



ARTÍCULO

## **Análisis genético de un ensayo de progenies de ulmo (*Eucryphia cordifolia*) en un sitio degradado de la región de Los Ríos, Chile.**

Roberto Ipinza Carmona<sup>1</sup>; Alicia Ortega Zúñiga<sup>2</sup> & María Molina Brand<sup>3</sup>.

<sup>1</sup> Ingeniero Forestal, Doctor Ingeniero de Montes. Investigador del Instituto Forestal sede Valdivia, Chile. [roberto.ipinza@infor.cl](mailto:roberto.ipinza@infor.cl).

<sup>2</sup> Ingeniera Forestal, Dra. Ingeniera de Montes. Profesora de la Universidad Austral de Chile.

<sup>3</sup> Ingeniera Forestal, MSc. Investigadora Instituto Forestal sede Biobío.

\*Autor para correspondencia

DOI: <https://doi.org/10.52904/0718-2023.590>

Recibido: 30.06.2021; Aceptado: 07.09.2022

### RESUMEN

Se evalúan las mediciones anuales de altura, hasta los 47 meses de edad, de plantas de 9 progenies de ulmo (*Eucryphia cordifolia*) incluidas en un ensayo de métodos de plantación establecido en tres quilantales del predio Pumillahue en la comuna de Mariquina en la región de los Ríos. Se calculan los valores medios de altura a cada edad y se determinan valores de heredabilidad y correlaciones fenotípicas y genéticas entre las alturas medidas a diferentes edades. Se identifican familias de crecimiento sobresaliente, especulándose respecto a su eventual propagación clonal y recomendando continuar el estudio hacia edades más avanzadas.

**Palabras clave:** *Eucryphia cordifolia*, altura, parámetros genéticos.

### SUMMARY

Annual height measurements up to 47 months old, of plants of nine ulmo progenies (*Eucryphia cordifolia*) included in a trial of planting methods are evaluated. The trial is established in three "quilantales" (native bamboo invaded areas) of the Pumillahue farm in the Mariquina commune, in the Los Rios region. Mean height values are calculated at each age; heritability values and phenotypic and genetic correlations are determined between the heights measured at different ages. Families with outstanding growth are identified, speculating about their eventual clonal spread and recommending continuing the study at older ages.

**Keywords:** *Eucryphia cordifolia*, height, genetic parameters

## INTRODUCCIÓN

El ulmo (*Eucryphia cordifolia* Cav.) es un árbol siempreverde corpulento de copa redondeada y tronco recto, alcanza una altura de hasta 40 m y un diámetro de hasta 2 m (Morales, 2013); es una especie multipropósito, melífera-maderera, e ideal para restaurar bosques degradados mediante plantaciones suplementarias mixtas (Donoso & Soto, 2010).

En el predio Pumillahue (comuna de San José de la Mariquina, Región de los Ríos), el ulmo forma parte de una unidad vegetacional de amplia extensión, dominada por roble, *Nothofagus obliqua* y con un variado elenco florístico en el que se destaca la presencia de elementos laurifolios (Urrutia & Fuentes, 2021). Usando el concepto de estación forestal, definido por Gajardo *et al.* (2005), las zonas con ulmo de Pumillahue corresponderían a la Estación Forestal N° 11 de la clasificación de Navarro *et al.* (2014) denominada Siempreverde de olivillo (*Aextoxicon punctatum*), ulmo, lingue (*Persea lingue*) y mañío (*Podocarpus saligna*) (Cabello *et al.*, 2021).

En relación a las plantaciones existen interesantes experiencias con especies de tolerancia intermedia como la tepa (*Laureliopsis philippiana*) y el ulmo. El crecimiento de las plantaciones jóvenes de estas especies responde al índice de competencia de traslape de copas, sugiriendo que la competencia ocurre principalmente por la luz (Uteau & Donoso, 2009).

En la zona centro-sur de Chile el fenómeno de floración de *Chusquea quila* abarca extensas superficies y es una oportunidad única de que estos sitios forestales desaprovechados puedan reconvertirse en bosques productivos a través de plantaciones forestales (Gonzalez *et al.*, 1997).

El objetivo de este artículo es determinar los parámetros genéticos de las progenies de nueve madres de ulmo seleccionadas en el predio Pumillahue, en la Región de los Ríos. Tales progenies fueron incluidas en un ensayo de establecimiento de una plantación mixta de cinco especies nativas en quilantales habilitados para plantación en el predio Pumillahue. En el caso de ulmo, la semilla colectada desde cada madre fue viverizada y plantada manteniendo la identificación del árbol madre original. Consecuentemente, en lo que concierne a la especie ulmo, es un ensayo de progenie con estructura familiar conocida (progenies de medios hermanos), y por esta razón se puede determinar los parámetros genéticos que permiten en el corto, mediano y largo plazo orientar el mejoramiento genético de esta especie.



(Fotografía: R. Ipinza)

Figura 1. Flor y fruto de ulmo

## MATERIAL Y MÉTODO

### Selección de Árboles

Las áreas seleccionadas del predio Pumillahue para la colecta de semillas exhiben una intervención antrópica relativamente baja, por lo menos en los últimos 50 años, ya que antes hay evidencia de floreo y corta de áreas a tala rasa de los árboles de mayor valor económico. Las áreas en que se establecieron las plantas dentro del predio corresponden a un bosque degradado nivel 3, según la clasificación de Muñoz *et al.* (2018), que se caracterizan por estar muy alteradas, producto de talas en que se observan tocones o raíces expuestas, con escasos individuos adultos o bien áreas con una fuerte intervención agropecuaria, donde se observa poca o nula regeneración de individuos jóvenes producto del ramoneo por animales y con abundante presencia de *Chusquea quila*<sup>1</sup>.

