

# Influencia de la procedencia genética y la edad en el diámetro para la especie *Gmelina arborea*

Jose Cascante<sup>1</sup>, Fatima Saborío<sup>1</sup>

[jose.cascantesolis@ucr.ac.cr](mailto:jose.cascantesolis@ucr.ac.cr) , [fatima.saborio@ucr.ac.cr](mailto:fatima.saborio@ucr.ac.cr)

## RESUMEN

La presente investigación aborda la importancia de comparar de qué forma el material genético (tipo de clon) produce un mayor diámetro promedio para la especie (*Gmelina arborea*), asimismo, por lo que se consideró valioso analizar si el promedio del diámetro respecto a cada edad presenta una tendencia en el tiempo, esto con el fin de conocer si el mejor clon del ranking de calidad tiene diferencias con otros clones y si el diámetro promedio tiene una variación en el tiempo. El objetivo de la investigación era probar la hipótesis de que entre mayor sea el puesto del clon en el ranking de calidad mayor será su diámetro promedio, además de que conforme aumenta la edad se dará un mayor desarrollo de los diámetros promedios.

A partir de los datos suministrados se tomaron varias decisiones; elegir los 5 mejores clones de un ranking genético y promediar las mediciones de los árboles que tenían un mismo material genético, por lo que la variable respuesta era el diámetro promedio del árbol. Se encontraron diferencias significativas entre el tipo de clon 1 y todos los demás tipos de clones, además, la edad logra aumentar el diámetro promedio.

**PALABRAS CLAVES:** Silvicultura clonal, modelos mixtos, material genético, efectos.

## INTRODUCCIÓN

El mejoramiento genético forestal es fundamental para el aumento de la productividad y la adaptabilidad de las especies, además permite que se conserve la diversidad genética existente a largo plazo. Esto se logra mediante ciclos recurrentes de selección, que consisten en la elección de genotipos deseados, y de mejora que consta del diseño de cruzamientos y la selección de la progenie resultante para la próxima generación (Sotolongo et al., s.f.). Asimismo, en un programa de mejoramiento genético es esencial considerar la edad de selección, principalmente en el campo forestal donde los resultados son a largo plazo y se busca ser lo más eficiente posible (Hernández et al., 2021). Por este motivo, se desea comparar de qué forma el tipo de clon produce un mayor diámetro promedio (medido a 1.3 metros sobre la base del árbol), además analizar si el diámetro promedio respecto a cada edad presenta una tendencia en el tiempo, con la finalidad de examinar si el mejor clon en el ranking de calidad presenta diferencias con los otros clones y si existe una variación del diámetro promedio respecto a la edad.

Además, en el mejoramiento genético forestal se debe contemplar dos terminologías esenciales la cual es propagación vegetativa y la silvicultura clonal, la primera es un método de obtener nuevas plantas a partir de una parte de la planta madre con la finalidad de garantizar

---

<sup>1</sup> Estudiantes de bachillerato en estadística de la Universidad de Costa Rica

tener toda la información genética de esa madre cuando se establezca la plantación en el campo, la silvicultura clonal es lo mismo que la propagación vegetativa exceptuando que, en esta se realizan pruebas clonales, lo cual tiene un mayor potencial, ya que, busca una selección de los mejores clones y del mayor rendimiento, pero esto hace que sea más compleja y presente mayores costos (Ipinza, 2015).

Por lo tanto, el mejoramiento genético forestal se ve obstaculizado principalmente por la duración de los intervalos de tiempo de los ciclos de mejoramiento, normalmente con duración de años o décadas, además, existen rasgos que pueden ser importantes en el objetivo del plan de mejoramiento, un ejemplo son las propiedades de la madera que estas se pueden expresar de forma tardía, lo que implica incertidumbre y que se eleven los costos (Fugerey et al., 2023). Una solución es la selección temprana que consiste en la selección de los mejores árboles según características atractivas económicamente a edades tempranas con la finalidad de mejorar la producción a la edad de rotación maximizando las ganancias por unidad de tiempo (Hernández et al., 2021).

