familias ($\hat{\sigma}^2_a$ g), variancia ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}^2_{par}$), variancia residual ($\hat{\sigma}^2_e$), variancia fenotípica individual ($\hat{\sigma}^2_f$), heredabilidad individual en el sentido restricto ($\hat{h}^2_a$);coeficiente de determinación de los efectos de parcela ($\hat{C}^2_p$); heredabilidad de la media de progenies asumiendo sobrevivencia completa ($\hat{h}^2_m$); exactitud asumiendo sobrevivencia completa ($r_{\hat{a}a}$); herdabilidad aditiva dentro de parcela ($\hat{h}^2_{ad}$); media ($\hat{m}$).

5. DISCUSION

5.1. Identificación y selección de árboles semilleros

En los sectores de Jipiro Alto y Virgenpamba localizados en la cuenca se lograron identificar un total de 45 individuos de la especie; mediante la evaluación de caracteres cuantitativos como DAP (cm), HC (m), HT (m) y características fenotípicas, se identificaron 7 árboles, para ser considerados como árboles excelentes (categoría 1).

Es pertinente señalar que la base fundamental de la evolución de las especies arbóreas forestales es a través de la variedad genética la cual es obtenida por las fuentes semilleras (FAO, 2006), por lo tanto la identificación y selección de árboles semilleros es el paso primordial para obtención de plantaciones con altos rendimientos tanto en calidad como en resistencia a factores adversos (Sotolonga *et al.*, 2010). Donde la selección de árboles semilleros utiliza los caracteres cuantitativos y cualitativos de alta heredabilidad, asegurando la ganancia fenotípica del material de propagación. A pesar de ello, no se puede establecer con precisión los niveles de ganancia genética, que debe ser una operación cuya responsabilidad recaiga en ensayos y pruebas de validación genética posteriores (Aguirre y Fassbender, 2012). Por lo tanto la división de árboles semilleros en clases o grupos, según sus características fenotípicas, permite que los futuros tomadores de decisiones puedan determinar la proveniencia de las semillas según los fines forestales que se les atribuyan.

Es necesario considerar que plantaciones forestales con especies nativas de *Handroanthus chrysanthus* (Guayacan) en la RSE, para efecto de la implementación de un programa de conservación y mejoramiento genético son inexistentes. No obstante, aún restan relictos boscosos en la cuenca superior del Río Zamora en la Hoya de Loja, y al igual que otras especies nativas confronta diversos problemas que comprometen su supervivencia y diversidad genética (Vargas *et al.*, 2004; FAO *et al.*, 2007a; Grijalva *et al.*, 2012).

De este total de *Handroanthus chrysanthus* identificados 20 individuos se encuentran en Jipiro Alto en la parte media de la microcuenca, donde el 70 % pertenece a la clase 2 (árboles buenos), el 10 % pertenecen a la clase 3 (árboles indeseables) y el 20 % a la clase 1 (árboles excelentes) representados por cuatro árboles (JAHc002, JAHc006, JAHc012 y JAHc017) y 25 individuos se ubican en Virgepamba, en este caso el 60 % pertenece a la clase 2 (árboles buenos), el 28 % pertenecen a la clase 3 (árboles indeseables) y el 20 % a la clase 1 (árboles

excelentes) los cuales están constituidos por tres árboles (VPHc011, VOHc013 y VPHc022), lo cual se asemeja a lo dispuesto en Maldonado (2015) en donde menciona que los especímenes de *Lafoensia acuminata, Cedrelinga cateniformis, Vitex cymosa, Clarisia racemosa* y *Terminalia amazonia* que se identificaron, evaluaron y clasificaron en este estudio presentaron un 68 % de árboles buenos, mientras el 15 % son excelentes y un 17 % constan como árboles indeseables, por presentar estas características fenotípicas excelentes los hace vulnerables para el aprovechamiento. En el estudio Espitia *et. al.* (2011) en Colombia señala que de los 46 árboles seleccionados de *Tectona grandis* (Teca), 18 (39 %) fueron clasificados como plus A y los 28 (61 %) restantes como plus B, al seleccionar y clonar los mejores se esperan ganancias genéticas de 5,52 %; 17,50 %; 41,71 % y 9,59 %, para el diámetro, altura, volumen y calidad del fuste, respectivamente. En la investigación de Espitia *et. al.,* (2016) de los 57 árboles seleccionados 61 % (35 árboles) fueron clasificados como plus A los cuales superaron a sus mejores vecinos en los criterios de volumen y calidad, mientras que el 39 % (22 árboles) superaron en volumen o calidad (árboles plus B). Los individuos clasificados como plus A si se clonaran obtendrían una ganancia genética de 5, 15, 36 y 34 % para el diámetro, altura comercial, volumen comercial y calidad de fuste, respectivamente.

Del 100 % (45 individuos) de los árboles identificados el 44,44 % (20 árboles) pertenecen a Jipiro Alto y el 55, 55 % (25 árboles) a Virgepamba de estos sectores 7 individuos son semilleros debido a que se encuentran en la clase uno por sus excelentes características fenotípicas, pueden ser tomados en cuenta para la recolección de semillas que vayan a ser utilizadas en planes o proyectos de mejoramiento genético o si es el caso para proyectos de plantaciones forestales con fines de comercialización; mientras que los árboles que se encuentran en clase dos, sin menospreciar sus atributos, su semillas pueden ser utilizadas para planes o proyectos con fines de recuperación de la cubierta vegetal, cercas vivas entre otras (Salán, 2011).

Dentro de los parámetros dasometricos los individuos de *Handroanthus chrysanthus* (Jipiro Alto y Virgepamba) seleccionados como árboles semilleros presentan en promedio: 60 cm de DAP; 5 m de HC y 19 m de HT y se distribuyen en rangos altitudinales que van desde 2 200 a 2 360 msnm (Jipiro Alto) y 2 160 a 2 320 msnm (Virgepamba). En el estudio de Tomalá y Patricio (2018) se seleccionaron e identificaron árboles con características dasometricas y morfológicas de las especies forestales *Cordia* alliodora (laurel blanco)

(19,41-22,28 cm y 12-18 m), *Cordia megalantha* (laurel negro) (16-22,96 cm y 14-20 m), *Switenia macrophylla* (caoba) (18,46-30,5 cm y 10-15 m), *Cedrela odorata* (cedro) (22,91-49,97 cm y 12-13 m) y *Gmelina arbórea* (melina) (23-38,19 cm y 16-19 m) en las comunidades de Olón, Dos Mangas y Salanguillo.

De acuerdo a Vallejos *et al.* (2010), señalan que para validar la superioridad fenotípica del árbol elegido, es necesario analizar dos criterios fundamentales: los caracteres vinculados a la calidad del árbol y los asociados al volumen. El volumen constituye la correlación diámetro y altura comercial, mientras que la calidad del árbol integra todas las otras variables cualitativas: forma del fuste, altura de bifurcación, ángulo de inserción de ramas, diámetro de copa y estado fitosanitario.

En cuanto a su distribución los individuos de *Handroanthus chrysanthus* mostraron un tipo de orden uniforme, debido a que presentaron un rango de distribución de 2 200 a 2 360 msnm para el primer sector y de 2 100 a 2 330 para el segundo, lo cual difiere por Aguirre (2012b) donde reporta una rango de 0-2 000 msnm. Este tipo de distribución puede responder a intervenciones antrópicas como talas selectivas, ampliación de la frontera agrícola además de las preferencias de hábitat de la especie.

5.2. Estimación de la variabilidad genética de progenies de *Handroanthus chrysanthus* provenientes de dos poblaciones naturales para fines de conservación.

5.2.1. Crecimiento

Los resultados de sobrevivencia (100 %) son semejantes a los por obtenidos por Díaz y Rivera (2007) quienes a los 12 meses registraron para *Tabebuia chrysanthus* el comportamiento inicial de especies forestales plantadas en diferentes estadios de sucesión. Aguirre *et al.*, (2006) a los 12 meses obtiene valores semejantes y destacan que *T. chrysanthus* no tiene preferencia para cobertura de luz (bajo dosel o en claros).

En cuanto al crecimiento los mayores valores para altura y diámetro a la base se registraron en el tratamiento 2 (2,16 m^2). Aguirre *et al*. (2006) registran valores similares al presente estudio a los 12 meses de edad, en claros de plantación y bajo dosel con espaciamiento de 1 m^2, destacando la factibilidad de la especie para emprender programas de conversión de

plantaciones forestales de especies exóticas con visión de rehabilitación, así como orienta a implementar estudios sobre densidad de plantación, cobertura de luz, suelos, etc. Mores *et al.* (2013) y Teodoro *et al*. (2018) consideran que los valores obtenidos son inversamente proporcional al área útil disponible para cada planta (espaciamientos de plantío), lo cual es justificado por la competición por luz, y orientan la posibilidad de relacionar esta condición con valores de área de copa entre los tratamientos.

En otra investigación, pero en espaciamiento de 3 x 3 m (9 m^2) con la misma especie, obtienen valores inferiores al presente estudio, así a los 12 meses las plantas tenían una altura media de 28,80 cm y un diámetro a la base de 13,2 mm y, a los 24 meses presentaron 45,02 cm 19,3 mm de altura y diámetro a la base media, respectivamente (Díaz y Rivera, 2007), esta diferencia podría inferir un primer paso de la consecuencia de colectar semillas de diferentes árboles, a pesar que aún no tienen grado de mejoramiento y no se consideró condiciones ambientales (suelo, clima, procedencias, etc.) entre los sitios de estudio.