<sup>1</sup> De acuerdo al Dr. Víctor Sandoval (QEPD) existen aproximadamente 500.000 hectárea de superficie invadidas por quilantales en áreas de bosque nativo (Comunicación Personal, 2017).

Se seleccionó cinco especies claves del bosque siempreverde (ulmo, roble, tepa, olivillo y lingue) en tres sitios del predio. Se trató de árboles adultos, en producción de semilla, y distanciados de otros ejemplares seleccionados por al menos 30 a 40 metros. Bajo la copa de cada árbol seleccionado se extendió una malla, para coleccionar sus semillas; en el caso de ulmo la semilla se colectó mediante escalamiento de cada uno de los nueve individuos seleccionados, esto para asegurar la trazabilidad desde la madre que produce la semilla hasta su plantación. En la **Figura 2** se muestra a un escalador cosechando frutos de ulmo.



(Fotografía: R. Ipinza)

**Figura 2.** Escalador subiendo un ulmo adulto para cosechar frutos

La semilla se colectó en bolsas de papel, se deshumidificó, se limpió y pesó, luego se secó y almacenó a una temperatura de 4°C, rotulando la especie, la cantidad, fecha de colecta y las variables de laboratorio (Ipinza & Hasbún, 2021). Para el caso específico del ulmo, las capsulas se colectaron por árbol y se colocaron en bolsas rotuladas para ser transportadas al laboratorio. Las capsulas fueron secadas a 25 grados, luego dejadas en disco de Petri para ser contadas. En algunas ocasiones las semillas fueron separadas manualmente de la capsula y luego almacenadas para su posterior viverización. El proceso de viverización se llevó a cabo siguiendo los procedimientos indicados por Gutiérrez (2021), no obstante, las especies lingue, olivillo y tepa se sembraron en junio de 2016, mientras que, roble, ulmo y una nueva partida de tepa fueron sembradas en septiembre de 2016, en el Centro Tecnológico de la Planta del Instituto Forestal, sede Biobío.

### Ensayos de Campo

Las progenies de ulmo evaluadas corresponden a las plantas obtenidas a partir de las semillas colectadas individualmente desde 9 árboles madres (**Cuadro 1**).

Las plantas evaluadas estaban incluidas en un ensayo de métodos de plantación, establecido en junio de 2017, en fajas habilitadas en tres quilantales del predio Pumillahue. En él se consideran cinco especies y seis tratamientos consistentes en combinaciones de densidad de plantación y proporción entre especies pioneras y tolerantes, en un diseño de bloques al azar, donde cada bloque corresponde a un quilantal (Ipinza, 2021). Para efectos de este análisis solo se consideran las plantas de ulmo existentes en el ensayo, ellas se representan en seis parcelas dentro de cada uno de los tres quilantales, con un número aproximado de una planta de ulmo de cada progenie por parcela, y entre 5 y 8 plantas de cada progenie por quilantal (**Cuadro 2**).

**Cuadro 1.** Códigos de progenies y de árboles madres de ulmo representados en el ensayo evaluado

Código de árbol madre en terreno	Código de identificación de progenie en el análisis
U1	101
U2	102
U3	103
U4	104
U5	105
Ux	106
U101	107
2U1	108
2U2	109

**Cuadro 2.** Número de plantas de ulmo por progenie y quilantal

Código de árbol madre en terreno	Código de identificación de progenie en el análisis	Quilantal 1	Quilantal 2	Quilantal 3	Total
U1	101	8	7	8	23
U2	102	7	7	8	22
U3	103	7	8	8	23
U4	104	7	8	7	22
U5	105	6	8	7	21
Ux	106	7	8	7	22
U101	107	7	8	7	22
2U1	108	5	8	7	20
2U2	109	7	8	7	22
Total Plantas		61	70	66	197
Parcelas/quilantal		6	6	6	18
Plantas/parcela/quilantal		10,2	11,6	11,0	10,9
Plantas/progenie/parcela/quilantal		1,1	1,3	1,2	1,2

### Evaluación y Análisis

Desde su instalación en el año 2017, al ensayo se le ha medido anualmente la altura total de sus plantas (**Cuadro 3**). En cada ocasión los árboles muertos fueron considerados datos perdidos o “missing”, en la base de datos.

**Cuadro 3.** Fechas de medición (edad) del rasgo altura (cm).

Fecha de Medición	Edad (meses)	Rasgos
Junio 2017	t <sub>0</sub>	Altura (cm) y sanidad
Mayo 2018	t <sub>11</sub>	Altura (cm) y sanidad
Febrero 2019	t <sub>20</sub>	Altura (cm) y sanidad
Junio 2020	t <sub>36</sub>	Altura (cm) y sanidad
Mayo 2021	t <sub>47</sub>	Altura (cm) y sanidad

En primer lugar se realizó un análisis gráfico descriptivo de la variable altura (cm), en función de la edad (meses), familias y de los quilantales o bloques.

Luego se procedió a un análisis estadístico de las alturas de ulmo, siguiendo el modelo lineal de la **Expresión (1)**, sugerido por Borralho (1995).

$$Y = \mu + Xb + Zu + e \quad (1)$$

Donde:

Y = Vector de fenotipos  
 $\mu$  = Promedio  
X y Z = Matrices de incidencia de efectos genéticos aleatorios  
b = Vector de coeficientes de regresión  
u = Vector que contiene los efectos genéticos aditivos ( $\sim N(0, \sigma^2_u)$ )  
e = Vector que contiene los valores residuales ( $\sim N(0, \sigma^2_e)$ )

El análisis estadístico se desarrolló en dos etapas. Primero, un análisis univariado por edad (fecha de medición) para la respectiva altura; este incluye el efecto bloque y el efecto familia para obtener los valores de mejora y los componentes de varianza por edad (fecha de medición) de la altura. La segunda etapa corresponde a un análisis multivariado (modelo completo) para los componentes de varianza, y el mejor estimador lineal insesgado (BLUP) de los valores genéticos, usando un modelo de ecuaciones lineales mixtas, tal como lo describe Henderson (1984). Los componentes de varianza fueron estimados usando la máxima verosimilitud restringida (REML) (Patterson & Thompson, 1971). Todos los análisis se llevaron a cabo mediante el programa ASREML (Gilmour *et al.*, 1995; 1997).