Respecto a la especie *Gmelina arborea*, pertenece a la familia Verbenaceae, es una de las especies forestales más utilizadas en Costa Rica para la reforestación industrial, principalmente por su rápido crecimiento, su facilidad en el manejo y la versatilidad de usos de la madera (Rojas et al., 2004). Además, la melina es de importancia en el mercado costarricense por su versatilidad, principalmente para el uso de embalaje, para la industria de construcción, la ebanistería y para la producción de muebles (Oficina Nacional Forestal, 2022).

Siendo la especie *Gmelina arborea* una de las más utilizadas y dado la importancia del mejoramiento genético y la selección temprana, se plantea como objetivo evaluar el efecto del tipo de clon sobre el diámetro promedio, según la selección de los cinco mejores clones de un ranking de calidad genética, además de analizar si existe una tendencia en la edad con el tiempo y si esta varía según el clon de *Gmelina arborea*.

Asimismo, el objetivo anteriormente mencionado permite la estructuración del experimento, por lo cual, se establece la hipótesis de que entre mayor sea el puesto del clon en el ranking de calidad mayor será su diámetro promedio, además de que conforme aumenta la edad se dará un mayor desarrollo de los diámetros promedios.

## METODOLOGÍA

La base de datos utilizada fue suministrada por el Ph.D. Ingeniero Forestal Olman Murillo Gamboa, la cual consiste en un ensayo genético ubicado en Siquirres de Limón, cuyo diseño fue de bloques completos al azar (seis bloques), con un total de 25 clones procedentes de la Asociación para el Desarrollo sostenible de la Región Atlántica (ASIREA), un testigo (TC) proveniente de semillas del Banco de semillas del Centro Agronómico Tropical de Investigación y Enseñanza (CATIE) y otro testigo (T) proveniente de un rodal semillero de Hojanca, Guanacaste. El ensayo genético fue establecido en junio del 2010 y se realizaron mediciones en cinco edades diferentes a los 1.5, 2.8, 4, 4.9 y 5.9 años (Hernández et al., 2021).

Con el fin de analizar cuál tipo de clon genera un mayor diámetro promedio y si este está condicionado a una edad se toma en cuenta como único factor fijo el tipo de clon; se toma como una variable continua la edad y como único factor aleatorio el bloque. Asimismo, se toma como variable respuesta el diámetro promedio del árbol medido en centímetros.

La Figura 2 (ver anexo) resume las variables que se tomaron en cuenta a la hora de llevar a cabo la recolección de los datos. Es posible visualizar que se toman en cuenta las 5 edades mencionadas anteriormente, en cada una se toman las mediciones dentro de cada uno de los 6 bloques a los diferentes árboles.

Dado que inicialmente se tiene tantos niveles en el factor fijo (material genético) existe la posibilidad de que sea complejo el análisis, por lo tanto, se procedió a seleccionar los cinco mejores clones, esto mediante un ranking genético de la calidad de clones realizado por Salas (2012, p 33), en el cual analizaron los mismos datos y obtuvo que en el primer puesto se encuentra el clon 12, el segundo puesto corresponde al clon 20, el tercer puesto al clon 48, el cuarto al clon 1 y finalmente al puesto 5 el clon 4. De igual forma, se contaba con 5 árboles de cada tipo de clon, sin embargo, como estos contaban con el mismo material genético se promediaron y se tomó como una sola medición por clon.

Una vez realizada la selección del material genético se procedió a llevar a cabo un análisis exploratorio de los mismos, se inició con un estudio de las diferentes medidas que ayudan a su observación: la media general de la respuesta y la media observada del factor fijo, la desviación estándar, el mínimo y el máximo del factor fijo, además, la estimación de la varianza del factor aleatorio, su desviación estándar y el intervalo de confianza de la desviación estándar, la estimación de la varianza de la pendiente de la variable continua, se verificó el supuesto de homocedasticidad utilizando la prueba formal de Breusch-Pagan y el de normalidad usando la prueba formal de Kolmogorov-Smirnov, se hizo mención a los supuestos de no-multicolinealidad e independencia con el fin de analizar si se cumplían.