5.2.2. Estimativa Individual de los parámetros genéticos

Según Sebben (1999) las estimativas de los parámetros genéticos sirven como indicativo del potencial genético del material para la conservación y mejoramiento. Siendo así al ensayar la significancia del test, el efecto de progenie presento resultados significativos, mostrando la variabilidad genética. Rocha *et al*. (2008) manifiestan que esta variabilidade puede ser explorada para el desarrollo de materiales genéticos superiores.

El coeficiente de variación experimental (CV_e) obtenido según Vencovsky y Barriga (1992) es considerado alto (20 – 30 %), por tanto indica condiciones experimentales adecuadas, bajo control ambiental y buena precisión en la estimación de los parámetros genéticos. Souza (2016) explica que puede ser por causa del delineamiento experimental utilizado de una planta por parcela. Los resultados del coeficiente de variación relativa (CV_r) indican que la Altura es la variable indicada para la selección en las dos procedencias.

El coeficiente de variación genética individual (CV_{gi}) expresa el porcentaje de la media general la cantidad de variación genética existente y según Sebbenn *et al.* (1998) coeficientes superiores a 7 % son considerados altos. En base a este parámetro los valores obtenidos son

altos, por lo tanto, la procedencia de Virgenpamba tendría la mayor posibilidad de gano en la selección de individuos dentro de las progenies para esta variable. Costa *et al*. (2007) al evaluar *Tabebuia chrysotricha*, a los 4 meses de edad obtuvieron 16,13 y 61,07 % para DB y altura respectivamente, valor inferiores para DB y superiores para Altura registrados en el presente estudio. Las estimativas de variación genética además de ser importante para el mejoramiento genético, indican si el material conservado *ex situ* retuvo parte substancial de la variación genética de las poblaciones de origen cuanto a las variable evaluada (Sebbenn *et al*., 2009a).

Resende (2002) clasifica los valores de herdabilidad <0,15 como bajo, de 0,15 a 0,50 intermediarios, y ≥0,50 alta. En este contexto los resultados del coeficiente de heredabilidad individual ($\hat{h}_a^2$) y nivel de media de progenies ($\hat{h}_m^2$) según la clasificación es alta ($\hat{h}^2 > 0{,}50$), por tanto revelando control genético en nivel de media de progenies. En términos generales, alta herdabilidad en nivel de media de progenies, posibilita el mejoramiento genético vía selección. En términos de conservación, las herdabilidades indican que las dos procedencias tienen potencial evolutivo para responder a cambios climáticos. En relación a las encontradas en la literatura se registran valores similares en *Tabebuia chrysotricha*, donde a los 4 meses de edad oscila entre 0,26 a 0,49 (DB) y, 0.92 a 0,84 (ALT) para heredabilidad individual ($\hat{h}_a^2$) y en nivel de media de progenies, respectivamente (Costa *et al.* 2007). Falconer (1987) manifiesta que la heredabilidad es una propiedad no solo de la variable, sino también de la población/procedencia y de las circunstancias del ambiente a los cuales los individuos están expuestos.

La exactitud, que representa la relación entre el valor genético verdadero y el estimado o el grado de confiabilidad de los resultados, en el presente estudio, las dos procedencias registraron valores altos según la clasificación de Resende (2002) y, por tanto reconocen alta precisión en el acceso a variación genética a partir de la variación fenotípica observada en la variable. Los resultados obtenidos para estas dos procedencias de *H. chrysanthus* son mayores a lo observado por (Costa *et al.* 2007) con valor de 0,70.

5.2.3. Estimativa Conjunta de los parámetros genéticos

Los resultados obtenidos en las variancias del análisis conjunta, indican que el modelo utilizado para el análisis (Evaluación en un local, bloques al azar, progenies de dos poblaciones, una planta por parcela) es adecuado, teniendo en consideración que el sistema de reproducción de las familias (progenies) no es de medios hermanos, por tanto se utilizó la taza de autofecundación de 0,65.

El sistema de reproducción de la especie es importante porque, determina la estructura genética de la población descendente, que es caracterizada por el número y frecuéncia de alelos de cada subpoblación, siendo posible inferir el grado aislamiento genético entre las subpoblaciones. El *Handroanthus chrysanthus* (Guayacan) tiene flores hermafroditas, alógama (polinización cruzada), polinizada por murciélagos y abejas, y la dispersión de sus semillas se da por el viento (anemocorica).

6. CONCLUSIONES

- Los relictos boscosos que se encuentra en los sectores de Jipiro Alto y Virgepamba pertenecientes a la Cuenca Superior del Rio Zamora "Hoya de Loja" presenta individuos con características potenciales para ser árboles semilleros de las poblaciones naturales de *Handroanthus chrysanthus* existentes que pueden ser considerados en estrategias de conservación *ex situ* y mejoramiento genético de la especie.
- Las características dasometricas y morfológicas para la identificación y selección de árboles semilleros de las poblaciones naturales de *Handroanthus chrysanthus* son fundamentales en éxito de las estrategias de conservación ex situ y en los programas de mejoramiento genético de la especie.
- Las progenies de *Handroanthus chrysanthus* se han adaptado a las condiciones locales del experimento y presentan variabilidad genética dentro y entre progenies en las dos procedencias, con fines de conservación *ex situ* y programas de mejoramiento genético.
- Las diferencias significativas del experimento sugieren que la población presenta variabilidad genética, por lo que el muestreo en las poblaciones naturales retuvo variación natural en el test de progenies/procedencias (conservación *ex situ*), y que puede ser aprovechada a largo tiempo para fines de conservación o mejoramiento genético.
- El crecimiento inicial de la especie en el espaciamiento de 1 x 2 m en el ensayo de progenies/procedencias en la Estación Experimental "La Argelia" perteneciente a la Universidad Nacional de Loja, proporciona los mejores valores en altura y diámetro, por lo que se debería continuar con el monitoreo del experimento para ser aprovechada la información para el uso a largo plazo para fines de conservación o mejoramiento genético.

7. RECOMENDACIONES

- Es pertinente continuar con proyectos investigativos, que permitan conocer la ecología y la fenología de la especie de *Handroanthus chrysanthus*, con el propósito de aprovechar los recursos forestales existentes en los sectores de Jipiro Alto y Virgepamba.
- Efectuar monitoreos al ensayo de progenies/procedencias (diseño tipo Nelder) establecido en la Estación Experimental "La Argelia" perteneciente a la Universidad Nacional de Loja con el propósito de conocer el cumplimiento del objetivo para el cual está diseñado.
- Es necesario que se incluyan las variables climáticas dentro de los estudios genéticos en respuesta a la adaptabilidad de la especie de *Handroanthus chrysanthus* a los cambios climáticos.

8. BIBLIOGRAFIA

Aguiar, A. (2004). *Emprego de parâmetros moleculares e quantitativos na conservação e melhoramento de Eugenia dysenterica DC* [Empleo de parámetros moleculares y cuantitativos en la conservación y mejoramiento de *Eugenia dysenterica* DC.]. Tesis Doctoral en Agronomia. Universidade Federal de Goiás. Goiânia, Brasil. 155 pp.

Aguirre, C. y Fassbender, D. (2012). Consideraciones básicas para la selección y manejo de árboles semilleros. En: *Boletín de divulgación técnica* (p 1-8). República Federal de Alemania.

Aguirre, N., Günter, S., Weber, M. y Stimm, B. (2006). Enriquecimiento de plantaciones de *Pinus patula* con especies nativas en el Sur del Ecuador. *Lyona*, *10*(1), 33-45.

Aguirre, Z. (2012). *Especies forestales de los bosques secos del Ecuador, Guia dendrológica para su identificación y caracterización, Proyecto Manejo Forestal Sostenible ante el Cambio.* MAE/FAO - Filandia, Quito, Ecuador. 130 p.

Aguirre, Z. (2015). *Biodiversidad ecuatoriana estrategias, herramientas e instrumentos para su manejo y conservación.* (1.er ed).Universidad Nacional de Loja. Loja, Ecuador. 133 p.

Aguirre, Z., Loja, Á., Solano, C. y Aguirre, N. (2015). *Especies Forestales más aprovechadas del Sur del Ecuador.* (1.er ed.). Universidad Nacional de Loja. EdiLoja. Loja, Ecuador. 125 pp.

Ammour, T. (2012). *Producción de madera en sistemas agroforestales de Centroamérica.*Turrialba, Costa Rica. 244 p. Recuperado de http://repositorio.bibliotecaorton.catie.ac.cr/bitstream/handle/11554/3512/Produccion_de_madera_en_sistemas_agroforestales.pdf?sequence=2&isAllowed=y

Augsburger, C. K. (1986). Morphology and dispersal potentia of wind-dispersed diaspores of neotropical trees [Morfología y potencial de dispersión de las diásporas de árboles neotropicales dispersados por el viento]. *American Journal of Botany*, *73*(3), 353-363. doi: https://www.jstor.org/stable/2444078

Barbadilla, A. (2009). *Recursos del curso de Genética, Curso de Genética.* Recuperado de http://bioinformatica.uab.es/base/base3.asp?sitio=cursogenetica&anar=concep&item=genfen (Consultado 8 de Marzo, 2018).