A partir de los componentes de varianza para cada edad o fecha de medición en forma separada, se estimó la heredabilidad individual en sentido restringido ( $h^2$ ) de la altura (cm), para cada edad (**Expresión 2**)

$$h^2 = \sigma^2_a / (\sigma^2_a + \sigma^2_e) \quad (2)$$

Donde:

$\sigma^2_a$  = Varianza genética aditiva  
 $\sigma^2_e$  = Varianza residual

Las correlaciones genéticas, fenotípicas y residual entre las distintas edades (fechas de medición),  $r(x,y)$  para el rasgo altura (cm), fluctúan entre -1 a +1 y se calcularon como se indica en la **Expresión (3)**.

$$r(x,y) = \text{COV}_{(x,y)} / \text{SQRT}(\sigma^2(x) + \sigma^2(y)) \quad (3)$$

Donde:

$\sigma^2(x) + \sigma^2(y)$  = Estimaciones del componente de varianza genético aditivo o fenotipo o residual para los rasgos x e y (alturas a distintas edades)  
 $\text{COV}_{(x,y)}$  = Covarianza entre esos dos rasgos (altura en dos edades).

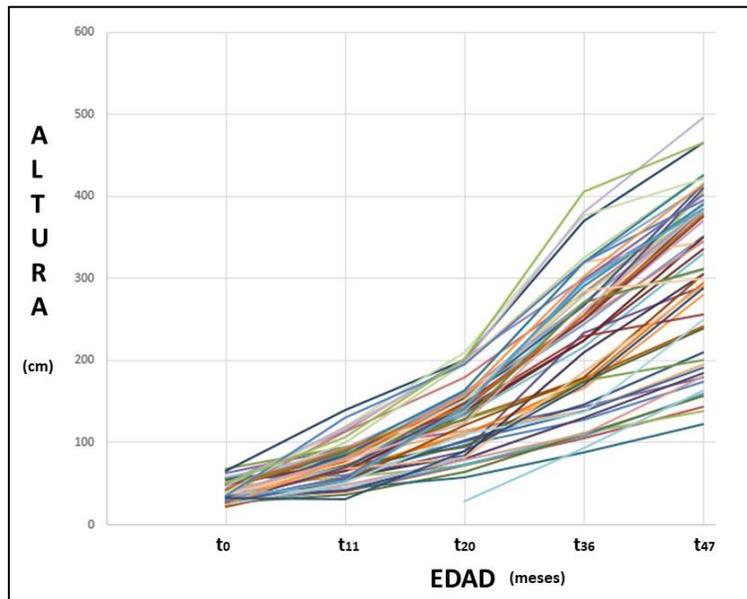
El coeficiente de parentesco usado para estimar las heredabilidades para las familias de polinización abierta en el ensayo fue de 0,25. El error estándar de los parámetros genéticos fue obtenido directamente de ASREML (Gilmour *et al.*, 1997). El ASREML también permite estimar el valor de mejora para cada árbol de ulmo, a cada edad para el rasgo altura.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

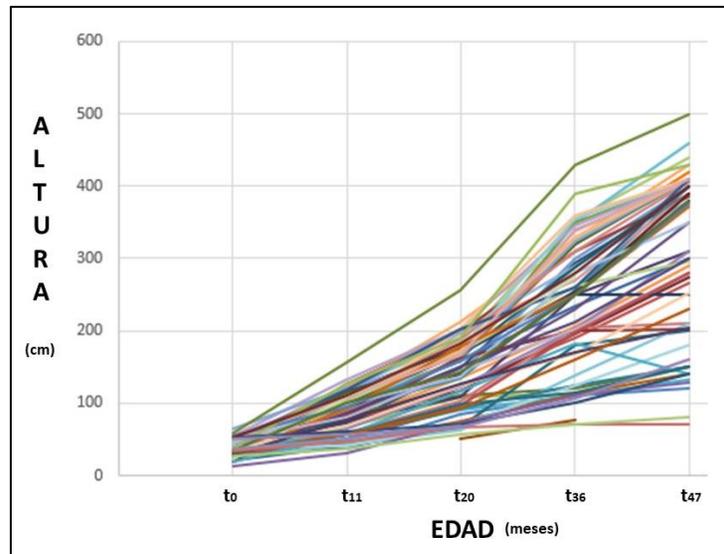
### Tendencias de Crecimiento por Quilantal

A continuación, se muestra la tendencia de crecimiento en la altura de todas las plantas de ulmo presentes en los Quilantales 1, 2 y 3 (**Figuras 3, 4 y 5**, respectivamente). Algunas líneas cortadas representan valores perdidos y luego plantas reemplazadas de la misma familia; las disminuciones de