Asimismo, después de finalizar el análisis inicial de los datos se procedió a realizar una visualización con diferentes gráficos, como lo son: Gráficos para analizar los supuestos de normalidad, homocedasticidad y linealidad, un gráfico para analizar si la pendiente de la edad es similar de bloque a bloque dentro de cada material genético, un gráfico de los valores del diámetro promedio en cada edad separado por cada material genético para analizar la interacción entre la edad y el material genético, gráficos para analizar los supuestos de normalidad y homocedasticidad luego de eliminar la correlación entre pendientes e interceptos, el efecto del bloque en la pendiente de la edad y la interacción entre la edad y el material genético.

De igual forma, se inició definiendo un modelo general, esto implicó evaluar si existía correlación entre los interceptos y las pendientes, si la pendiente de la edad es la misma de bloque a bloque dentro de cada material genético y si se encuentra interacción entre la edad y el material genético, para lo anterior se planteó el siguiente modelo:

$$y_{ijk} = \beta_0 + \beta_1 E + \alpha_i + \delta_i E + \beta_{0j} + \beta_{1j} E + \varepsilon_{ijk}$$

Donde:

$\beta_0$  es el intercepto.

$\beta_1$  es el coeficiente de la edad.

$\alpha_i$  es el efecto del material genético.

$\delta_i$  es el efecto de interacción entre el material genético y la edad.

$\beta_{0j}$  es el efecto del bloque en el intercepto.

$\beta_{1j}$  es el efecto del bloque en la pendiente de la edad.

$\varepsilon_{ijk}$  es el error.

Como se desea evaluar si existe correlación, en el modelo general los efectos del bloque en el intercepto y en la pendiente de la edad tienen una distribución normal bivariada de la siguiente manera:

$$\beta_0, \beta_1 \sim N\left(\begin{pmatrix} 0 & 0 \end{pmatrix}, \begin{pmatrix} \sigma_0^2 & \rho\sigma_0\sigma_1 \\ \rho\sigma_0\sigma_1 & \sigma_1^2 \end{pmatrix}\right)$$

Es importante destacar que para el análisis se utilizó un modelo mixto, esto porque se cuenta con datos longitudinales, que implican varias mediciones a la misma unidad, por lo que estas mediciones son dependientes entre sí.

Para analizar si existía la correlación entre las pendientes y los interceptos indicada en el modelo anterior se planteó una prueba de hipótesis, utilizando como hipótesis nula que la medida de correlación es igual a 0, la misma se realizó utilizando una prueba formal de razón de verosimilitud para comparar el modelo general con un modelo que no tenía correlación entre pendientes e interceptos. Ya que no se logra rechazar la hipótesis con el nivel de significancia establecido, se concluyó que no se encuentra correlación entre las pendientes e interceptos, por lo tanto, estos cuentan con una distribución normal univariada de la siguiente manera:

$$\beta_0 \sim N(0, \sigma_0^2), \beta_1 \sim N(0, \sigma_1^2)$$

Asimismo, para observar si la pendiente de la edad es la misma de bloque a bloque dentro de cada material genético, se procedió a realizar los gráficos necesarios y una prueba de hipótesis en la que se utilizó como hipótesis nula que la varianza del efecto del bloque en la pendiente de la edad es igual a 0, es decir, que la pendiente de la edad es la misma de bloque a bloque dentro de cada material genético, para esto se utilizó una prueba formal de razón de verosimilitud para comparar el modelo sin correlación (el que se obtuvo antes) que incluye la pendiente de la edad contra un modelo que no la incluye, con la cual no se logró rechazar la hipótesis nula por lo que se concluyó que la pendiente de la edad es la misma de bloque a bloque dentro de cada material genético.

De igual forma, se estudió si existía interacción entre la edad y el material genético, para esto se realizaron los gráficos pertinentes y una prueba de hipótesis en la que se tomó como hipótesis nula que el efecto de interacción entre la edad y el material genético es igual a 0, en otras palabras, que el efecto del material genético del árbol sobre el diámetro promedio es independiente de la edad del mismo. La prueba anterior se realizó utilizando una prueba formal Chi-cuadrado, se obtuvo que no había suficiente información para rechazar la hipótesis nula por lo que se asumió que no existe interacción entre el material genético y la edad, por lo que se dice que la edad le afecta al material genético por igual.

