

Revista Cubana de Ciencias Forestales

Volumen 14, 2026, enero-diciembre



*Variación clonal y estabilidad en la producción de conos en un huerto semillero asexual de *Pinus patula* generación 1,5*

*Clonal variation and cone production stability in a 1,5 generation asexual seed orchard of *Pinus patula**

*Variação clonal e estabilidade na produção de cones em um pomar de sementes assexuadas de *Pinus patula* geração 1.5*

Liliana Muñoz Gutiérrez^{1*} , Judith Esmeralda Cruz Gutiérrez² 

¹Centro Nacional de Investigación Disciplinaria en Conservación y Mejoramiento de Ecosistemas Forestales, INIFAP. Cuba.

²Centro Nacional de Recursos Genéticos, INIFAP. Cuba.

*Autor para la correspondencia: loexis.rodriguez@gtm.insmet.cu

Recibido: 11/06/2025.

Aprobado: 05/03/2026

RESUMEN

La contribución de los clones de un huerto semillero a la producción de conos determina el tamaño efectivo de la población y está altamente correlacionada con la producción de semillas. El objetivo fue determinar la variación clonal y estabilidad en la capacidad productiva de conos femeninos de clones de *Pinus patula* establecidos en un huerto



semillero asexual de generación 1,5. Se recolectaron y contaron los conos maduros de todos los clones a finales de marzo en los años 2021, 2022, 2023 y 2024. Se determinó la variación genética entre clones y años de producción, la heredabilidad en sentido amplio (H^2_c), el coeficiente de correlación de Spearman de la producción promedio de conos por clon entre años de evaluación, además se estimaron correlaciones fenotípicas de las medias de clones (r_p) y la correlación genética tipo B (r_B). La producción de conos femeninos mostró una amplia variación entre clones y entre años. Los coeficientes de correlación de Spearman entre los años de producción de conos fueron altos y positivos de 0,80 a 0,88. El grado de variación en la producción de conos fue mayor entre clones (σ^2_c) que dentro de clones (σ^2_e), la r_B fue de 0,79 y la H^2_c de 0,83 en el análisis conjunto de la producción de conos en cuatro años de evaluación, lo que indica que existe un elevado control genético en la capacidad de producción de conos. Solo 12 clones aportaron entre el 80 y 85 % de la producción total de conos femeninos. El HSA presenta un desbalance en la contribución clonal en la producción de conos lo que afecta negativamente el tamaño efectivo de población.

Palabras clave: coeficiente de variación, correlación fenotípica, correlación genética, heredabilidad, producción de conos, variación genética.

ABSTRACT

The contribution of clones from a seed orchard to cone production determines the effective population size and is highly correlated with seed production. The objective was to determine clonal variation and stability in the productive capacity of female cones of *Pinus patula* clones established in a 1,5 generation asexual seed orchard. Mature cones of all clones were collected and counted at the end of March in the years 2021, 2022, 2023 and 2024. Genetic variation between clones and years of production, broad heritability (H^2_c), Spearman's correlation coefficient of mean cone production per clones between years of evaluated were determined, phenotypic correlations of clone means (r_p) and genetic correlation type B (r_B) were estimated. Female cone production showed a wide variation between clones and years. Spearman's correlation coefficients between production cone production years were high and positive from 0,80 to 0,88. The degree of variation in cone production was higher among clones (σ^2_c) than within clones (σ^2_e),



the r_B was 0.79 and H^2_c was 0.83 in the joint analysis of cone production over four years of evaluation, indicating high genetic control in cone production ability. Only 12 clones contributed between 80 and 85 % of the total female cone production. The HSA presents an imbalance in clonal contribution to cone production which negatively affects the effective population size.

Key words: cone production, genetic correlation, genetic variation, heritability, phenotypic correlation, variation coefficient.