Botero, R. y Russo, R. (1998). Utilización de árboles y arbustos fijadores de nitrógeno en sistemas sostenibles de producción animal en suelos ácidos tropicales. En Rosales, M. y Sánchez, M. (Eds), *Agroforestería para la producción animal en Latinoamérica* [conferencia electronica] (p. 171-192). San José de Costa Rica: Food and Agriculture Organization (FAO).

Camarena F., Chura, J. y Blas, R. (2014). *Mejoramiento genético y biotecnológico de plantas*. Colección Agrosaber Del Banco Agropecuari*o*. Lima-Perú: Imprenta Vannia SAC UNALM. 278 p

Cantos, G y Víctores, M. (2011). Proyecto de Mejoramiento genético de *Ochroma pyramidale* (cav. Ex lamb.) Urban, *Cordia alliodora* (ruiz & pav.) oken para el fomento de plantaciones en la zona sur de Manabí. Manabí, Ecuador. En *VI Simposio Internacional Sobre Manejo Sostenible de Recursos Forestales.* Pinar del Río-Cuba: Universidad de Pinar del Río "Hermanos Saíz Montes de Oca" (UPR). Recuperado de http://169.158.228.3/pub_doc/FORESTALES/FAO/VI%20Simposio%20Internacional%20Sobre%20Manejo%20Sostenible%20de%20Recursos%20Forestales/PROYECTO%20DE%20MEJORAMIENTO%20GEN%C3%89TICO%20DE%20%20Ochroma%20pyramidale.pdf (Consultado 15 julio, 2018).

Carneiro J., Lopes, P., Torres, R. y Euclydes, R. (2004). Avaliação de métodos de estimação de componentes de variância utilizando dados simulados [Evaluación de métodos de estimación de componentes de varianza utilizando datos simulados]. *Revista Brasileira de Zootecnia*, *33*(2), 328-336. Recuperado de http://www.scielo.br/pdf/%0D/rbz/v33n2/21244.pdf

CINFA (Centro Integral de Geomática Ambiental) (2008). Área Agropecuaria y de Recursos Naturales Renovables. Universidad Nacional de Loja

CONABIO (Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad Mexicana) (2009). *Variabilidad genética.* Recuperado de http://www.biodiversidad.gob.mx/genes/vargenetica.html. (Consultado 8 de marzo, 2018).

Cornelius J., Mesén, J. y Corea, E. (1994). *Manual sobre mejoramiento genetico forestal con referencia especial a America Central.* Turrialba-Costa Rica: Centro Agronómico Tropical de Investigacion y Enseñanza (CATIE). 221 p.

Costa, R., Roa, A., Xavier, T. y Flores, H. (2007). Desenvolvimento inicial de progênies de ipê amarelo (*Tabebuia chrysotricha* (Mart. ex A. DC.) Standl.) no município de Campo Grande, MS, Brasil [El desarrollo inicial de progenies de ipê amarelo (*Tabebuia chrysotricha* (Mart. ex A. DC.) Standl.) en el municipio de Campo Grande, MS, Brasil]. *Ensaios e Ciência, 11*(2), 39-45.

Cruz, C. y Souza, P. (2006). *Modelos biométricos aplicados ao melhoramiento genético.* [Modelos biométricos aplicados al mejoramiento genético]. Viçosa-Brasil: Universidad Federal de Viçosa. 584 p

Delgadillo, J. (2000). *Contribuciones a la investigación regional en el Estado de Morelos.* Cuernavaca-Mexico: CRIM-UNAM. 457 p.

Diéguez, U., Alboreca, A., Castedo, F., González, J., Barrio-Anta, M., Crecente-Campo, F. y López-Sánchez, C. (2009). *Herramientas selvícolas para la gestión forestal sostenible en Galicia*. Santiago de Compostela-España: Tórculo Artes Gráficas, S.A. 259 p.

Díaz, M. y Rivera, A. (2007). *Evaluación del comportamiento inicial de especies forestales plantadas en diferentes Estadíos de sucesión en la Estación Científica "San Francisco" Zamora Chinchipe.* Tesis de pregrado previa a la obtención del título de Ingeniero Forestal. Universidad Nacional de Loja, Loja- Ecuador. 158 p.

ENDESA-BOTROSA (Enchapes Decorativos S. A. - Bosque Tropicales S.A.) (2011). *Medio Ambiente: Certificación Forestal, Manejo Forestal Sostenible.* Recuperado de http://www.endesabotrosa.com/pages/5_5_rio_pitzara.html (Consultado 15 julio, 2018).

Escudero, J. (2011). *Varianza fenotípica: componentes geenetico y ambiental.* Recuperado de https://www.uam.es/personal_pdi/ciencias/joaquina/BOXES-POP/varianza_fenotipica_genetica.htm (Consultado 8 de marzo, 2018).

Espitia C., Murillo, G. y Castillo, P. (2011). Expected genetic gain in teak (*Tectona grandis* L.f.) in Córdoba (Colombia) [Ganancia genética esperada en teca (*Tectona grandis* L.f.) en Córdoba (Colombia)]. *Colombia forestal, 14*(1), 81-93. Recuperado de http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0120073920110001000 08&lng=en&tlng=es

Espitia M., Murillo, O. y Castillo, C. (2016). Ganancia genética esperada en melina (*Gmelina arbórea* Roxb.) en Cordoba (Colombia). *Revista Árvore, 40*(1), 71-80. Recuperado de https://dx.doi.org/10.1590/0100-67622016000100008

Estrella J., Manosalvas, R., Mariaca, J. y Ribadeneira, M. (2005). *Biodiversidad y recursos genéticos: una guía para su uso y acceso en el Ecuador*. EcoCiencia, INIAP, MAE y Abya Yala. Quito-Ecuador: Editorial Abya Yala. 116 p. Recuperado de http://biblio.flacsoandes.edu.ec/catalog/resGet.php?resId=56358

Estevez, M. (2001). *Selección de árboles de Eucalyptus globulus, P. patula y P. radiata para mejoramiento genético en la región interandina del Ecuador.* Boletín Reporte Forestal. N°4, septiembre 2001. PROPAFOR-Face, Ministerio del Ambiente y Proyecto ECOPAR. Quito, Ecuador.

Ettori L., Siqueira, A., Zanatto, A. y Boas, O. (1999). Variabilidade genética em duas populações de Cordia trichotoma [Variabilidad genética en dos poblaciones de *Cordia trichotoma*]. *Revista Do Instituto Florestal, São Paulo, 11*(2), 179–187.

Falconer, D. (1987). *Introdução à genética quantitativa* [Introducción a la genética cuantitativa]. Viçosa-Brasil: Universidade Federal de Viçosa. 279 p.

FAO (Food and Agriculture Organization of the United Nations) (2006). Progreso hacia el manejo forestall sostenible. En FAO (Food and Agriculture Organization) (FAO) (Eds) *Evaluación de los recursos forestales mundiales 2005: Documento forestal de la FAO 147* (p. 163-186). Roma-Italia.

FAO (Food and Agriculture Organization of the United Nations) (2011). *Directrices para la preparación de informes de los paises para la situación de los recursos genéticos forestales del mundo.* Roma-Italia: FAO. 47 p.

FAO (Food and Agriculture Organization of the United Nations) (2010). *World Forest Resources Assessment 2010 terms and definitions* [*Evaluación de los recursos forestales mundiales 2010 términos y definiciones*]. Roma-Italia: FAO. 346 p. ISBN 978-92-5-306654-4

FAO (Food and Agriculture Organization of the United Nations) (2014). *Global action plan for the conservation, sustainable use and development of forest genetic resources* [*Plan de acción mundial para la conservación, la utilización sostenible y el desarrollo de los recursos genéticos forestales*]. Roma-Italia: FAO. 36 p.

FAO (Food and Agriculture Organization of the United Nations) (2016). State of the world's forests 2016. Forests and agriculture: land-use challenges and opportunities [*El Estado de los bosques del mundo 2016. Los bosques y la agricultura: desafíos y oportunidades en relación con el uso de la tierra*]. Roma-Italia: FAO. 119 p. ISBN 978-92-5-309208-6 Recuperado de: http://www.fao.org/3/a-i5588s.pdf

FAO (Food and Agriculture Organization of the United Nations), DFSC (Danida Forest tree Seed Centre) e IPGRI (Intertanational Plant Genetic Resources Institute) (2002). *Conservación y ordenación de recursos genéticos forestales: en bosques naturales ordenados y áreas protegidas (in situ).* Vol. 2. (Fernando Barrientos, trad.). Roma-Italia: IPGRI. (Obra original publicada en 2001). 97 p. ISBN 92-9043-472-4

FAO (Food and Agriculture Organization of the United Nations), FLD (Forest & Landscape Denmark) y BI (Bioversity International) (2007a). *Conservación y manejo de recursos genéticos forestales. Vol. 1: visión general, conceptos y algunos métodos sistemáticos.* (Fernando Barrientos y Alberto Barrientos, trad.) Roma-Italia: Bioversity International. (Obra original publicada en 2004). 110 p. ISBN 978-92-9043-717-8

FAO (Food and Agriculture Organization of the United Nations), FLD (Forest & Landscape Denmark) y BI (Bioversity International) (2007b). *Conservación y manejo de recursos genéticos forestales. Vol. 3: en plantaciones y bancos de germoplasma (ex situ).* (Fernando Barrientos y Alberto Barrientos). Roma-Italia: Bioversity International. (Obra original publicada en 2004). 90 p. ISBN 978-92-9043-718-5

Ferrari, A. y Wall, L. (2004). Utilización de árboles fijadores de nitrógeno para la revegetación de suelos degradados. *Revista de La Facultad de Agronomía, La Plata, 105*(2), 63–87.