Por consiguiente, se analizó si el efecto del material genético (tipo de clon) y la edad, de forma individual, son significativos, por lo que se hicieron 2 pruebas de hipótesis, una en la que se tomaba como hipótesis nula que el efecto del material genético era igual a 0, lo que quiere decir que sin condicionarse a una edad, los promedios de los materiales genéticos son

iguales y otra en la que se toma como hipótesis nula que, el efecto de la edad es igual a 0, es decir, que la edad no tiene ningún efecto en el diámetro promedio. Para ambas pruebas de hipótesis se realizó una prueba formal Chi-cuadrado, con la cual se logra rechazar ambas hipótesis nulas, por lo que se concluyó que los efectos del material genético y de la edad son significativos. Dado lo anterior, es posible mencionar que, sin condicionar a una edad, los promedios de los materiales genéticos son diferentes y que conforme aumenta la edad, aumenta el diámetro promedio.

A partir del procedimiento que se llevó a cabo anteriormente, se obtuvo el siguiente modelo:

$$y_{ijk} = \beta_0 + \beta_1 E + \alpha_i + \beta_{0j} + \varepsilon_{ijk}$$

Por último, una vez establecido el modelo se realizaron los análisis finales, en primer lugar, se analizan los efectos fijos del modelo, así como la estimación de la varianza del factor aleatorio a partir del modelo resultante, la desviación estándar y su intervalo de confianza. En segundo lugar, se realizó un análisis de diferencias entre los promedios de los materiales genéticos, ya que se quería ver si existe un efecto del material genético sobre el diámetro promedio sin condicionar a una edad, mediante comparaciones múltiples utilizando corrección de Bonferroni dado que se utiliza la edad como una variable continua, esto con el fin de encontrar cuál material genético tiene un mayor diámetro promedio. Al encontrar diferencias significativas se procedió las cotas de las mismas.

En tercer lugar, se analizó si la edad aumenta o disminuye el diámetro promedio, además, se llevaron a cabo el intervalo de confianza para este aumento o disminución. Se encontró que la edad aumenta el diámetro promedio.

Para el análisis de la investigación; gráficos y diferentes pruebas se utilizó el lenguaje de R con la versión 4.2.2 (R Core Team, 2022), utilizando como principales paquetes: *car* (Fox & Weisberg, 2019), *lattice* (Sarkar, 2008), *lme4* (Bates et al., 2015), *Matrix* (Bates et al., 2024), *emmeans* (Lenth, 2024), *lmttest* (Zeileis & Hothorn), además, el nivel de significancia utilizada fue de 0.05.

Como experto y colaborador de la investigación se contó con el Ph.D. Ingeniero Forestal Olman Murillo Gamboa, docente, extensionista, investigador de la Escuela de Ingeniería Forestal, del Instituto de Costa Rica, además, es director de GENFORES (Cooperativa Internacional de mejoramiento genético forestal).

## RESULTADOS

En primer lugar, se realizó un análisis exploratorio en el que se buscó conocer diferentes medidas importantes que ayudan a la observación, por lo anterior, se obtuvo que la media general del diámetro promedio es de 18.690 centímetros y que la estimación de la varianza del factor aleatorio, que en este caso corresponde al bloque es de 0.522 y su desviación estándar es de 0.722. Además, se obtuvo que la estimación de la varianza de las pendientes de la edad de bloque a bloque es de 0.080.

A continuación, se muestra un resumen de los estadísticos descriptivos de cada nivel del factor fijo (tipo de clon) según el diámetro promedio.