RESUMO

A contribuição dos clones em um pomar de sementes para a produção de cones determina o tamanho efetivo da população e está altamente correlacionada com a produção de sementes. O objetivo foi determinar a variação clonal e a estabilidade na capacidade produtiva de cones femininos de clones de *Pinus patula* estabelecidos em um pomar de sementes assexuado de 1,5 geração. Cones maduros de todos os clones foram coletados e contados no final de março de 2021, 2022, 2023 e 2024. Foram estimadas a variação genética entre clones e anos de produção, a herdabilidade em sentido amplo (H^2_c), o coeficiente de correlação de Spearman da produção média de cones por clone entre os anos de avaliação, as correlações fenotípicas das médias dos clones (r_p) e a correlação genética do tipo B (r_B). A produção de cones femininos apresentou ampla variação entre clones e entre anos. Os coeficientes de correlação de Spearman entre os anos de produção de cones foram altos e positivos, variando de 0,80 a 0,88. O grau de variação na produção de cones foi maior entre clones (σ^2_c) do que dentro de cada clone (σ^2_e). O r_B foi de 0,79 e o H^2_c foi de 0,83 na análise combinada da produção de cones ao longo de quatro anos de avaliação, indicando forte controle genético da capacidade de produção de cones. Apenas 12 clones contribuíram com entre 80% e 85% da produção total de cones das fêmeas. A HSA exibe um desequilíbrio na contribuição clonal para a produção de cones, o que impacta negativamente o tamanho efetivo da população.



Palavras-chave: coeficiente de variação, correlação fenotípica, correlação genética, herdabilidade, produção de cones, variação genética.

INTRODUCCIÓN

Pinus patula Schiede ex Schltdl. et. Cham ha tenido mucho éxito en plantaciones forestales comerciales en México y en otras partes del mundo, incluso ha sido sujeta a mejoramiento en el extranjero como en Colombia, Brasil y Sudáfrica (Dvorak *et al.*, 1995). En México, ya se tienen avances en programas de mejora genética para la producción de madera de alta calidad y para abastecer de planta a los programas de reforestación; estos programas permiten la producción de germoplasma en cantidad suficiente y con la calidad genética adecuada adaptada a los diferentes sitios de plantación. Prueba de ello, en la región de Aquixtla, Puebla, en 2003 se estableció un huerto semillero asexual (HSA) de primera generación con planta generada por injertos de 94 clones en un diseño completamente al azar, en terrenos de la Reserva Forestal Multifuncional “El Manantial”; en 2005 y 2007 se establecieron los ensayos de progenies con semillas de la población de selección para determinar los mejores progenitores (Salaya-Domínguez *et al.*, 2012). Los 11 mejores clones se seleccionaron con base en su crecimiento y densidad de madera (Escobar-Sandoval *et al.*, 2018); se realizaron cruza controladas, a partir de las cuales se produjo planta patrón y se injertaron, nuevamente con púas del huerto de primera generación (Velasco-Hernández y Muñoz-Gutiérrez, 2024). En agosto de 2016 se estableció el HSA de generación 1,5 con 31 clones distintos en el predio Chichicaxtla (19°45'14"N, 97°58'20"O; altitud 2,679 m) (Velasco-Hernández y Muñoz-Gutiérrez, 2024).

En muchos países, los huertos semilleros constituyen la mayor fuente de semillas, en Eslovaquia, el 40% de la planta utilizada para la reforestación procede de huertos semilleros (Gömöry *et al.*, 2003), en Finlandia el 60% (Jansson *et al.*, 2016) y en Suecia superior al 90% (Haapanen *et al.*, 2015). Para ello, se requiere determinar la cantidad de semilla producida y conocer la contribución de los clones a la cosecha de semillas, esto último, como uno de los factores de mayor importancia para determinar el valor genético de la semilla producida en el huerto y así garantizar la calidad y diversidad genética requerida (Park *et al.*, 2023).



Se ha demostrado que la producción de conos está altamente correlacionada con la producción de semillas en un huerto semillero (El-Kassaby *et al.*, 1989), en coníferas se ha observado una variación significativa entre clones y años en la producción de conos femeninos, como en HSA de *Pseudotsuga menziesii* (Mirb.) Franco (El-Kassaby *et al.*, 1989), *Pinus thunbergii* Parl. (Kang *et al.*, 2004), *P. sylvestris* L. (Bilir *et al.*, 2008), *P. tabuliformis* Carriere (Yuan *et al.*, 2014), *P. nigra* subsp. *pallasiana* (Lamb.) (Uysal, 2015), *Abies alba* Mill. (Teodosiu *et al.*, 2023), entre otras.

Al respecto, Kang (2001) indica que en un ciclo reproductivo en huertos semilleros no todos los clones producen al mismo tiempo ni la misma cantidad de conos femeninos, por lo tanto el lote de semillas cosechadas en un año no representa el pool genético total de los clones del huerto, ya que una porción reducida de los clones puede aportar mayoritariamente a la producción de semillas del huerto, aumentando la relación genética en la progenie producida, y ocasiona una reducción en la diversidad genética (Reynolds y El-Kassaby, 1990; Kang *et al.*, 2001). Con base en lo anterior, el objetivo fue determinar la variación clonal y estabilidad en la capacidad productiva de conos femeninos de clones de *Pinus patula* establecidos en un huerto semillero asexual de generación 1,5.