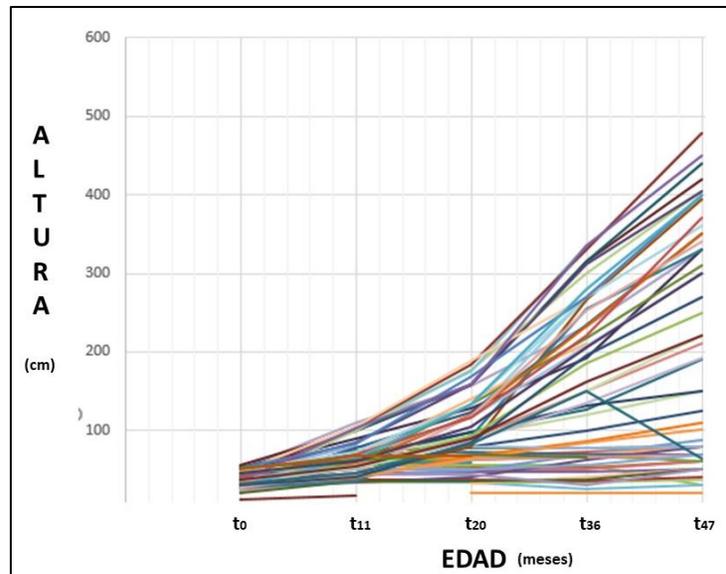
crecimiento representan plantas dañadas por animales e insectos nativos. Las plantas con esas características fueron declaradas como valores "missing" para el análisis estadístico.



**Figura 3.** Tendencia de crecimiento en altura (cm) de todas las plantas de ulmo a lo largo de sus 47 meses de vida en el Quilantal 1.



**Figura 4.** Tendencia de crecimiento en altura (cm) de todas las plantas de ulmo a lo largo de sus 47 meses de vida en el Quilantal 2.



**Figura 5.** Tendencia de crecimiento en altura (cm) de todas las plantas de ulmo a lo largo de sus 47 meses de vida en el Quilantal 3.

El Quilantal 1 (**Figura 3**) tiene una tendencia superior en la altura, que va desde 1 a 5 metros en el mes 47 (t47). El Quilantal 2 (**Figura 4**) mantiene la tendencia, aunque es más amplia en el mes 47 (t47), donde es posible encontrar plantas de ulmo menores a un metro de altura. En cambio, la variación en el Quilantal 3 (**Figura 5**) es aún mayor, pero no alcanzan los niveles de altura máxima encontrados en t47 en los Quilantales 2 y 3.

### Tendencias de Crecimiento por Familia y Quilantal

Los valores medios de altura, y sus respectivas desviaciones estándar (d.e.), para cada una de las familias de ulmo en cada quilantal, se presentan en las **Figuras 6-8**. Estas figuras evidencian que las mayores diferencias de altura se observan en las dos últimas mediciones (t36 y t47), tanto en sus valores promedios como las desviaciones estándar. El Quilantal 3 presenta los menores valores en estos dos estadísticos, en tanto los Quilantales 1 y 2 presentan cierta similitud, aunque la expresión familiar no es consistente. Un elemento que llama la atención es la familia 107 con el mayor valor promedio y la menor desviación estándar en el Quilantal 1.

En los quilantales 1 y 2 hay cierta consistencia entre los valores promedios y sus desviaciones estándar, lo que podría indicar que hay un desempeño “normal”, quizás respondiendo a diferencias ambientales. Por su parte, el Quilantal 3 presenta una alta desviación estándar respecto a sus valores promedios, de hecho, su desempeño es bajo y con mucha variabilidad. La familia 101, exhibe el mejor desempeño promedio en el Quilantal 2 y 3.

Finalmente, se observa que las desviaciones estándar de las dos últimas mediciones en el mes 36 y 47 (t36 y t47) tienden a acercarse, incluso en algunos casos desciende, aunque sus promedios manifiestan un crecimiento ascendente. En este caso, nuevamente destaca el Quilantal 3 donde no se observa esta relación. Es probable que este bloque (Quilantal 3) en el corto plazo tenga que subdividirse ya que exhibe cierto grado de heterogeneidad espacial en su suelo.

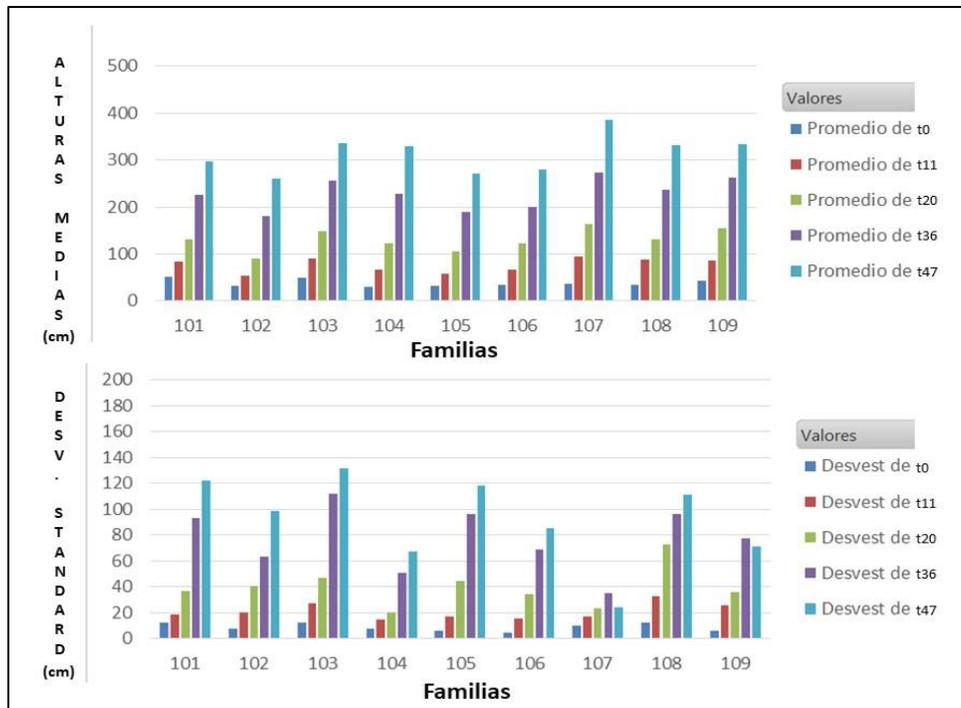


Figura 6. Alturas medias (arriba) y desviaciones estándar (abajo) en cm, por edad y familia, en el Quilantal 1.