Flores, C., Lopez, J. y Valencia, S. (2017). *Manual técnico para el establesimiento de ensayos de procedencias y progenies.* Mexico DF-Mexico: CONAFOR. 152 p.

Flores, F. y Chavarry, L. (2005). Consideraciones Generales. En F. Flores y L. Chavarry, *Guía para la selección de árboles plus para tres especies forestales nativas de la región andina* (p. 52-60). Cajamarca-Perú: ADEFOR.

Frankel, O. (1977). Natural variation and its conservation [La variación natural y su conservación]. En A. Muhammed, R. Aksel, R. Borstel (Eds) *Genetic diversity in plants* [Diversidad genetica en plantas] (p 21–44). Boston, MA-Estados Unidos: Springer Science & Business Media.

Gómez, M., Toro, J. y Piedrahita, E. (2013). *Propagación y conservación de especies arbóreas nativas* (1.er ed.). Medellin-Colombia: CORANTIOQUIA. 358 p.

González E., García, C. y Correa, J. (2005). *Especies forestales del bosque seco Cerro Negro-Cazaderos Zapotillo-Puyango.* Loja-Ecuador: Fundación Ecológica Arcoíris. 39 p.

Grijalva, J., Checa, X., Ramos, R., Barrera, P. y Limongui, R. (2012). *Situacion de los Recursos Geneticos Forestales en Ecuador.* Quito-Ecuador: Instituto Nacional Autónomo de Investigaciones Agropecuarias (INIAP). 95 p.

Groom, M., Meffe, G. y Carroll, R. (2006). *Principles of Conservation Biology* (3rd ed.) [Principios de la biología de la conservación]. Sunderland-Reino Unido: Sinauer Associates. 779 p. ISBN: 978-0-87893-597-0

Ipinza, R. (1997a). Aspectos Teoricos en la Selección de Árboles Superiores. *Ciencia e Investigación Forestal, 11*(1-2), 19-27.

Ipinza, R. (1997b). Mejora genética de especies de nothofagus de interés económico, principios básicos. *Ciencia e Investigación Forestal, 11*(1-2), 5-18.

Ipinza, R. (1998). Métodos de selección de árboles plus. En R. Ipinza, B. Gutiérrez, V. Emhart (Eds). *Mejora Genética Forestal Operativa* (p 105–113). Valdivia-Chile: Universidad Austral de Chile.

Ipinza R., Gutiérrez, B. y Emhart, V. (1998). *Mejora Genética Forestal Operativa.* Valdivia-Chile: Editorial Universidad Austral, Instituto Forestal, Corporacion Nacional Forestal. 417 p.

Jaramillo, S. y Baena, M. (2000) *Material de apoyo a la capacitación en conservación ex situ de recursos fitogenéticos.* Cali-Colombia: Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos. 128 p.

Jobet, J. (1999). Efecto del espaciamiento inicial sobre el crecimiento y rendimiento de *Eucalyptus nitens* plantado en suelos de trumao. En J. Alessandri, *Silvotecna XII. Realidad potencial de eucalypto en Chile: cultivo silvicola y su uso industrial* (p. 80-104). Concepción-Chile: INFOR.

Joomia, A. (2009). *Genética Veterinaria-Genes, Animales, Herencia.* Recuperado de http://www.geneticaveterinaria.com/genomica_veterinaria/herencia-ambiente.html. (Consultado 8 marzo, 2018).

Jorgensen, P. M. y Leon-Yanez, S. (1999). *Catalogue of the vascular plants of Ecuador* [*Catálogo de las plantas vasculares del Ecuador*]. Monogra. Syst. Bota. Missouri Bot. Gard. 75 (1-8): 1-1182.

Kageyama, P. Y. (1990). Genetic structure of tropical tree species of Brazil. En K. Bawa y M. Hadley (Eds) *Reproductive Ecology of Tropical Forest Plants* (p. 375–387) [Estructura genética de las especies árboreas tropicales de Brasil]. Paris-Francia: UNESCO.

Kageyama P., Gandara, F. y Souza, L. (1998). Conseqüências genéticas da fragmentação sobre populações de espécies arbóreas [Consecuencias genéticas de la fragmentación sobre poblaciones de especies arbóreas]. *Série Técnica IPEF. 12*(32), 65–70.

Kemp, R. H. (1976). Seed procurement for species and provenance research. En J. Burley & P. Wood (Eds) *A Manual on Species and Provenance Research with Particular Reference to the Tropics* [Un manual sobre la investigación de especies y procedencias con especial referencia a los tropicos] (p. 32–48). Oxford-Reino Unido: Oxford Tropical Forestry Papers.

LAFORGEN (Latin American Forestry Genetic Resources) (2008). *Biodiversity International.* Recuperado de http://www.laforgen.org. (Consultado 15 febrero, 2018)

Lewontin, R. (1974). *The genetic basis of evolutionary change* [La base genética del cambio evolutivo]. New York-Estados Unidos: Editorial Columbia University Press. 346 p.

Limongi, R., Guiracocha, G. y Yépez, C. (2011). *Amarillo de Guayaquil (Centrolobium ocroxylum Rose ex Rudd) especie de uso múltiple del bosque seco del Ecuador.* Boletín técnico 148. INIAP, Estaciones Experimentales del Litoral Sur & Portoviejo-MAGAP-SENECYT. Editorial Cgraf. Manta, Ecuador. 32 p.

López-Fanjul, C. y Toro, M. (2007). Fundamentos de la mejora genética en acuicultura.En P. Martínez y A. Figueras (Eds) *Genética y genómica en acuicultura* (p. 155-182). Madrid-España: Editorial Paraninfo.

Lozano, P. (2002). Los tipos de bosque en el sur de Ecuador. En Z. Aguirre Mendoza, J. Madsen, J. Cotton y H. Balslev (Eds) *Bótanica Austroecuatoriana. Estudios Sobre Los Recursos Vegetales En Las Provincial de El Oro, Loja Y Zamora-Chinchipe* (p. 29-49). Quito-Ecuador: Abya-Yala.

Luzón, S. (2016) *Respuesta de la quinua variedad tunkahuan a la fertilización nitrogenada, en las condiciones edafoclimáticas de la Argelia.* Tesis de pregrado previa a la obtención del título de Ingeniero Agronomico. Loja-Ecuador: Universidad Nacional de Loja. 82 p.

Maldonado, D. (2015). *Identificación y selección de árboles semilleros de cinco especies forestales nativas de la microcuenca El Padmi, provincia de Zamora Chinchipe.* Tesis de pregrado previa a la obtención del título de Ingeniero Forestal. Loja-Ecuador: Universidad Nacional de Loja. 66 p.

Maldonado, H. (1999). *Treinta años de integración andina: Balance y perspectivas.* Lima-Perú: Secretaría General de La Comunidad Andina. 227 p.

Mallén, C. (2014). Recursos genéticos forestales. *Revista Mexicana de Ciencias Forestales. 5*(22): 4–9. Recuperado de http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S200711322014000200001&lng=es&tlng=es.

Martín, B. y Montes, C. (2010). Funciones y servicios de los ecosistemas: una herramienta para la gestión de los espacios naturales. En Organización de las Naciones Unidas para la Educación, la Ciencia y la Cultura (UNESCO) (Eds) *Guía Científica de Urdaibai* (p. 13-32). Londres-Reino Unido: UNESCO. Recuperado de http://www.ehu.eus/cdsea/web/wp-content/uploads/2016/11/GuiaUrdaibaiC.pdf

McKay, J., Christian, C., Harrison, S. y Rice, K. (2005). "How local is local?"—a review of practical and conceptual issues in the genetics of restoration ["¿Que tan local es local?"-una revisión de cuestiones prácticas y conceptuales en la genética de la restauración]. *Restoration Ecology. 13*(3): 432–440.

MAGAP (Ministerio de Agricultura, Ganadería, Acuacultura y Pesca) (2016). *Manual de Procedimiento "Identificación de Fuentes Semilleras y árboles Plus".* Guayaquil, Ecuador: Dirección de Desarrollo Forestal, Subsecretaría de Producción Forestal. 35 p. Recuperado de http://spf.agricultura.gob.ec/manual-procedimiento-fuentes-semilleras-arboles-plus.pdf

MAE (Ministerio del Ambiente del Ecuador). (2013). *Plan Nacional de Restauracion Forestal, 2014-2017.* Quito-Ecuador. Recuperado de http://sociobosque.ambiente.gob.ec/files/images/articulos/archivos/amrPlanRF.pdf. (Consultado 8 marzo, 2018).