MATERIALES Y MÉTODOS

Área de estudio

El estudio se realizó en un huerto semillero clonal de *P. patula* de generación 1,5, establecido en la Reserva Forestal Multifuncional “El Manantial”, predio Chichicaxtla, Aquixtla, Puebla, México (19°45'14" N, 97°58'20" O; altitud de 2,679 m), cuenta con 31 clones y diferente número de rametos por clon (8-14 rametos), en un diseño completamente al azar con un espaciamiento de 3,0 x 3,0 m (Velasco-Hernández y Muñoz-Gutiérrez, 2024).



Recolecta de conos maduros

Para cada ciclo de producción, se recolectaron y contaron todos los conos maduros presentes en la copa de estos 31 clones con cinco rametos por clon (155 árboles) a finales de marzo en los años 2021, 2022, 2023 y 2024 los cuales corresponden a los ciclos reproductivos que iniciaron en primavera de 2019, 2020, 2021 y 2022, respectivamente.

Análisis de los datos

Se realizó un análisis de varianza a partir del número de conos recolectados en cada año (2021, 2022, 2023 y 2024) con el objetivo de estimar la variación genética entre clones y años en la capacidad productiva de conos femeninos durante los años de evaluación, a través del procedimiento Mixed del programa de análisis estadístico SAS (SAS, 2023). Previo al análisis, los datos originales de número de conos (x) se transformaron con la función $\sqrt{x}$ para homogeneizar la varianza entre años y entre clones (Steel y Torrie, 1980). La heredabilidad en sentido amplio (H^2_c) de la capacidad de producción de conos de las medias de clones (repetibilidad clonal), se calculó con la fórmula (Falconer y Mackay, 1996):

$$H^2_c = \frac{\sigma_c^2}{\sigma_c^2 + \left(\frac{\sigma_{ac}^2}{a}\right) + \left(\frac{\sigma_e^2}{ra}\right)}$$

Dónde: σ_c^2 es la varianza entre clones; σ_{ac}^2 es la varianza debida a la interacción de años por clones; σ_e^2 es la varianza debido al error; a es el número de años y r es el número de rametos por clon. Además, para evaluar el grado de estabilidad genética en la contribución de los clones a la producción total de conos entre años, se calculó la correlación genética tipo B (r_B) con la fórmula $r_B = (\sigma_c^2)/(\sigma_c^2 + \sigma_{ac}^2)$ (Falconer y Mackay, 1996); se estimó el coeficiente de correlación de Spearman de la producción promedio de conos por clon entre los diferentes años de evaluación y se estimaron las correlaciones fenotípicas mediante el coeficiente de correlación de Pearson y las correlaciones genotípicas a través de las varianzas y covarianzas de clones (σ_c^2) obtenidas a partir del análisis de varianza.



RESULTADOS

Variación en la producción de conos

El análisis de varianza indicó que existen diferencias altamente significativas ($p \leq 0,0001$) entre años en la producción de conos, entre clones y de la interacción clones $\times$ años sobre la variación en la capacidad de producción de conos en el HSA de *P. patula* generación 1,5 (Tabla 1).

Tabla 1. - Significancia estadística de los factores año, clon y de la interacción entre ambos sobre la capacidad productiva de conos en clones del huerto semillero de *P. patula*.

Factor	Grados de libertad	Valor de F	P > F
Año	3	37,39	<0,0001
Clon	30	21,65	<0,0001
Año x Clon	90	2,31	<0,0001

La producción de conos de los clones del huerto mostró una amplia variación en los cuatro años de evaluación. En 2021, el promedio de la producción por árbol fue de $2,8 \pm 5,4$ con un coeficiente de variación (CV) alto de 193,7, mientras que, en los otros tres años de evaluación, el promedio de la producción de conos por árbol incrementó conforme incrementó la edad del huerto y los coeficientes de variación fueron entre 166,5 y 202,5 (Tabla 2).

Tabla 2. - Valores promedio anuales por clon e indicadores de variación del número de conos en un huerto semillero de *P. patula*.