### Cuadro 1.

Estadísticos descriptivos de cada nivel del factor tipo de clon según el diámetro promedio (centímetros)

Tipo de clon	Media	Desviación estándar	Mínimos	Máximos
12	17.659	4.854	9.750	27.600
20	17.722	5.937	7.300	30.000
48	18.439	5.632	8.800	27.700
1	21.203	5.766	11.150	32.000
4	18.357	5.435	10.150	30.100

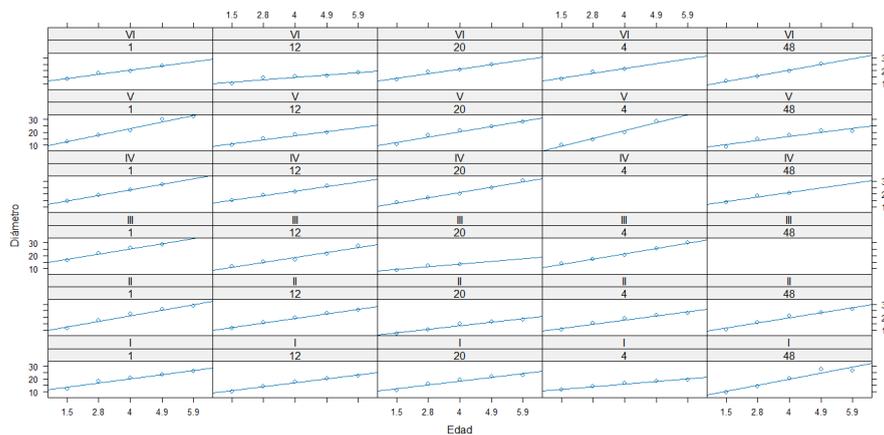
Con base en la dispersión de los datos, el Cuadro 1 refleja que el tipo de clon 20 es el que posee una mayor dispersión de los datos del diámetro promedio. Además, se observa que dentro de los rangos; es el tipo de clon que presenta un mayor rango y esto se evidencia al tener una desviación estándar alta, mientras que el tipo de clon 12 es el que genera el menor rango de sus datos.

Asimismo, se destaca que la media del tipo de clon 1 es la más alta entre los demás tipos de clones observados. De igual forma, el tipo de clon que presenta menor dispersión del diámetro promedio es el 12.

Con respecto a la verificación de los supuestos, primeramente, se realizó un gráfico en el que se muestran las mediciones de cada tipo de clon en cada bloque dentro de cada edad, esto con el fin de detectar si existe linealidad entre el diámetro promedio y la edad, en el caso en el que se cumpla esta linealidad, es posible utilizar la edad como una variable continua.

Figura 1.

Mediciones de cada tipo de clon en cada bloque dentro de cada edad.



En la Figura 1 es posible visualizar que los puntos, que en este caso corresponden a las observaciones, se mantienen cerca de las líneas y no presentan algún patrón irregular que pueda servir como sospecha de que no existe linealidad, sin embargo, es importante destacar que para el tipo de clon 48 dentro del bloque 3 y en el tipo de clon 4 dentro del bloque 4 no se cuenta con observaciones. Tomando en cuenta lo anterior, se asumió que existe linealidad entre el diámetro promedio y la edad, por lo que se procedió a utilizar la edad como una variable continua.

Correspondiente al supuesto de normalidad, primero se analizó para el modelo general, se realizó un gráfico de los residuales contra los cuantiles teóricos para visualizar si a partir del modelo, la distribución condicional de la variable respuesta (que en este caso corresponde al diámetro promedio) dado los factores y la edad es normal, este gráfico se llevó a cabo con los residuales del modelo.

En la Figura 3 (ver anexos) se busca que los residuales estén en su mayoría dentro de las bandas de confianza, lo cual en este caso se cumple, por lo que se puede suponer que el modelo cumple el supuesto de normalidad. Además, mediante una prueba kolmogorov-Smirnov se obtuvo como resultado una probabilidad asociada de 0.786, por lo que no hay suficiente evidencia estadística para rechazar la hipótesis nula de que existe normalidad en los residuales, y se asume que se cumple el supuesto de normalidad.

Luego, para verificar si el modelo posee homocedasticidad se realizó primero una comprobación visual de los residuales del modelo general contra los valores ajustados para así poder detectar algún patrón que indique que las varianzas no son constantes.