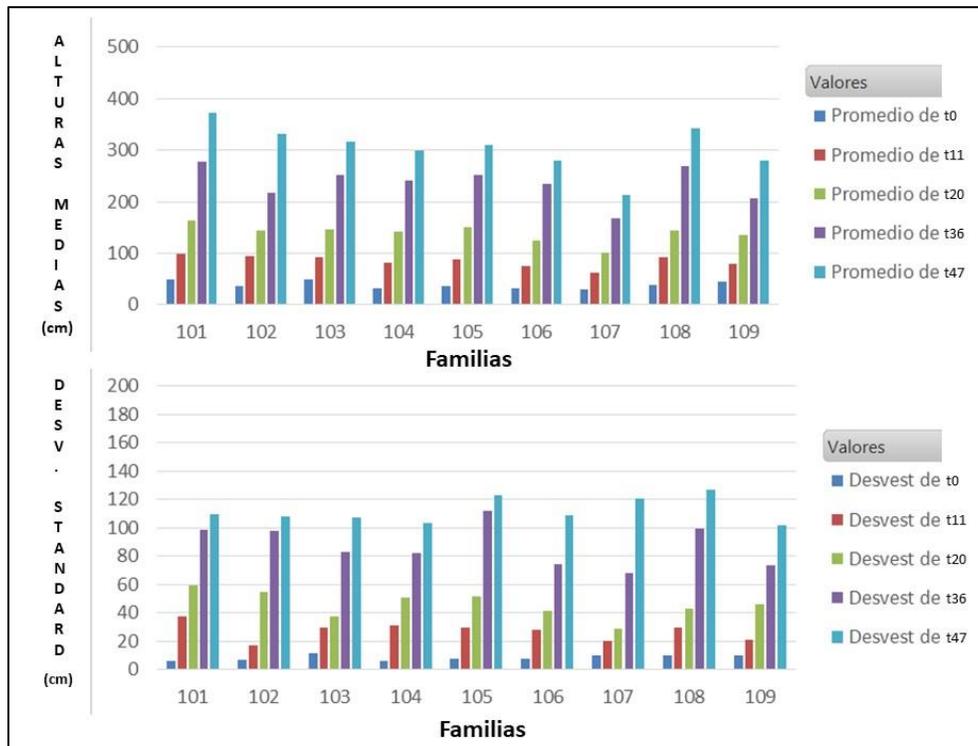


Figura 7. Alturas medias (arriba) y desviaciones estándar (abajo) en cm, por edad y familia, en el Quilantal 2.

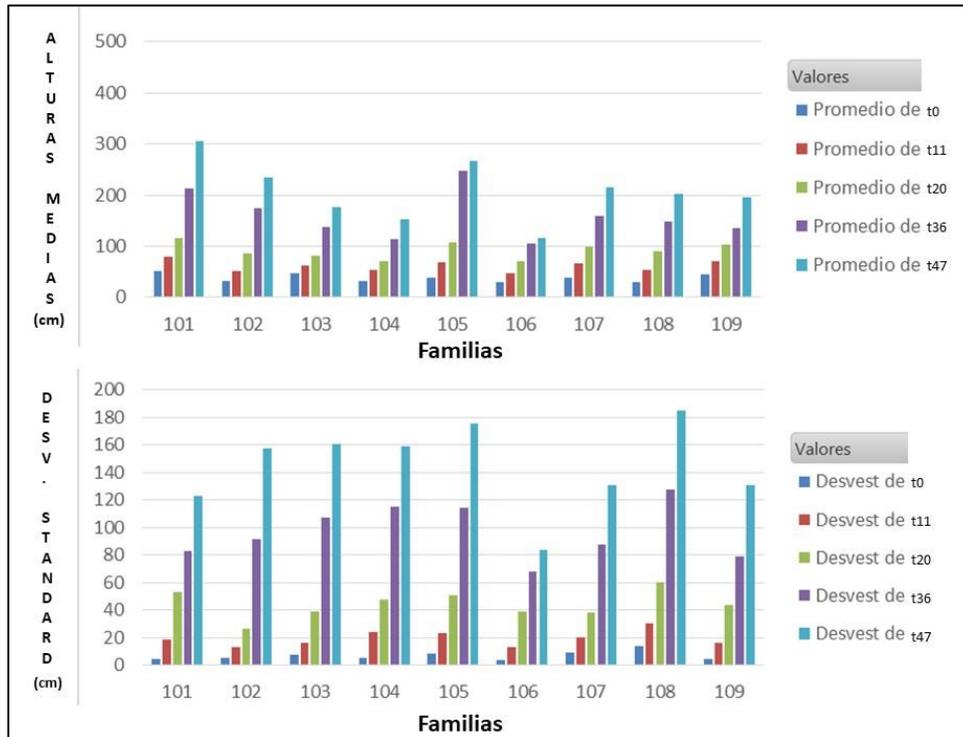


Figura 8. Alturas medias (arriba) y desviaciones estándar (abajo) en cm, por edad y familia, en el Quilantal 3.

### Valores Individuales Máximos de Altura por Familia y por Quilantal

Los valores individuales máximos en altura, alcanzados a cada edad (t0 a t47) por cada una de las familias de ulmo, se presentan en las Figuras 9-11, separados por quilantal.