Año	N	Media	Mínimo	Máximo	Desviación estándar	Coeficiente de variación (%)
2021	31	2,8	0	41	5,4	193,7
2022	31	10,3	0	157	19,4	187,7
2023	31	13,2	0	174	26,8	202,5
2024	31	18,3	0	164	30,4	166,5



Correlación en la producción de conos entre clones y años

Los coeficientes de correlación de Spearman entre los ciclos de producción fueron altos y positivos de 0,80 a 0,88 ($p \leq 0,0001$) en los años de buena producción que corresponden a los ciclos 2021-2022, 2021-2024, 2022-2024 y 2023-2024, y moderados de 0,76 ($p \leq 0,001$) en los ciclos 2021-2023 y 2022-2023 (Tabla 3).

Tabla 3. - Valores de los coeficientes de correlación de Spearman para la producción promedio de conos por clon entre los diferentes años de evaluación en un huerto semillero de *P. patula*.

Año	2021	2022	2023	2024
2021	-	0,87<0,0001	0,76<0,0001	0,81<0,0001
2022		-	0,77<0,0001	0,82<0,0001
2023			-	0,88<0,0001
2024				-

El grado de variación en la producción de conos fue mayor entre clones (σ^2_c) que dentro de clones (σ^2_e , efecto ambiental), excepto para el ciclo 2023-2024. La correlación genética tipo B (r_B) fue de 0,79 en el análisis completo, con valores de 0,62 a 0,95 entre los diferentes pares de años, mientras que las correlaciones fenotípicas (r_p) entre años fueron positivas, elevadas y significativas ($r_p \geq 0,81$) en los últimos tres ciclos de producción. La heredabilidad global en sentido amplio de las medias de clones (repetibilidad clonal) fue de 0,83, aunque los valores estimados fluctuaron de 0,67 a 0,87, lo que indica un elevado control genético en la capacidad de producción de conos (Tabla 4).

Tabla 4. - Componentes de varianza, heredabilidad en sentido amplio (H^2_c) y correlaciones genéticas tipo B (r_B) para la capacidad productiva de conos en el huerto semillero de *P. patula*.

Parámetro	Capacidad productiva de conos femeninos						
	Análisis conjunto	2021-2022	2021-2023	2021-2024	2022-2023	2022-2024	2023-2024
σ^2_c	2,70	1,65	1,69	2,08	2,40	3,63	4,77
σ^2_{ac}	0,73	0,22	1,05	1,14	1,25	0,49	0,23
σ^2_e	2,79	2,02	1,79	2,59	3,00	3,79	3,57
$\sigma^2_{ac} / \sigma^2_c$	0,27	0,13	0,62	0,55	0,52	0,13	0,05



H^2_c	0,83	0,79	0,67	0,68	0,68	0,81	0,87
r_B	0,79	0,88	0,62	0,65	0,66	0,88	0,95
r_p		0,79	0,68	0,47	0,91*	0,81*	0,95*

*Diferencias significativas con $P < 0,001$. σ^2_c : varianza entre clones; σ^2_{ac} : varianza debida a la interacción de años por clones; σ^2_e : varianza debido al error; H^2_c : heredabilidad en sentido amplio de las medias de clones; r_B : correlaciones genéticas tipo B; r_p correlaciones fenotípicas de las medias de clones

Contribución de los clones a la producción de conos

Se determinó que el número de conos producidos por clon en cada año es variable, lo que indica que éstos no contribuyen de manera equitativa a la cosecha de semillas. Esta condición es más evidente en huertos de primera y de 1,5 generaciones, no todos los clones participan en la producción de conos anualmente, en este caso, los mismos clones participaron de manera constante durante los cuatro años de evaluación; solo siete clones fueron los más productivos (17S, 117C, 58C, 36C, 91C, 04Z y 83S), adicionalmente los clones 12C, 72R, 36S, 10R y 10S también participan en la producción de conos en al menos dos años (2021 y 2023); en conjunto estos 12 clones aportaron entre el 80 y 85 % de la producción total de conos femeninos (Figura 1).