MAE (Ministerio del Ambiente del Ecuador), ECOPAR (Proyecto de Investigaciones en Páramos y Bosques Andinos), PROFAFOR (Programa Face de Forestación) y RASEFOR (Red Andina de Semillas Forestales). (1999). Proyecto de Mejoramiento Genético Forestal en la Región Interandina del Ecuador. *Taller: Caracterización campesina de árboles andinos ecuatorianos. Centro Forestal "Luciano Andrade Marín".* Quito, Ecuador. Recuperado de http://www.iniap.gob.ec/nsite/images/stories/descargas/informe_pas_rgf_ecuador_final_.pdf. (Consultado 15 julio, 2018).

Moraes, M., Moraes, S., Silva, E., Kubota, T., Silva, A., Resende, R. y Moraes, M.. (2013). Variação genética em progênies de *Jacaranda cuspidifolia* Mart. utilizando o delineamento sistemático tipo “leque” [Variación genética en progenies de *Jacaranda cuspidifolia* Mart. utilizando el delineamiento sistemático tipo "abanico"]. *Scientia Forestalis Piracicaba, 41*(98), 175-183.

Moto, P. (2005). *Plantas medicinales del bosque seco cantón Zapotillo y Macará.* Loja-Ecuador: UNL-COSV.

Mogrovejo, P. (2017). *Bosques y cambio climático en Ecuador: el regente forestal como actor clave en la mitigación del cambio climático.* Tesis de Mastría en Cambio Climático y Negociación Ambiental. Universidad Andina Simón Bolívar, Sede Ecuador. 116 p.

Nei, M. y Kumar, S. (2000). *Molecular evolution and phylogenetics* [Evolución molecular y filogenética]. Nueva York-Estados Unidos: Oxford University Press. 352 p.

Neill, D. y Ulloa, C. (2011). *Adiciones a la flora del Ecuador: segundo suplemento; 2005-2010*. Quito-Ecuador: Fundación Jatun Sacha. 202 p.

Nelder, J. (1962). New kinds of a systematic designs for spacing experiments [Nuevos tipos de diseños sistemáticos para espaciar los experimentos]. *Biometrics. 18*(30): 283-307. doi: 10.2307 / 2527473

Ordóñez, L., Aguirre N. y Hofstede, R. (2001). *Sitios de Recolección de Semillas Forestales Andinas del Ecuador* (1.ª ed.). Quito-Ecuador: Editorial Abya Yala. 48 p.

Palacios, W. (2016a). *Árboles del Ecuador: Especies representativas.* Ibarra-Ecuador: Universidad Técnica Del Norte. ISBN: 978-9942-8590-6-8

Palacios, W. (2016b). *Árboles del Ecuador: Familias y géneros.* Ibarra-Ecuador: Universidad Técnica Del Norte. 882 p. ISBN 978-91-85529-08-7

Palomeque, X., Maza, A., Uyaguari, J., Günter, S., Hildebrandt, P., Weber, M. y Stimm, B. (2017). Variabilidad intraespecífica en la calidad de semillas de especies forestales nativas en bosques montanos en el sur del Ecuador: Implicaciones para la restauración de bosques. *Revista de Ciencias Ambientales, 51*(2), 52-72. doi: https://doi.org/10.15359/rca.51-2.3

Penso, M. (2017). *Aplicações de delineamentos sistemáticos em experimentos agronômicos* [Aplicaciones de delineamientos sistemáticos en experimentos agronómicos]. Tesis de Maestria en Ciencias. Area de conocimiento estadistica y experimentación agronomica. Universidade de São Paulo. São Paulo-Brasil: Piracicaba. 55 p. doi: 10.11606/D.11.2018.tde-06042018-151348

Pérez, J. (2007). *Etnobotánica del área de conservación Mangahurco: Baños del Inca del cantón Zapotillo Provincia de Loja.* Tesis de pregrado previa a la obtencion del titulo de Ingenierio Forestal. Área Agropecuaria y de Recursos Naturales Renovables. Loja-Ecuador: Universidad Nacional de Loja. 216 p.

Pinedo M., Layne, M., Pinedo, P. y Barletti, J. (2001). Métodos estnobotánicos para predecir el sexo y facilitar el cultivo del aguaje (*Mauritia flexuosa*) en sistemas agroforestales. En M. Hiraoka y S. Mora (Eds) *Desarrollo Sostenible en la Amazonía ¿Mito o realidad?* (p. 145-155). Quito-Ecuador: Producciones digitales Abya-Yala.

Ramírez, L. y Egaña, B. (2003). *Guia de Conceptos de Genetica Cuantitativa. Departamento de Producción Agraria, Universidad Pública de Navarra.* Recuperado de http://www.unavarra.es/genmic/genetica y mejora/genetica cuantitativa/GENETICA-CUANTITATIVA.htm. (Consultado 8 marzo 2018)

Ramírez, C. y Kleinn, C. (2001). *Inventario Forestal Global-GFS. Estudio Piloto en Costa Rica. Manual de Campo.* San José-Costa Rica: Centro Agronómico Tropical de Investigación y Enseñanza (Catie), FAO, Ministerio del Ambiente y Energía (Minae). 34 p.

Reis, E., Reis, M., Sediyama, T. y Cruz, C. (2002). Estimativa de variâncias e herdabilidades de algumas características primárias e secundárias da produção de grãos em soja (*Glycine max* (L.) Merrill) [Estimación de varianza y heredabilidad de algunas características primarias y secundarias de la producción de granos de soja (*Glycine max* (L.) Merrill).]. *Ciência e Agrotecnologi*, *26*(4), 749–761.

Resende, M. (1999). Melhoramento de essências florestais [Mejoramiento de esencias forestales] . En A. Borém (Eds) *Melhoramento de Espécies Cultivadas* [Mejoramiento de Especies Cultivadas] (p. 589–647). Viçosa-Brasil: Universidade Federal de Viçosa (UFV).

Resende, M. (2007). *Selegen-Reml/Blup: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos* [Selegen-Reml / Blup: sistema estadístico y selección genética computarizada a través de modelos lineales mixtos]. Colombo-Brasil: Embrapa Florestas. 359 p. ISBN: 978-85-89281-16-4

Resende, M. (2002). *Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes* [Genética biométrica y estadística: en el mejoramiento de plantas perennes]. Brasília: EMBRAPA Informação Tecnológica. 975 p. ISBN: 85-7383161-8

Robledo, G. y Pinto, G. (2017). *Tecnicatura Universitaria en Gestión Integral de Bioterios -UBA- Curso de Genética.* Recuperado de https://geneticabioterio.wordpress.com/genetica-cuantitativa/. (Consultado 8 marzo, 2018).

Roskov, Y., Abucay, L., Orrell, T., Nicolson, D., Bailly, N., Kirk, P., Bourgoin, T., DeWalt, R., Decock, W., Wever, A., Nieukerken, E., Zarucchi, J. y Penev, L. (2018). *Species 2000 & ITIS Catalogue of Life, 28th March 2018.* Recuperado de www.catalogueoflife.org/col. Species 2000: Naturalis, Leiden, the Netherlands. ISSN 2405-8858. (Consultado 6 mayo, 2018).

Rocha R. B., A. H. Vieira, M. D. M. Bentes-Gama y L. M. B. Rossi. (2009). Avaliação genética de procedências de bandarra (*Schizolobium amazonicum*) utilizando REML/BLUP (Máxima verossimilhança restrita/Melhor predição linear não viciada) [Evaluación genética de procedencias de bandarra (*Schizolobium amazonicum*) utilizando REML / BLUP (Máxima verosimilitud restringida / Mejor predicción lineal no viciada)]. *Scientia Forestalis***,** *Piracicaba, 37*(84), 351-358.

Ruiz, C. (2000). Respuesta de *Pinus radiata* D. Don. a dos métodos de injerto. *Boletín Reporte Forestal. N°3, diciembre 2000*. PROFAFOR-Face, Ministerio del Ambiente y Proyecto ECOPAR. Quito-Ecuador.

Saenz, R. y Plancarte, A. (1991). *Metodologia para el establecimeinto y evaluación de ensayos de progenies en especies forestales.* Serie de apoyo académico No. 46. Chapingo-Mexico: División de Ciencias Forestales. 47 p.

Sampaio P., Resende, M. y Araújo, A. (2000). Estimates of genetic parameters and selection methods for genetic improvement of *Pinus caribaea* var. hondurensis [Las estimaciones de los parámetros genéticos y los métodos de selección para el mejormaiento genético de *Pinus caribaea* var hondurensis]. *Pesquisa Agropecuária Brasileira, 35*(11), 2243–2253. doi: https://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2000001100017

Salazar, R., y Boshier, D. (1989). *Establecimiento y manejo de rodales semilleros de especies forestales prioritarias en América central.* Turrialba-Costa Rica

Sálan, S. (2011). *Inventario y selección de árboles de Cedro, con características semilleras en los sectores: El Pindo y El Mirador de la provincia de Pastaza.* Tesis de pregrado previa a la obtención del titulo de Ingeniero Forestal. Facultad de Recursos Naturales. Riobamaba-Ecuador: Escuela Superior de Chimborazo (ESPOCH). 82 p.