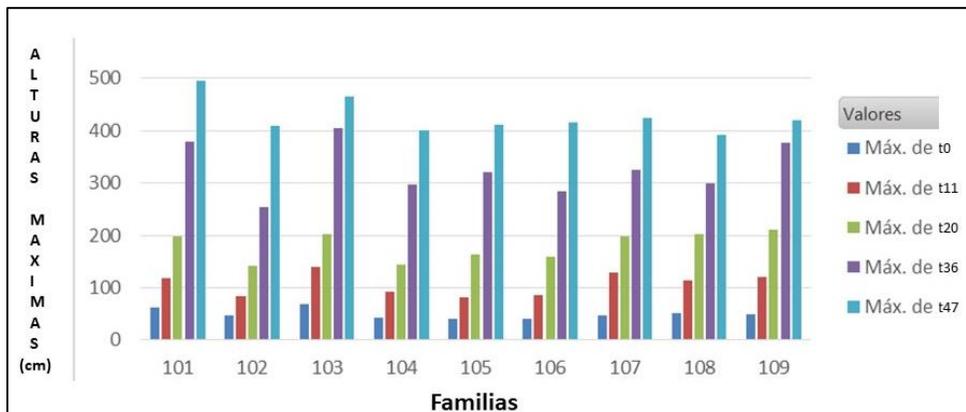


Figura 9. Alturas máximas en cm, por edad y familia, en el Quilantal 1

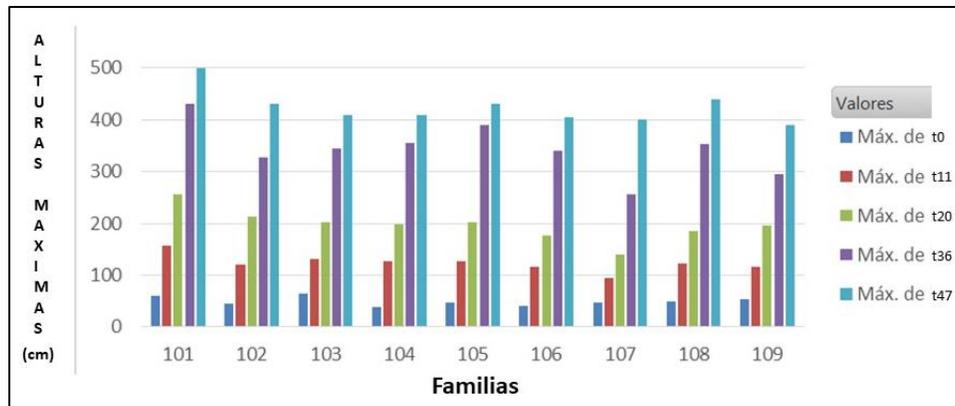


Figura 10. Alturas máximas en cm, por edad y familia, en el Quilantal 2

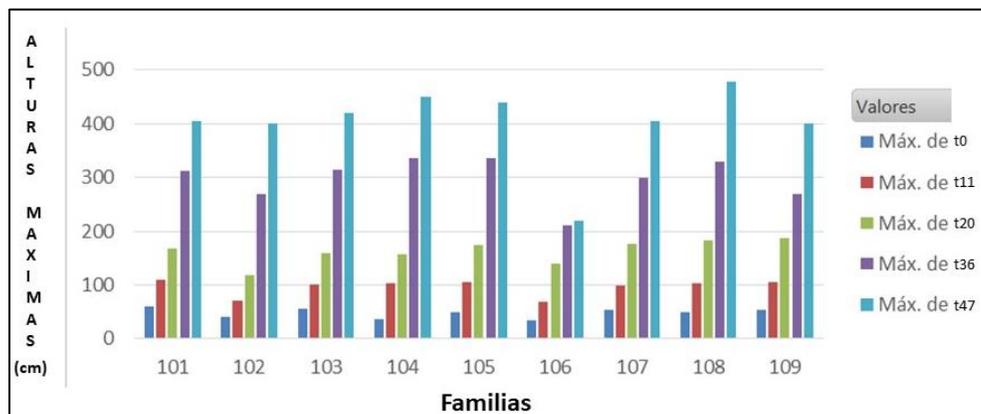


Figura 11. Alturas máximas en cm, por edad y familia, en el Quilantal 3.

En los quilantales 1 y 2 (Figuras 9 y 10, respectivamente) la máxima altura de la medición del mes 47 (t47) la alcanza la familia 101. En el Quilantal 3 (Figura 11), la máxima altura es alcanzada por la familia 108. Estos resultados pueden orientar el uso clonal para la propagación de este material.

### Parámetros Genéticos

- Heredabilidad

Las heredabilidades en sentido estricto, con sus respectivos errores estándar, para la variable altura en cada una de las edades evaluadas (t0, t11, t20, t36 y t47) con el modelo familiar utilizado, se entregan en el Cuadro 4.

La heredabilidad es un cociente entre la variación debida a la acción genética en relación a la variación total. El cuadro 4 muestra que las heredabilidades de las alturas desde t0 a t20, son bajas y solo comienza a subir a partir del mes 36 (t36), alcanzando un valor moderado en el mes 47 (t47). Esto indica que hasta el mes 20 la variabilidad genética no se expresa mayormente, de modo que la variabilidad ambiental resulta proporcionalmente mucho mayor que la genética; posteriormente, a partir del mes 36 comienza a expresarse los genes responsables de la altura. Heredabilidades similares a  $t47 = 0,15$ , se han obtenido para la altura en los ensayos de progenie y procedencia de *Eucalyptus nitens* a los cinco años (Ipinza *et al.* 1997), en el predio San Lorenzo (Región del Biobío), Vista Alegre (Región de los Ríos) y el Bajo (Región de Aysén).