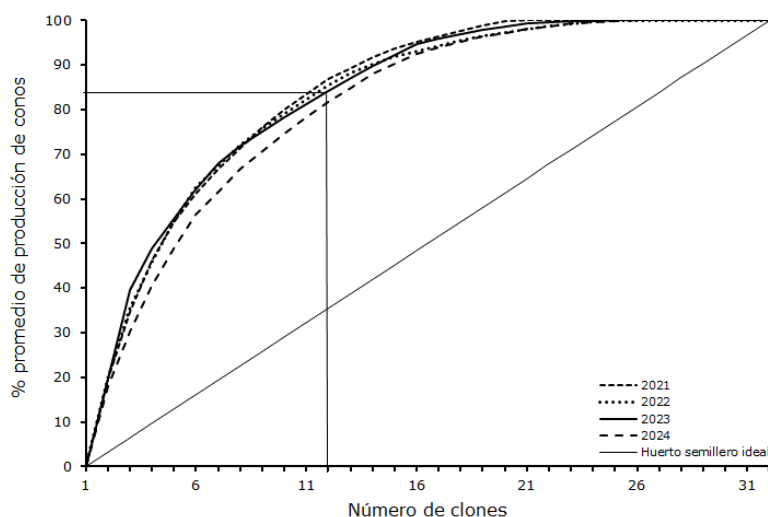


Figura 1. - Curva de contribución acumulada de la producción de conos de los clones del huerto semillero de *P. patula*.



DISCUSIÓN

Los huertos semilleros están diseñados para producir semilla de alta calidad y diversidad genética, lo que implica que todos los individuos deben contribuir por igual a la producción de gametos y cruza aleatorias, sin flujo genético externo (polen) u otros factores que afecten la variación en la diversidad genética (Funda *et al.*, 2012); en este caso, se produjeron fuertes interacciones entre los clones y los factores ambientales que deben tomarse en cuenta en los análisis de variación genética en la producción de conos (Tabla 1), similar a lo reportado en un HSA de *Pinus patula* de primera generación (Muñoz Gutiérrez *et al.*, 2020). En este trabajo se demostró que existe variación de la fertilidad de los clones y rametos, por ende, el tamaño efectivo de la población variaba anualmente en la producción de conos, lo que afecta a la mejora genética y a la diversidad genética (Nikkanen y Ruotsalainen, 2000), similar a lo reportado en el HSA de primera generación de *P. patula*.

Los coeficientes de variación fueron muy altos entre años de producción de conos, lo que indica que no todos los clones participan y los que producen no son estables cada año a pesar de que se observó una tendencia a incrementar la producción conforme a la edad del huerto (Tabla 1), lo anterior se atribuye a los cambios en patrones de temperatura y humedad, a la fenología reproductiva (Velasco-Hernández y Muñoz-Gutiérrez, 2024), a la dispersión de polen, la calidad del polen, a la autoincompatibilidad y el éxito reproductivo (El-Kassaby y Ritland, 1992).

En huertos de generaciones avanzadas es necesario identificar aquellos clones que no solo producen conos y semillas, sino que también muestren una baja variabilidad, es decir, menor CV en la producción en distintos años y ambientes (Tabla 2). La eliminación o retención de clones con alta producción de conos depende de una situación específica, ya que clones muy productivos pueden seguir seleccionándose para generaciones avanzadas de mejoramiento, ya que el número de años en los que estos clones se adaptan mejor a las condiciones ambientales es mayor y algunos tienen una producción estable.

Los coeficientes de correlación fluctuaron entre ciclos de producción, y puede explicarse por varios factores: los clones tienen diferentes tasas de crecimiento en relación con la producción de conos, la cual está determinada por factores genéticos; los ritmos de



floración y fructificación varían de un clon a otro; cambios en los factores ambientales influyen en los procesos de floración en distintos grados (Yuan *et al.*, 2014) y en este huerto de generación 1,5, algunos clones no tienen la misma edad, debido a fallas en la plantación, han sido replantados en años posteriores, por lo tanto todavía no se encuentran en producción.

Los coeficientes de correlación genética entre años fueron diferentes y los coeficientes de correlación fenotípica fueron mayores en al menos dos ciclos de producción (Tabla 4), lo que indica que, en algunos casos, la producción de conos está bajo un fuerte control genético y en otros años influyen más los factores ambientales como la temperatura, el viento y la humedad. Por otra parte, las diferencias en la heredabilidad entre clones reflejan cambios en la producción de conos entre años y que posiblemente se deben a cambios en los eventos de floración temprana o tardía en respuesta a los factores ambientales. Valores moderados de heredabilidad de 0,67 y 0,68 en tres ciclos de producción posiblemente indica variación de rametos dentro de clones y esa variación disminuye conforme incrementa la edad del huerto.