Observando la Figura 4 (ver Anexo) se aprecia como los residuales parecen seguir un comportamiento aleatorio sin presentar ningún patrón que indique que las varianzas no son constantes. Al realizar la prueba formal de Breusch-Pagan, bajo la hipótesis nula de que la varianza condicional de la respuesta es la misma para cada tipo de clon condicionado a una edad, se obtiene una probabilidad asociada de 0.437, por lo que no hay suficiente evidencia estadística para rechazar la hipótesis nula, por lo cual se asume que hay homocedasticidad, es decir, que las varianzas de cada distribución de la variable respuesta dado cada tipo de clon condicionado a una edad son constantes.

Asimismo, se utilizó un modelo mixto para el análisis, esto porque no se cumple el supuesto de independencia, dado que se tienen datos longitudinales, los cuales implican que se cuenta con medidas repetidas, estas se consideran como observaciones que dependen entre sí, ya que se miden varias veces a la misma unidad, en este caso, al mismo árbol se le realiza una medición en cada una de las edades.

Por otro lado, se analizó si existe correlación entre las pendientes y los interceptos, para esto se tomó el modelo general y se realizó una prueba formal de razón de verosimilitud de este modelo contra un modelo en el que no existe correlación, utilizando como hipótesis nula que la medida de correlación es igual a 0, es decir, que no existe correlación entre pendientes e interceptos. Al llevar a cabo la prueba, se encontró una probabilidad de 0.938, por lo tanto, no existe suficiente evidencia estadística para rechazar la hipótesis nula, por lo que se concluyó que no existe correlación entre las pendientes y los interceptos. Tomando en cuenta lo anterior, tanto las pendientes como los interceptos siguen una distribución normal univariada.

A continuación, se llevó a cabo un análisis gráfico para verificar si las pendientes de la edad son similares de bloque a bloque dentro de cada tipo de clon de la siguiente forma.

En la Figura 5 (ver anexo) se puede apreciar como en los clones 4, 12 y 20 parece que las pendientes de la edad no son tan similares, en los otros clones hay menos diferencias entre pendientes, pero estas no son iguales. Por lo que, hay indicios de que la pendiente de edad no es similar de bloque a bloque, dentro de cada tipo de clon, además, inicialmente se encontró que la estimación de la varianza de estas pendientes es de 0.080, lo cual puede considerarse como un indicio de lo anterior. Por lo cual, se realizó una prueba formal de razón de verosimilitud donde se comparó el modelo sin correlación con la pendiente aleatoria contra un

modelo que no presentaba la pendiente aleatoria, siendo la hipótesis nula que la varianza del efecto del bloque en la pendiente de la edad es igual a 0. Se determinó que no hubo diferencias significativas, ya que, el valor obtenido fue de 0.159, por lo que no hay suficiente evidencia estadística para rechazar la hipótesis nula, se procedió a realizar el análisis con un modelo sin pendiente aleatoria.

Por otro lado, mediante un gráfico que muestre las mediciones de cada edad agrupada por tipo de clon se busca verificar si existe interacción entre la edad y el tipo de clon.

Al analizar la figura 6 (ver anexo) se aprecia como la distancia entre las medias del diámetro promedio cuando se tiene un tipo de clon con respecto a la edad es muy similar en todo el rango de edad, exceptuando en edades superiores a 5.9 años que aumenta levemente la distancia entre las medias del diámetro promedio para todos los clones, a pesar de esto, no hubo indicios de que exista interacción entre la edad y el material genético (tipo de clon). Lo cual se confirmó al realizar una prueba formal de razón de verosimilitud tomando como hipótesis nula que el efecto de interacción entre la edad y el material genético es igual a 0, lo que es equivalente a decir que el efecto del material genético del árbol sobre el diámetro promedio es independiente de la edad del mismo. La probabilidad asociada fue de 0.241 por lo que no hay suficiente información para rechazar la hipótesis nula, por lo que se asume que no existe interacción entre el material genético y la edad, de modo que la edad afecta por igual en todos los tipos de clon.