**Cuadro 4.** Heredabilidad ( $h^2$ ) y error estándar (e.e) de la altura de los ulmos en cada edad de medición (meses)

Altura/edad	$h^2 \pm e.e$
t0	0,06 $\pm$ 0,030
t11	0,08 $\pm$ 0,008
t20	0,04 $\pm$ 0,004
t36	0,10 $\pm$ 0,009
t47	0,15 $\pm$ 0,013

- Correlaciones

En el **Cuadro 5** se presenta la correlación genética aditiva entre las alturas a distintas edades, con su correspondiente error estándar. En él se observa que la correlación aditiva entre la altura en t0 y la altura en t47 alcanza su máximo valor ( $r_a = 0,7162$ ), ello implica que no se pueden hacer selecciones antes de los 47 meses (t47).

**Cuadro 5.** Correlación genética aditiva y error estándar (e.e.) entre pares de alturas a distintas edades de medición en meses.

Altura/edad	t0 $\pm$ e.e	t11 $\pm$ e.e	t20 $\pm$ e.e	t36 $\pm$ e.e	t47 $\pm$ e.e
t0 $\pm$ e.e	1				
t11 $\pm$ e.e	0,1538 $\pm$ 0,3219	1			
t20 $\pm$ e.e	0,1536 $\pm$ 0,0365	0,3333 $\pm$ 0,0000	1		
t36 $\pm$ e.e	0,3549 $\pm$ 0,0843	0,2521 $\pm$ 0,0000	0,0134 $\pm$ 0,0000	1	
t47 $\pm$ e.e	0,7162 $\pm$ 0,1701	0,5800 $\pm$ 0,0000	0,0074 $\pm$ 0,0000	0,0017 $\pm$ 0,0000	1

En el **Cuadro 6** se presenta la correlación fenotípica entre pares de alturas a distintas edades, con su correspondiente error estándar. Se observa que las correlaciones fenotípicas desde t0 a t47 experimentan una disminución, en cambio la tendencia de la correlación genética es inversa, es decir aumenta la correlación edad – edad a medida que progresa esta última.

**Cuadro 6.** Correlación fenotípica y error estándar (e.e) entre pares de alturas a distintas edades de medición en meses.

Altura/edad	t0 $\pm$ e.e	t11 $\pm$ e.e	t20 $\pm$ e.e	t36 $\pm$ e.e	t47 $\pm$ e.e
t0 $\pm$ e.e	1				
t11 $\pm$ e.e	0,897 $\pm$ 0,0581	1			
t20 $\pm$ e.e	0,299 $\pm$ 0,0628	0,7895 $\pm$ 0,0251	1		
t36 $\pm$ e.e	0,1732 $\pm$ 0,0653	0,5617 $\pm$ 0,0448	0,8321 $\pm$ 0,0187	1	
t47 $\pm$ e.e	0,1678 $\pm$ 0,0640	0,5088 $\pm$ 0,0481	0,7591 $\pm$ 0,0254	0,8498 $\pm$ 0,0138	1

En el **Cuadro 7** se presenta la correlación residual entre pares de alturas a distintas edades, con su correspondiente error estándar. En él se observa que la correlación residual edad – edad tiende a disminuir hacia los 47 meses, ello implica que el efecto de la variación ambiental tiende a disminuir.

**Cuadro 7.** Correlación residual y error estándar (e.e) entre pares de alturas a distintas edades de medición en meses.

Altura/edad	t0±e.e	t11±e.e	t20±e.e	t36±e.e	t47±e.e
t0±e.e	1				
t11±e.e	0,5168±0,0535	1			
t20±e.e	0,3080±0,0659	0,8200±0,0248	1		
t36±e.e	0,1578±0,0711	0,5919±0,0479	0,8898±0,0160	1	
t47±e.e	0,1078±0,0722	0,5032±0,0547	0,8383±0,0228	0,9663±0,0051	1

## CONCLUSIONES

Las plantas de ulmo del Quilantal 1 exhiben el mejor desempeño en crecimiento en altura, les siguen las del Quilantal 2 y luego las del Quilantal 3, ello implica que considerar el efecto bloque (Quilantal) ha sido adecuado, aunque será necesario reordenar el Quilantal 3.

La familia 101 muestra también el mejor desempeño fenotípico en altura en el Quilantal 2 y 3. La familia 107 en el Quilantal 1 tiene el mejor desempeño medio superior, lo que es muy interesante, con el objeto de la propagación vía sexual, ya que además exhibe una baja desviación estándar.

Progenies de la familia 101, alcanza la máxima altura a los 47 meses de edad en el Quilantal 1 y 2. En el Quilantal 3 la máxima altura a los 47 meses es alcanzada por progenie de la familia 108, lo cual la hace apropiada para la propagación vía clonal.

La heredabilidad individual en sentido estricto muestra valores iniciales bajos, pero a partir del mes 36 y 47 esta comienza a subir, es decir los genes responsables de la altura comienzan a ser transmitidos de madres a la progenie. Esto es indicativo que se deben continuar con nuevas mediciones anuales para verificar estas tendencias.

La correlación genética edad – edad entre las alturas se incrementa a mayor edad y la correlación fenotípica y residual disminuyen.

Hasta este momento (mes 47), este estudio debe ser considerado como una prueba de concepto por lo tanto es de carácter exploratorio y orientativo.

El ensayo debería continuar midiéndose anualmente, por lo menos hasta los próximos 5 años.

## AGRADECIMIENTOS

Los autores agradecemos el apoyo prestado por la Corporación Nacional Forestal de la Región de los Ríos, por su permanente preocupación y consideración, en especial al Sr. Neftalí Soto y Luis Riquelme. También agradecemos al FIBN por el financiamiento de este estudio.