Comparado con el trabajo de Muñoz Gutiérrez *et al.*, (2020) en un huerto de primera generación de la misma especie, se observa que la producción de conos es más estable y constante conforme aumenta la edad del arbolado, sin embargo, difiere de la línea de contribución ideal de un huerto semillero, en donde el 100 % de los clones participe de manera equitativa en la producción de conos.

Por otro lado, las curvas de contribución acumulada de la producción de conos (Figura 1) mostraron una contribución clonal inferior a la esperada respecto al huerto ideal. En huertos semilleros la mayor diversidad genética solo se consigue cuando todos los progenitores contribuyen por igual al acervo genético de los gametos (por ejemplo, equilibrio Hardy-Weinberg) (Teodosiu *et al.*, 2023). El desbalance en la contribución de los clones a la cosecha de conos femeninos reduce el tamaño efectivo de población en el huerto y la diversidad genética de la progenie (Reynolds y El-Kassaby, 1990). En el caso de *P. patula*, el nivel de participación clonal fue alto, ya que entre 20 y 22 clones de los 31 están produciendo conos femeninos, aunque sólo 12 de ellos aportan entre el 80 y 85 % de la producción total y siete de manera consistente en los cuatro años de evaluación similar a lo encontrado por Muñoz Gutiérrez *et al.* (2020).



Los huertos semilleros de generaciones avanzadas suelen tener menos clones que los de primera generación, por lo tanto, es importante evaluar y seleccionar clones de forma eficaz. Los clones ideales deben tener el potencial genético para un rendimiento superior en diferentes sitios con condiciones ambientales contrastantes y deben producir también semilla adaptada a ambientes menos favorables. Los clones que presenten una baja producción de conos deben eliminarse, de acuerdo con las conclusiones señaladas en Kang y Lindgren (1998). La selección debe centrarse en clones con producción de conos de moderada a alta, bajo el supuesto de que estos clones presentan menor variación clonal y su interacción con factores ambientales, se adaptan mejor a las condiciones ambientales, tienen una producción estable de estructuras femeninas y conforme aumente la edad del arbolado, se espera que se estabilice su producción y sean capaces de heredar dichas características a la progenie.

CONCLUSIONES

Existe una amplia variación en la producción de conos entre clones y esta se va estabilizando conforme avanza la edad del huerto, lo que indica un elevado control genético en la capacidad de producción de conos.

Los valores de heredabilidad moderada (0,67 y 0,68) muestran variación entre rametos dentro de clones.

La contribución de los clones a la producción de conos es relativamente estable en 12 clones (17S, 117C, 58C, 36C, 91C, 04Z, 83S, 12C, 72R, 36S, 10R y 10S) que en conjunto aportan el 80 al 85 % de la producción total de conos femeninos.

El desbalance en la contribución de estos clones a la cosecha de conos afecta negativamente el tamaño efectivo de población de manera consistente en los cuatro años de evaluación.



AGRADECIMIENTOS

Agradecimientos a los ingenieros Salvador Castro Zavala y León Jorge Castaños Martínez por el apoyo económico otorgado para la realización de este trabajo en la Reserva Forestal Multifuncional “El Manantial”.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BILIR, N., PRESCHER, F., LINDGREN, D. y BUGALA, W., 2008. Variation in cone and seed characters in clonal seed orchards of *Pinus sylvestris*. *New Forests*. Vol. 36, pp. 187-199. DOI: 10.1007/s11056-008-9092-9. Disponible en: <https://link.springer.com/article/10.1007/s11056-008-9092-9>
- DVORAK, W.S., DONAHUE, J.K. y VÁSQUEZ, J.A., 1995. Early performance of CAMCORE introductions of *Pinus patula* in Brazil, Colombia and South Africa. *South African Forestry Journal*. Vol. 174, no. 1, pp. 23-33. DOI: 10.1080/00382167.1995.9629875. Disponible en: <https://www.tandfonline.com/doi/abs/10.1080/00382167.1995.9629875>
- EL-KASSABY, Y.A. y COOK, C., 1994. Female reproductive energy and reproductive success in a Douglas-fir seed orchard and its impact on genetic diversity. *Silvae Genetica*. Vol. 43, pp. 243-246. Disponible en: <https://www.semanticscholar.org/paper/Female-reproductive-energy-and-reproductive-success-El-Kassaby-Cook/574cfc65889d4b3924a061134cd5c76c21afe8c7>
- EL-KASSABY, Y.A. y RITLAND, K., 1992. Frequency-dependent male reproductive success in a polycross of Douglas fir. *Theoretical and Applied Genetics*. Vol. 83, no. 6, pp. 752-758. DOI: 10.1007/bf00226694. Disponible en: <https://link.springer.com/article/10.1007/BF00226694>
- EL-KASSABY, Y.A., FASHLER, A. y CROWN, M., 1989. Variation in fruitfulness in a Douglas-fir seed orchard and its effect on crop-management decisions. *Silvae Genetica*. Vol. 38, pp. 113-121. Disponible en:



https://scispace.com/papers/variation-in-fruitfulness-in-a-douglas-fir-seed-orchard-and-5dxl9l5vt3?citations_page=13