Tomando en cuenta el análisis que se realizó anteriormente, se obtuvo un modelo reducido que corresponde a

$$y_{ijk} = \beta_0 + \beta_1 E + \alpha_i + \beta_{0j} + \varepsilon_{ijk}$$

A este modelo reducido se le realiza nuevamente la prueba de supuestos, en la Figura 7 (ver anexo) se asume que se cumple con el supuesto de normalidad, lo cual se confirma con la prueba formal de Kolmogorov-Smirnov, se obtuvo como resultado una probabilidad asociada de 0.858, por lo que no hay suficiente evidencia estadística para rechazar la hipótesis nula de que existe normalidad en los residuales.

Mientras que la homocedasticidad en la Figura 8 (ver anexo) parecen seguir un comportamiento aleatorio sin presentar ningún patrón que indique que las varianzas no son constantes, confirmándose la homocedasticidad con la prueba formal de Breusch-Pagan, se obtiene una probabilidad asociada de 0.437, por lo que no hay suficiente evidencia estadística para rechazar la hipótesis nula, por lo cual se asume que hay homocedasticidad.

Dado que no existe interacción entre el material genético y la edad, se procedió a analizar el efecto del material genético y la edad por separado, esto mediante una prueba de razón de verosimilitud. Correspondiente al material genético, se analizó si los promedios del diámetro promedio respecto a los distintos clones son iguales, planteando como hipótesis nula que el efecto del material genético es igual a 0, obteniendo que sí existen diferencias significativas en las medias de los distintos tipos de clones (probabilidad asociada  $p < 0.001$ ).

Respecto a la edad se analizó si esta tiene un efecto en el diámetro promedio, planteando como hipótesis nula de que el efecto de la edad es igual a 0, obteniendo una probabilidad asociada de ( $p < 0.001$ ) por lo que hay suficiente evidencia para rechazar la hipótesis nula, indicando que la edad sí tiene efecto en el diámetro promedio.

Asimismo, a partir del modelo reducido se obtuvo la estimación de la varianza de bloque a bloque nuevamente, con un valor de 1.246, obteniendo una desviación estándar de 1.116. Se calculó el intervalo de 95% de confianza para la desviación estándar de bloque a bloque, se encontró que esta se encuentra entre 0.529 y 2.443. Es importante destacar que la varianza estimada y la desviación estándar que se encontraron con el modelo reducido son mayores en comparación a las que se obtuvieron con el modelo general.

También, se realizó un análisis de diferencia de medias entre los distintos tipos de clones, para estudiar si existen diferencias significativas entre estos y poder concluir cuál tipo de clon es mejor. En el Cuadro 2 (ver anexo) se visualiza como el clon 1 posee una media de diámetro promedio más alta, además, el promedio este tiene una distancia por encima de la media general del diámetro promedio, ya que, posee un efecto positivo de 2.502, además de ser el que aumenta más la media. Asimismo, clon 12 el cual es el que se encuentra en la posición más alta del ranking genético, tiene la media más baja y posee una distancia por debajo de la media general del diámetro promedio, ya que posee un efecto negativo.

Seguidamente, se realizaron las comparaciones múltiples utilizando la corrección de Bonferroni, obtenido que existen diferencias significativas entre los clones 1 y 4, el 1 y 12, el 1 y 20, y el clon 1 con el 48, en todos los casos con una probabilidad asociada de ( $p < 0.006$ ), por otra parte, para las comparaciones de los clones 12 con el 20, el 12 con el 4, el 12 con el 48, el 20 con el 4, el 20 con el 48 y el clon 4 con el clon 48 no se encontraron diferencias significativas, ya que, la probabilidad asociada en todos los casos fue mayor al valor de significancia de 0.05.