Sebbenn, A. (2003). Tamanho amostral para conservação ex situ de espécies arbóreas com sistema misto de reprodução [Tamaño muestral para conservación ex situ de especies arbóreas con sistema mixto de reproducción]. *Revista Do Instituto Florestal, 15*(2), 147–162. doi: http://dx.doi.org/10.1093/forestscience/24.2.192

Sebbenn, A., Siqueira, A., Kageyama, P. y Machado, J. (1998). Parâmetros genéticos na conservação da cabreúva – *Myroxylon peruiferum* L.F. Allemão [Parámetros genéticos en la conservación de la cabreúva-*Myroxylon peruiferum* L.F. Allemão. *Scientia Forestalis, Piracicaba,* (53): 31-38. Recuperado de http://www.ipef.br/publicacoes/scientia/nr53/cap3.pdf

Sebbenn, A., Siqueira, A., Kageyama, P. y Dio-Junior, O. (1999). Variação genética entre e dentro de populações de amendoim-*Pterogyne nitens* [Variación genética entre y dentro de poblaciones de maní-*Pterogyne nitens*]. *Scientia forestalis, Piracicaba. 1*(56): 29-40.

Sebbenn, A., Freitas, M., Zanatto, A. y Moraes, E. (2009). Seleção dentro de progênies de polinização aberta de *Cariniana legalis* Mart. O. Ktze (Lecythidaceae), visando à produção de sementes para recuperação ambiental [Selección dentro de progenies de polinización abierta de *Cariniana legalis* Mart. O. Ktze (Lecythidaceae), con vistas a la producción de semillas para la recuperación ambiental]. *Revista do Instituto Florestal, São Paulo. 21*(1): 27-37.

Sierralta, L., Serrano, R., Rovira, J. y Cortés, C. (2011). *Las áreas protegidas de Chile. Antecedente, Institucionalidad, Estadísticas y Desafíos.* Santiago de Chile-Chile: GRAFHIKA IMPRESORES. 35 p.

Souza, D. (2017). Sistema de reprodução e distribuição da variabilidade genética de *Myracrodruon urundeuva* (F.F. & M.F. Allemão) em diferentes biomas [Sistema de reproducción y distribución de la variabilidad genética de *Myrancrodruon urundeuva* (F.F. & M.F. Allemão)] . Tesis de Doctorado en Recursos Forestales e Ingenieria Forestal. Facultad de Ciencias Agronomicas. Botucatu-Brasil: Universidade Estadual Paulista. 126 p.

SOCIOBOSQUE. (2013). *Proyecto Socio Bosque de conservación, (un sistema de incentivos para protección de bosques, páramos y vegetación nativa para beneficiar a poblaciones indígenas y campesinas en la Costa, Sierra y Oriente).* Quito- Ecuador. Recuperado de http://www.ambiente.gob.ec/wp-content/uploads/downloads/2015/07/SOCIO-BOSQUE.pdf. (Consultado 8 marzo, 2018).

Sotolongo, R., Geada, G. y Cobas, M. (2010). *Mejoramiento Genetico Forestal. Texto para estudiantes de Ingeniería Forestal.* Roma-Italia: FAO. Recuperado de http://www.fao.org/fileadmin/user_upload/training_material/docs/MejoramientoGenetico Forestal.pdf (Consultado 8 marzo, 2018).

Stape, J. (1995). *Utilização de delineamento sistemático tipo "leque" no estudo de espaçamentos florestais* [Utilización de delineamiento sistemático tipo "abanico" en el estudio de espaciamientos forestales]. Tesis de Doctorado en Agronomia. Escuela Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz". Piracicaba-Brasil: Universidade de São Paulo. 86 p.

Tapia, C., Zambrano, E. y Monteros, A. (2008). *Informe nacional sobre el estado de recursos fitogenéticos para la agricultura y la alimentación: Estado de los recursos fitogenéticos para la agricultura y la alimentación en Ecuador: A mas uso, mas conservación.* Quito- Ecuador: FAO. 106 p.

Teodoro, J., Piedade, S. y Leal, U. (2018). Análise geoestatística de um experimento sob delineamento sistemático tipo "leque" [Análisis geoestadístico de un experimento bajo delineamiento sistemático tipo "abanico"]. *Proceeding Series Of The Brazilian Society Of Computational And Applied Mathematics, 6*(1), 1-7. doi: http://dx.doi.org/10.5540/03.2018.006.01.0320.

Tomalá, P. y Patricio, D. (2018). *Selección, identificación y ubicación de árboles semilleros (plus) de especies forestales plantadas en las Comunas Olón, Dos Mangas y Salanguillo del Cantón Santa Elena.* Tesis de pregrado previa a la obtención del título de Ingeniero Agropecuario. Facultad de Ciencias Agrarias. La libertad (Santa Elena)-Ecuador: Universidad Estatal Península de Santa Elena. 77 p.

UTEQ (Universidad Técnica Estatal de Quevedo) (2011). *Programa de mejoramiento del cultivo de Ochroma sp. (Balsa).* Facultad de Ciencias Ambientales. Quevedo-Ecuador: Unidad de Investigación Científica y Tecnología. Laboratorio de Biotecnología.

Vargas, H., Jesús, J., Bermejo, B. y Ledig, F. (2004). Manejo de recursos genéticos forestales, segunda edición. En *Seminario-Taller sobre Manejo de Recursos Genéticos Forestales* (1995: abril 11 y 12 Universidad Autónoma Chapingo).

Vallejos, J., Badilla, Y., Picado, F. y Murillo, O. (2010). Metodología para la selección e incorporación de árboles plus en programas de mejoramiento genético forestal. *Agronomía Costarricense, 34*(1), 105-119.

Vencovsky, R. y Barriga, P. (1992). *Genética biométrica no fito melhoramento.* Ribeirão Preto-Brasil: Sociedade Brasileira de Genética. 496 p.

Villacis, G., Aguirre, Z., González, A., Gonzalez, E., Paredes, D. y Aguirre, N. (2015). Pasado, presente y futuro de los “guayacanes” *Handroanthus chrysanthus* (Jacq.) S. O. Grose y *Handroanthus billbergii* (Bureau & K. Schum.) S. O. Grose, de los bosques secos de Loja, Ecuador. *Arnaldoa, 22*(1), 85-114.

Zamudio, F. (2005). Valor reproductivo y varianza genética. En CONIF (Corporación Nacional de Investigación y Fomento Forestal) (Eds.) *Curso de mejoramiento genético forestal Manual: Introducción a la Genética Forestal* (p. 1-18). Talca-Mexico: Universidad de Talca. Recuperado de http://ftp.utalca.cl/intercambio/otros/mgforestal/Manual_Adobe/apunte006_gen_quant.pdf (Consultado 25 marzo, 2018).

Zobel, B. y Talbert, J. (1998). *Técnicas de mejoramiento genético de árboles forestales.* México DF-Mexico: Editorial Limusa. 545 p. ISBN: 9681828569

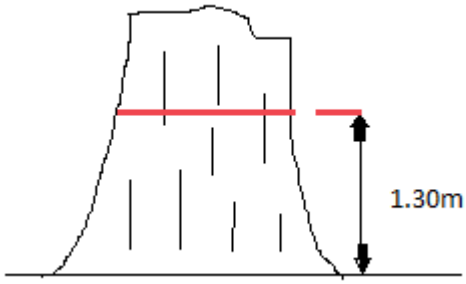
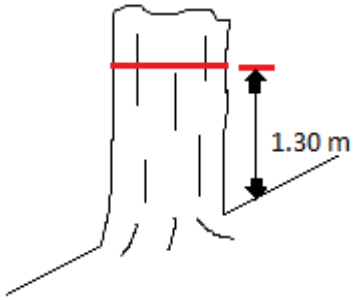
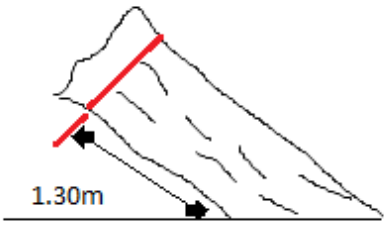
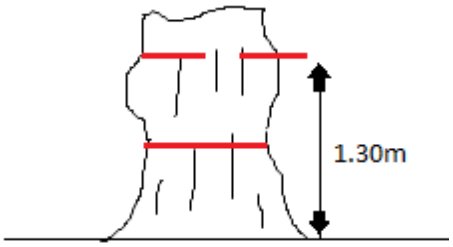
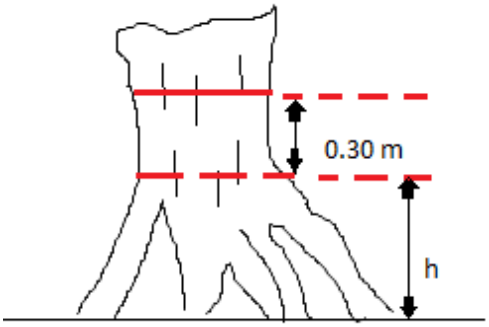
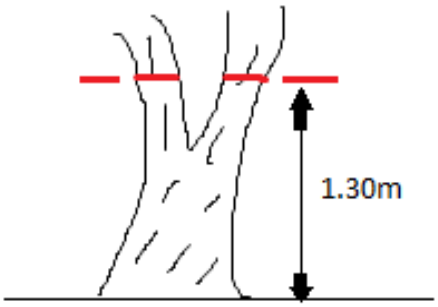
Zurita, A. (2017). América Latina. Foro, receptor y emisor de iniciativas comerciales. *Cuadernos de Estrategia (Ministro de Defensa), 187*(4), 139–185.