ESCOBAR-SANDOVAL, M.C., VARGAS-HERNÁNDEZ, J.J., LÓPEZ-UPTON, J., ESPINOSA-ZARAGOZA, S. y BORJA-DE LA ROSA, A., 2018. Parámetros genéticos de calidad de madera, crecimiento y ramificación en *Pinus patula*. *Madera y Bosques*. Vol. 24, no. 2, e2421595. DOI: 10.21829/myb.2018.2421595. Disponible en: https://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1405-04712018000200206

FALCONER, D.S. y MACKAY, T.F.C., 1996. Introduction to quantitative genetics. Longmans Green. Disponible en: <https://dn720307.ca.archive.org/0/items/introductiontoq00falc/introductiontoq00falc.pdf>

FUNDA, T., LSTIBŮREK, M., KLÁPSTE, J. y EL-KASSABY, Y.A., 2012. Optimization of genetic gain and diversity in seed orchard crops considering variation in seed germination. *Scandinavian Journal of Forest Research*. Vol. 27, no. 8, pp. 787-793. DOI: 10.1080/02827581.2012.686627, Disponible en: <https://www.tandfonline.com/doi/full/10.1080/02827581.2012.686627>

GÖMÖRY, D., BRUCHÁNIK, R. y LONGAUER, R., 2003. Fertility variation and flowering asynchrony in *Pinus sylvestris*: consequences for the genetic structure of progeny in seed orchards. *Forest Ecology and Management*. Vol. 174, no. 1-3, pp. 117-126. DOI: 10.1016/S0378-1127(2)00031-2. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0378112702000312>

HAAPANEN, M., JANSSON, G., NIELSEN, B.U., STEFFENREM, A. y STENER, L.G., 2015. The status of tree breeding and its potential for improving biomass production – a review of breeding activities and genetic gains in Scandinavia and Finland. Skogforsk, Uppsala, 56 pp. Disponible en: <https://www.skogforsk.se/contentassets/9d9c6eeaf374a2283b2716eddd8d552e/the-status-of-tree-breeding-low.pdf>



- JANSSON, G., HANSEN, K.J., HAAPANEN, M., KVAALEN, H. y STEFFENREM, A., 2016. The genetic and economic gains from forest tree breeding programmes in Scandinavia and Finland. *Scandinavian Journal of Forest Research*. Vol. 32, no. 4, pp. 273-286. DOI: 10.1080/02827581.2016.1242770. Disponible en: <https://www.tandfonline.com/doi/full/10.1080/02827581.2016.1242770>
- KANG, K.S. y LINDGREN, D., 1998. Fertility variation and its effect on the relatedness of seeds in *Pinus densiflora*, *Pinus thunbergii* and *Pinus koraiensis* clonal seed orchards. *Silvae Genetica*. Vol. 47, no. 4, pp. 196-201. Disponible en: <https://www.upsc.se/research/publications/52-1998/2110-fertility-variation-and-its-effect-on-the-relatedness-of-seeds-in-pinus-densiflora-pinus-thunbergii-and-pinus-koraiensis-clonal-seed-orchards.html>
- KANG, K.S., 2001. Genetic gain and gene diversity of seed orchard crops. [Doctoral thesis, Swedish University of Agricultural Sciences]. Disponible en: <https://www.cabidigitallibrary.org/doi/full/10.5555/20013166654>
- KANG, K.S., LINDGREN, D. y MULLIN, T.J., 2001. Prediction of genetic gain and gene diversity in seed orchards crops under alternative management strategies. *Theoretical and Applied Genetics*. Vol. 103, no. 6-7, pp. 1099-1107. DOI: 10.1007/s001220100700. Disponible en: <https://link.springer.com/article/10.1007/s001220100700>
- KANG, K.S., LINDGREN, D. y MULLIN, T.J., 2004. Fertility variation, genetic relatedness, and their impact on gene diversity of seeds from a seed orchard of *Pinus thunbergii*. *Silvae Genetica*. Vol. 53, pp. 202-206. Disponible en: <https://reference-global.com/article/10.1515/sg-2004-0037>
- MUÑOZ GUTIÉRREZ, L., VARGAS HERNÁNDEZ, J.J., LÓPEZ UPTON, J., RAMÍREZ HERRERA, C. y JIMÉNEZ CASAS, M., 2020. Clonal variation in phenological synchronization and cone production in a *Pinus patula* seed orchard. *Silvae Genetica*. Vol. 69, pp. 130-138. DOI: 10.2478/sg-2020-0018 Disponible en: https://www.researchgate.net/publication/350704692_Clonal_variation_in_phenological_synchronization_and_cone_production_in_a_Pinus_patula_seed_orchard