## REFERENCIAS

- Borralho, N. (1995).** The impact of individual tree mixed model methods (BLUP) in tree breeding strategies. En: Potts, B., Borralho, N., Reid, J., Cromer, R., Tibbits, W. & Raymond, C. (Eds). *Eucalyptus Plantation: Improving Fibre Yield and Quality*. Proc. CRC-IUFRO. Conf., Hobart, 19-24 Feb. CRC for Temperate Hardwood Forestry, Hobart (Australia). Pp: 141-145.
- Cabello, J., Navarro, C. & Ipinza, R. (2021).** Definición del ecosistema de referencia en el tipo forestal siempreverde, una aplicación metodológica en la región de los Ríos. En: Ipinza, R., Gutiérrez, B., Molina, M. & Barros, S. (Eds). *Buenas prácticas y consideraciones genéticas para recuperación de bosques nativos degradados* (capítulo 6). Instituto Forestal. (En edición).

- Donoso, P. & Soto, D. (2010).** Plantaciones con especies nativas en el centro-sur de Chile: experiencias, desafíos y oportunidades. *Revista Bosque Nativo* 47:10-17.
- Gajardo, R., Luebert, F. & Estay, M. (2005).** Ensayo de una tipología de estaciones forestales en el Parque Nacional Tolhuaca, Chile. *Nota Técnica. Bosque*, 26(2): 47-56. <https://doi.org/10.4067/S0717-92002005000200007>
- Gilmour, A.R., Thompson, R. & Cullis, BR. (1995).** Average information REML, an efficient algorithm for variance parameter estimation in linear mixed models. *Biometrics*, N° 51. Pp: 1440-1450. <https://doi.org/10.2307/2533274>
- Gilmour, A.R., Thompson, R., Cullis, BR. & Welham, SJ. (1997).** ASREML user's manual. July 24, 1997. 100 p.
- Gutiérrez, B. (2021).** Consideraciones genéticas para la obtención de semillas y viverización de plantas para restauración. En: Ipinza, R., Gutiérrez, B., Molina, M. & Barros, S. Asenjo (Eds). *Buenas prácticas y consideraciones genéticas para recuperación de bosques nativos degradados (capítulo 9)*. Instituto Forestal. (En edición).
- Gonzalez, M., Donoso, C. & Fraver, S. (1997).** Respuesta inicial de *Eucryphia cordifolia* Cav., *Laurelia sempervirens* R. et P. Tul. y *Aextoxicon punctatum* R. et P. en plantaciones mixtas en sectores recientemente florecidos con *Chusquea quila* Kunth en el centro-sur de Chile. *Bosque*, 18(1): 53-59. <https://doi.org/10.4206/bosque.1997.v18n1-07>
- Henderson, C.R. (1984).** Applications of linear models in animal breeding. University of Guelph Press, Guelph.
- Ipinza, R., Gutiérrez, B. & Molina, M. (1997).** Análisis genético univariado de siete ensayos de progenie y procedencia de *Eucalyptus nitens* (Deane & Maiden) Maiden, en Chile. *Potencial Genético y Silvícola*. En: IUFRO Conference Modelling Growth of Fast Grown Tree Species. 3-5 September 1997. Valdivia - Chile.
- Ipinza, R. (2021).** Establecimiento de plantaciones nativas de alta biodiversidad. En: Ipinza, R., Gutiérrez, B., Molina, M. & Barros, S. (Eds). *Buenas prácticas y consideraciones genéticas para recuperación de bosques nativos degradados (capítulo 10)*. Instituto Forestal. (En edición).
- Ipinza, R. & Hasbún, R. (2021).** Ruta semillera: una alternativa ante la emergencia. En: Ipinza, R., Gutiérrez, B., Molina, M. & Barros, S. (Eds). *Buenas prácticas y consideraciones genéticas para recuperación de bosques nativos degradados (capítulo 8)*. Instituto Forestal. (En edición).
- Morales, J. (2013).** Información tecnológica de productos forestales no madereros del bosque nativo en Chile. *Antecedentes Silvícolas y Tecnológicos. Eucryphia cordifolia* (Ulmo). *Productos Forestales no madereros del Bosque Nativo*. INFOR. 27 p.
- Muñoz, F., Hasbún, R. & Alarcón, D. (2018).** Informe final proyecto CONAF FIBN 009/2016 "Criterios técnicos para caracterizar bosques nativos degradados del tipo forestal Siempreverde y guías de restauración usando bosques de referencia". Universidad de Concepción. Fondo de Investigación del Bosque Nativo. 101 p.
- Navarro, C., Hauenstein, E., Pinares, J., Esse, C. & Cabello, J. (2014).** Catálogo de Estaciones Forestales del bosque nativo de la Región de La Araucanía. - Proyecto INNOVA CORFO 11BPC-10164(11-13): Implementación de una Metodología de Tipificación de Bosque Nativo para la aplicación de la Ley 20.283 sobre Recuperación del Bosque Nativo y Fomento Forestal. Corporación Nacional Forestal, Universidad Católica de Temuco. 231 p.
- Patterson, H.D. & Thompson, R. (1971).** Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. *Biometrika*, N° 58. Pp: 545-554. <https://doi.org/10.1093/biomet/58.3.545>
- Urrutia, J. & Fuentes, A. (2021).** Métodos fitoecológicos aplicados a la caracterización actual de dos ecosistemas degradados. En: Ipinza, R., Gutiérrez, B., Molina, M. & Barros, S. (Eds). *Buenas prácticas y consideraciones genéticas para recuperación de bosques nativos degradados (capítulo 5)*. Instituto Forestal. (En edición).
- Uteau, D. & Donoso, P. (2009).** Early individual growth of *Eucryphia cordifolia* and *Laurelia sempervirens* planted under different competition conditions in southcentral Chile. *Cien. Inv. Agr.* 36(1):85-96. <https://doi.org/10.4067/S0718-16202009000100008>