9. ANEXOS

Anexo 1.- Lista de acrónimos y siglas

CINFA	Centro Integrado de Geomática Ambiental de la Universidad Nacional de Loja
CONABIO	Comisión Nacional para Conocimiento y Uso de la Biodiversidad
COSUDE	Agencia Suiza para el Desarrollo y la Cooperación
DFSC	Centro de Semillas de Árboles Forestales de Danida
ECOPAR	Proyecto de Investigaciones en Páramos y Bosques Andinos
ENDESA-BOTROSA	Enchapes Decorativos S. A. - Bosque Tropicales S.A.
EUCAPACIFIC	Eucalyptus Pacífico S.A.
FAO	Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura
FOSEFOR	Fondo para la Inclusión Financiera del Sector Forestal
HSC	Huerto semillero genéticamente comprobado
HSNC	Huerto semillero no comprobado
HSP	Huerto semillero de plántulas
HSS	Huerto semillero de semilla
INEFAN	Instituto Ecuatoriano Forestal y de Áreas Naturales y Vida Silvestre
INIAP	Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias
IPGRI	Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos-FAO
MAE	Ministerio del Ambiente del Ecuador
MAGAP	Ministerio de Agricultura, Ganadería, Acuacultura y Pesca
PLANTABAL	Plantaciones de Balsa S.A.
PROFAPOR	Programa Face de Forestación del Ecuador S.A.
RGF	Recursos Geneticos Forestales
RSE	Región Sur del Ecuador
SNAP	Sistema Nacional de Áreas Protegidas del Ecuador
UTEQ	Universidad Tecnica Estatal de Quevedo

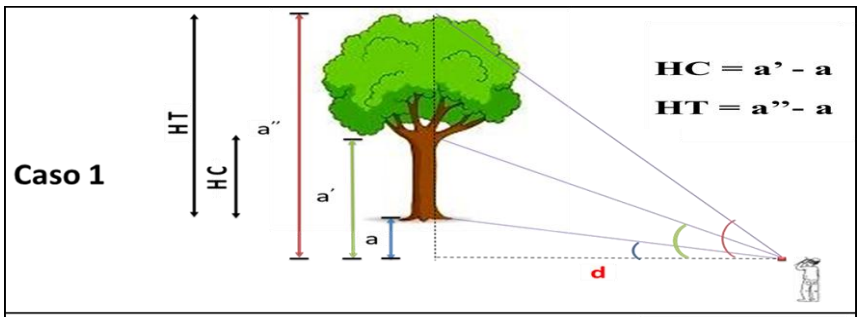
Anexo 2.- Recomendaciones para la medición del Diámetro a la Altura del Pecho (DAP)

Según el tipo de terreno	
 Terrenos planos.- la medición del DAP en este tipo de terreno, se lo realiza de manera vertical.	 Terrenos con pendiente.- Por razones prácticas la medición del DAP, se toma por el lado superior de la pendiente.
Según las características del árbol	
 Árboles inclinados.- El DAP para los árboles que tengan el fuste inclinado se marca perpendicularmente al eje del árbol, 1,30 m considerando la distancia más corta sobre el suelo paralela al fuste.	 Engrosamientos.- Si se presenta una anormalidad en el fuste a la altura del DAP (ensanchamiento, tumor, bifurcación), se marca a la altura inmediatamente inferior en que la sección transversal es mínima. Tomar promedio de dos mediciones.
 Árboles con raíces aéreas mayores de 1 m: sería posible considerar el correspondiente a la altura de pecho (DAP). Deberá de indicarse en la casilla de observaciones del formulario cuando solamente se toma una sola lectura para diámetro de tallo.	 Bifurcaciones.- Cuando la bifurcación ocurra por debajo de la altura del DAP, las ramas se consideran como dos árboles separados y se marcan individualmente.

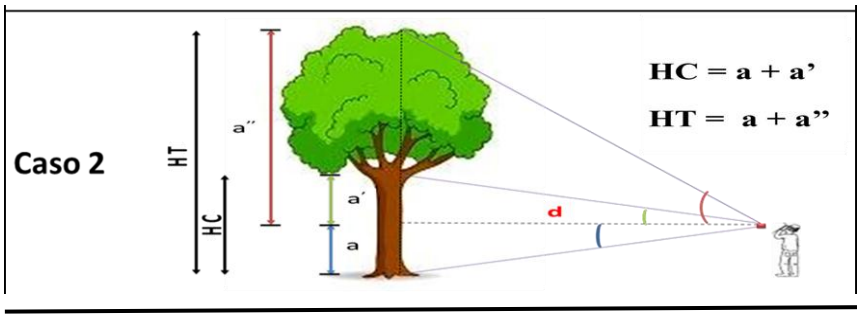
Fuente: (Maldonado, 2015 extraido de Ramírez y Kleinn, 2001)

Anexo 3.- Casos que se pueden presentar en la medición de la altura de un árbol

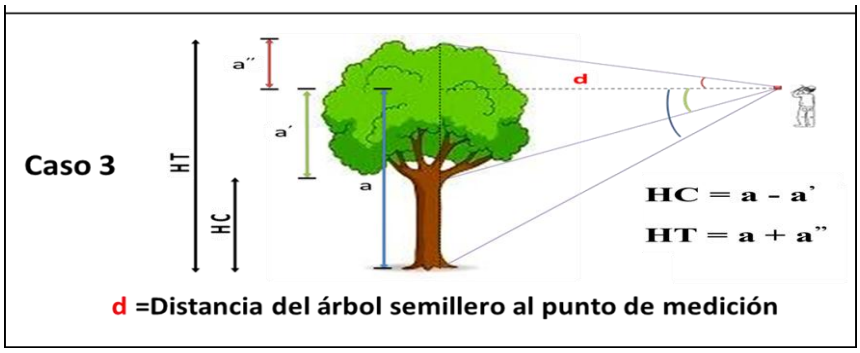
Caso 1.- La visual horizontal del observador da debajo la base del árbol



Caso 2.- La visual horizontal del observador da entre la base y el ápice del árbol.



Caso 3.- La visual horizontal del observador da arriba del ápice del árbol



Fuente: **(**Maldonado, 2015 extraido de Ramírez y Kleinn, 2001)

Anexo 4.- Evaluación fenotipica *Handroanthus chrysanthus* “Guayacan” de Jipiro Alto

N° ind.	Cód. árb.	Forma fuste				Altura de bifurcación				Diámetro copa			∢ I. Ramas			E. fitosánitario				Total	Clase
		R	Lt	T	Mt	Nb	Bs	Bm	Bi	Cv	Cm	Cp	1	2	3	S	P	I	E		
1	JAHc001	6						2			3			2		6				19	Clase dos
2	JAHc002	6					4			7				2		6				25	Clase uno
3	JAHc003	6					4				3			2		6				21	Clase dos
4	JAHc004	6						2		7				2		6				23	Clase dos
5	JAHc005	6						2		7				2		6				23	Clase dos
6	JAHc006	6					4			7				2		6				25	Clase uno
7	JAHc007			2				2			3			2		6				15	Clase tres
8	JAHc008			2				2			3			2		6				15	Clase tres
9	JAHc009		4				4				3			2		6				19	Clase dos
10	JAHc010	6					4				3			2		6				21	Clase dos
11	JAHc011		4				4				3			2		6				19	Clase dos
12	JAHc012	6					4			7				2		6				25	Clase uno
13	JAHc013	6						2		7				2		6				23	Clase dos
14	JAHc014	6						2			3			2		6				19	Clase dos
15	JAHc015	6					4				3			2		6				21	Clase dos
16	JAHc016		4					2		7				2		6				21	Clase dos
17	JAHc017	6					4			7				2		6				25	Clase uno

N° ind.	Cód. árb.	Forma fuste				Altura de bifurcación				Diámetro copa			∢ I. Ramas			E. fitosánitario				Total	Clase
18	JAHc018		4				4			7				2		6				23	Clase dos
19	JAHc019			2			4			7				2		6				21	Clase dos
20	JAHc020		4				4			3				2		6				19	Clase dos
a)	**R** (6): recto; **Lt** (4): ligeramente torcido a lo largo de la HC; **T** (2): torcido antes de la HC y **Mt** (1): Muy torcido antes y después de la HC																				
b)	**Nb** (6): no bifurcado; **Bs** (4): bifurcado en el 1/3 superior; **Bm** (2): bifurcado en el 1/3 medio y **Bi** (1): bifurcado en el 1/3 inferior;																				
c)	**Cv** (7): copa vigorosa > a 10 m; **Cm** (3): copa promedio entre 10 y 5 m, y **Cp** (1): copa pequeña < de 5 m																				
d)	60°-90° (3); 30-60° (2) y 0-3 (1)																				
e)	**S** (6): totalmente sano; **P** (4): presencia de plantas parásitas; **I** (2): atacado por insectos en hojas o tallo y **E** (1): enfermo																				