- NIKKANEN, T. y RUOTSALAINEN, S., 2000. Variation in flowering abundance and its impact on the genetic diversity of the seed crop in a Norway spruce seed orchard. *Silva Fennica*. Vol. 34, no. 3, pp. 205-222. DOI: 10.14214/sf.626. Disponible en: <https://www.silvafennica.fi/pdf/626>
- PARK, J.M., KIM, Y.J., GU, D.E., WOO, Y., CHO, G. y KANG, K.S., 2023. Clonal fertility and heritability in strobilus production, and gene diversity of seed crops in a second-generation seed orchard of *Pinus thunbergii*. *Silvae Genetica*. Vol. 72, no. 1, pp. 105-113. DOI: 10.2478/sg-2023-0010. Disponible en: <https://reference-global.com/download/article/10.2478/sg-2023-0010.pdf>
- REYNOLDS, S. y EL-KASSABY, Y.A., 1990. Parental balance in Douglas-fir seed orchards (cone crop vs. seed crop). *Silvae Genetica*. Vol. 39, no. 1, pp. 40-42. Disponible en: https://www.thuenen.de/media/institute/fg/PDF/Silvae_Genetica/1990/Vol_39_Heft_1/39_1_40.pdf
- SATISTICAL ANALYSIS SYSTEM. 2023. The SAS system for windows, release (V. 9.4) [Software]. SAS Institute Inc. Disponible en: <https://support.sas.com/software/94/#:~:text=SAS%209.4%20delivers%20a%20highly,documentation%20and%20review%20new%20capabilities>
- STEEL, R.G.D. y TORRIE, J.H., 1980. Principles and procedures of statistics: a biometrical approach. McGraw-Hill. Disponible en: <https://books.google.com/cu/books?id=HxXvAAAAMAAJ>
- TEODOSIU, M., BOTEZATU, A., CIOCÎRLAN, E. y MIHAL, G., 2023. Variation of cones production in a Silver Fir (*Abies alba* Mill.) Clonal Seed Orchard. *Forests*. Vol. 14, pp. 17. DOI: 10.3390/f14010017. Disponible en: <https://www.mdpi.com/1999-4907/14/1/17>



UYSAL, S.C., 2015. Clonal variation in gonon seed orchard of Anatolian black pine originated from Sutculer-Tota. [Doctoral Thesis, University Graduate School of Applied and Natural Sciences].

VELASCO-HERNÁNDEZ, S.I. y MUÑOZ-GUTIÉRREZ, L., 2024. Observaciones fenológicas en clones de *Pinus patula* Schltdl. & Cham. *Revista Mexicana de Ciencias Forestales*. Vol. 15, no. 86, pp. 144-166. DOI: 10.29298/rmcf.v15i86.1482. Disponible en: https://www.scielo.org.mx/scielo.php?pid=S2007-11322024000600144&script=sci_arttext

YUAN, H., ZHEXIN, L., PAN, F., WEI, L. y YUE L., 2014. Variation and stability in female strobili production of a first-generation clonal seed orchard of Chinese pine (*Pinus tabuliformis*). *Silvae Genetica*. Vol. 63, no. 1-2, pp. 41-47. DOI: 10.1515/sg-2014-0007. Disponible en: <https://reference-global.com/article/10.1515/sg-2014-0007>

Conflictos de intereses:

Los autores declaran no tener conflictos de intereses.

Contribución de los autores:

Los autores han participado en la redacción del trabajo y análisis de los documentos.



Esta obra está bajo una licencia de Creative Commons Reconocimiento-NoComercial 4.0 Internacional.