Anexo 5.- Evaluación fenotípica *Handroanthus chrysanthus* “Guayacan” de Virgepamba

N° ind.	Cód. árb.	Forma fuste				Altura de bifurcación				Diámetro copa			∢ I. Ramas			E. fitosánitario				Total	Clase
		R	Lt	T	Mt	Nb	Bs	Bm	Bi	Cv	Cm	Cp	1	2	3	S	P	I	E		
1	VPHc001	6							1	7			3			6				23	Clase dos
2	VPHc002		4						1	7				2		6				20	Clase dos
3	VPHc003	6							1	7				2		6				22	Clase dos
4	VPHc004		4				4			7				2				2		19	Clase dos
5	VPHc005		4						1	7				2		6				20	Clase dos
6	VPHc006		4						1		3		3			6				17	Clase tres
7	VPHc007		4				4				3			2				2		15	Clase tres
8	VPHc008		4				4			7				2		6				23	Clase dos
9	VPHc009		4						1	7			3			6				21	Clase dos
10	VPHc010			2					1		3			2		6				14	Clase tres
11	VPHc011	6					4			7				2		6				25	Clase uno
12	VPHc012		4				4			7				2		6				23	Clase dos
13	VPHc013	6					4			7				2		6				25	Clase uno
14	VPHc014			2					1		3			2		6				14	Clase tres
15	VPHc015			2			4				3			2		6				17	Clase tres
16	VPHc016	6					4			7				2			4			23	Clase dos

N° ind.	Cód. árb.	Forma fuste				Altura de bifurcación				Diámetro copa			∢ I. Ramas			E. fitosánitario				Total	Clase
17	VPHc017		4				4				3			2		6				19	Clase dos
18	VPHc018		4				4				3			2		6				19	Clase dos
19	VPHc019	6						1		7				2		6				22	Clase dos
20	VPHc020			2				1			3			2		6				14	Clase tres
21	VPHc021	6					4				3			2		6				21	Clase dos
22	VPHc022	6					4			7				2		6				25	Clase uno
23	VPHc023		4				4				3			2		6				19	Clase dos
24	VPHc024		4					1			3			2		6				16	Clase tres
25	VPHc025		4				4			7				2		6				23	Clase dos
a)	**R** (6): recto; **Lt** (4): ligeramente torcido a lo largo de la HC; **T** (2): torcido antes de la HC y **Mt** (1): Muy torcido antes y después de la HC																				
b)	**Nb** (6): no bifurcado; **Bs** (4): bifurcado en el 1/3 superior; **Bm** (2): bifurcado en el 1/3 medio y **Bi** (1): bifurcado en el 1/3 inferior;																				
c)	**Cv** (7): copa vigorosa > a 10 m; **Cm** (3): copa promedio entre 10 y 5 m, y **Cp** (1): copa pequeña < de 5 m																				
d)	60°-90° (3); 30-60° (2) y 0-3 (1)																				
e)	**S** (6): totalmente sano; **P** (4): presencia de plantas parásitas; **I** (2): atacado por insectos en hojas o tallo y **E** (1): enfermo																				

Anexo 6.- Evaluación fenotípica y dasometrica de los árboles seleccionados de *Handroanthus chrysanthus* "Guayacan" de los sectos de Jipiro Alto (JA) y Virgepamba (VP)

Código	**Coordenadas**		**DAP (cm)**	**HC (m)**	**HT (m)**	***(a)***	*(b)*	*(c)*			*(d)*	*(e)*	***Puntaje***
	X	**Y**				***Forma del fuste*** *(R, Lt, T,Mt)*	***Altura de bifurcacion*** *(Nb, Bs, Bm, Bi)*	***Diámetro de copa*** *(Cv, Cm, Cp)*			***Ángulo de inserción de las ramas*** *(1,2,3)*	***Estado fitosanitario*** *(S, P, I, E)*	
JAHc002	703558	9562749	54,75	4	16,65	6	4	13	11,40	7	2	6	25
JAHc006	703772	9563074	43,61	4	16,35	6	4	12,20	8,90	7	2	6	25
JAHc012	703983	9563190	42,34	4	14,10	6	4	12,80	13,55	7	2	6	25
JAHc017	704068	9562956	36,29	5	22,05	6	4	13,10	8,	7	2	6	25
VPHc011	700118	9565873	49,02	5	22	6	4	9	13	7	2	6	25
VPHc013	700112	9565429	75	9	19	6	4	20	17	7	2	6	25
VPHc022	700232	9565869	45	4	16	6	4	11	10	7	2	6	25

a) R recto; **Lt** ligeramente torcido a lo largo de la HC; **T** torcido antes de la HC y **Mt** Muy torcido antes y después de la HC

b) Nb no bifurcado; **Bs** bifurcado en el 1/3 superior; **Bm** bifurcado en el 1/3 medio y **Bi** bifurcado en el 1/3 inferior

c) Cv copa vigorosa > a 10 m; **Cm** copa promedio entre 10 y 5 m, y **Cp** copa pequeña < de 5 m

d) 1 60°-90°; **2** 30-60° y **3** 0-3

e) S totalmente sano; P presencia de plantas parásitas; I atacado por insectos en hojas o tallo y E enfermo

Anexo 7.- Clasificación de árboles de *Handroanthus chrysanthus* de las población de Jipiro Alto (JA), con base en la valoración fenotípica, altura y diámetro

Código	Coordenadas		DAP (cm)	HC (m)	HT (m)	Clase
	X	Y				
JAHc002	703558	9562749	54.75	4.00	16.65	1
JAHc006	703772	9563074	43.61	4.00	16.35	
JAHc012	703983	9563190	42.34	4.00	14.10	
JAHc017	704068	9562956	36.29	5.00	22.05	
Promedio (Clase 1)			**44.25**	**4.25**	**17.29**	
JAHc001	703534	9562751	49.66	5.00	24.31	2
JAHc003	703589	9562814	30.00	3.50	13.35	
JAHc004	703596	9562764	42.02	3.00	18.00	
JAHc005	703739	9563067	32.79	3.00	16.32	
JAHc009	703822	9563035	31.19	1.90	17.68	
JAHc010	703954	9563050	30.88	5.00	17.55	
JAHc011	703930	9562900	38.52	7.00	16.95	
JAHc013	703987	9562857	37.88	5.00	14.60	
JAHc014	703994	9562817	41.70	3.00	15.75	
JAHc015	703992	9563209	30.56	6.00	14.43	
JAHc016	704063	9562821	46.47	3.00	17.40	
JAHc018	704108	9563149	49.66	7.00	20.60	
JAHc019	704087	9563129	64.30	7.00	20.00	
JAHc020	704173	9562903	40.00	6.00	18.90	
Promedio (Clase 2)			**40.40**	**4.67**	**17.56**	
JAHc007	703765	9562960	40.00	1.50	18.00	3
JAHc008	703761	9562939	30.00	1.50	12.98	
Promedio (Clase 3)			**35.00**	**1.50**	**15.49**	
Promedio General			**40.63**	**4.27**	**17.30**	

Anexo 8.- Clasificación de árboles de *Handroanthus chrysanthus* de la población de Virgepamba (VP), con base en la valoración fenotípica, altura y diámetro

Código	Coordenadas		DAP (cm)	HC (m)	HT (m)	Clase
	X	Y				
VPHc011	700118	9565873	49.02	5.00	22.00	1
VPHc013	700112	9565429	75.00	9.00	19.00	
VPHc022	700232	9565869	45.00	4.00	16.00	
Promedio (Clase 1)			**56.34**	**6.00**	**19.00**	
VPHc001	699838	9565371	65.25	6.00	20.00	2
VPHc002	699892	9565315	88.37	4.00	18.00	
VPHc003	699938	9565202	47.00	3.00	15.00	
VPHc004	699974	9565313	44.00	5.00	16.00	
VPHc005	699951	9565777	56.00	2.00	18.00	
VPHc008	699980	9565265	44.00	9.00	20.00	
VPHc009	700007	9565318	60.00	3.00	18.00	
VPHc012	700111	9565640	37.88	10.00	18.00	
VPHc016	700131	9565611	58.00	7.00	18.00	
VPHc017	700171	9565672	35.97	8.00	18.00	
VPHc018	700166	9565670	42.34	9.00	15.00	
VPHc019	700201	9565521	48.70	4.00	17.00	
VPHc021	700193	9565888	44.00	11.00	20.00	
VPHc023	700228	9565855	43.61	8.00	18.00	
VPHc025	700233	9565821	36.00	7.00	18.00	
Promedio (Clase 2)			**50.07**	**6.40**	**17.80**	
VPHc006	699988	9565783	64.00	2.00	20.00	3
VPHc007	699993	9565287	34.00	6.00	15.00	
VPHc010	700029	9565751	37.88	2.60	15.00	
VPHc014	700101	9565428	35.00	4.00	15.00	
VPHc015	700141	9565480	33.00	10.00	18.00	
VPHc020	700190	9565856	43.00	1.50	16.00	
VPHc024	700221	9565831	56.00	4.00	15.00	
Promedio (Clase 3)			**43.27**	**4.30**	**16.29**	
Promedio General			**48.92**	**5.76**	**17.52**	