Dado que únicamente se encontraron diferencias significativas entre los promedios de los clones 1 y 4, el 1 y 12, el 1 y 20, y el clon 1 con el 48, a estas diferencias se les calculó las cotas inferiores con ajuste de Bonferroni, por lo que se obtuvo con un nivel de confianza de 95% que la cota inferior de la diferencia de medias para el clon 1 y el 4 fue de 0.225 centímetros, lo que indica que con el clon 1 el diámetro promedio es al menos 0.225 centímetros mayor que el tipo de clon 4, indicando que el clon 1 es mejor que el clon 4; respecto al clon 1 y el clon 12 la cota inferior fue de 1.562 centímetros, indicando que el clon 1 el diámetro promedio es al menos de 1.562 centímetros mayor que el clon 12 por lo que el clon 1 es mejor que el clon 12; correspondiente al clon 1 y el clon 20 la cota inferior fue de 1.385 centímetros, indicando que el clon 1 el diámetro promedio es al menos de 1.385 centímetros mayor que el clon 20 por lo que el clon 1 es mejor que el clon 20, respectivo para el tipo de clon 1 y el clon 48 la cota inferior fue de 0.271 centímetros, indicando que el clon 1 el diámetro promedio es al menos de 0.271 centímetros mayor que el clon 48 por lo que el clon 1 es mejor que el clon 48, finalmente para aquellos contrastes que no se encontraron diferencias significativas en las medias, no se realizó una cota inferior. Esto ocurre independientemente de la edad debido a que no hay interacción entre el tipo de clon y la edad.

Finalmente, correspondiente al análisis de la edad, interesa ver el valor obtenido en pendiente de la edad, con la finalidad de conocer si la edad aumenta o disminuye el diámetro promedio, en este caso el valor es de 3.266, indicando que, al aumentar la edad en un año, se incrementa el diámetro promedio en 3.266 centímetros. Además, se obtuvo que el intervalo con un nivel de confianza de 95%, se encuentra entre 2.976 y 3.551 centímetros, indicando que, al aumentar la edad en un año, el diámetro promedio aumenta entre 2.976 y 3.551 centímetros en cualquiera de los tipos de clones.

## CONCLUSIONES

Es importante destacar que al graficar las mediciones de los tipos de clones (material genético) dentro de cada edad, agrupado por bloque (Figura 5) se esperaba que las pendientes de la edad de bloque a bloque dentro de cada tipo de clon fueran diferentes, sin embargo, al realizar la comparación de los modelos con la prueba formal de razón de verosimilitud se encontró que estas pendientes eran similares. De igual forma, al graficar las mediciones de cada edad agrupadas por el tipo de clon (Figura 6) se observó que la distancia entre las medias del diámetro promedio cuando se tiene un tipo de clon con respecto a la edad es muy similar en todo el rango de edad, por lo que se sospechaba que no existía interacción entre el tipo de clon y la edad, esto fue confirmado al realizar la prueba formal de razón de verosimilitud, por lo que se concluyó que el efecto del material genético del árbol sobre el diámetro promedio es independiente de la edad del mismo.

De los cinco clones de *Gmelina arborea* seleccionados en el ranking de calidad genética únicamente se encontraron diferencias significativas entre los clones 1 y 4, el 1 y 12, el 1 y 20 y el clon 1 con el 48, siendo en todos los casos el clon 1 el mejor, esto difiere con la hipótesis planteada, dado que se esperaba que el clon en el primer puesto del ranking el cual corresponde al clon 12 fuera el que mayor diámetro promedio presentará en comparación con los demás, incumpléndose. Siendo mejor el clon 1 que estaba en el puesto 4, según Salas (2012) la calidad es una variable integradora que contempla varias variables como lo son el daño por viento, presencia de ramas gruesas y bifurcaciones, el estado fitosanitario, por lo que, al no tener esta información en la base de datos y no poder incluirla en el modelado, puede influir en los resultados obtenidos y por ende incumplir con la hipótesis esperada.

La edad al ser significativa y el valor de la pendiente al ser 3.266, indica que al aumentar la edad en una unidad también incrementa el diámetro promedio en una unidad esto concuerda con lo obtenido por Hernandez et al. (2021) que indica que para los clones de *Gmelina arborea* la tendencia de heredabilidad del diámetro aumenta conforme aumenta la edad, concordando con la hipótesis planteada al inicio del estudio.

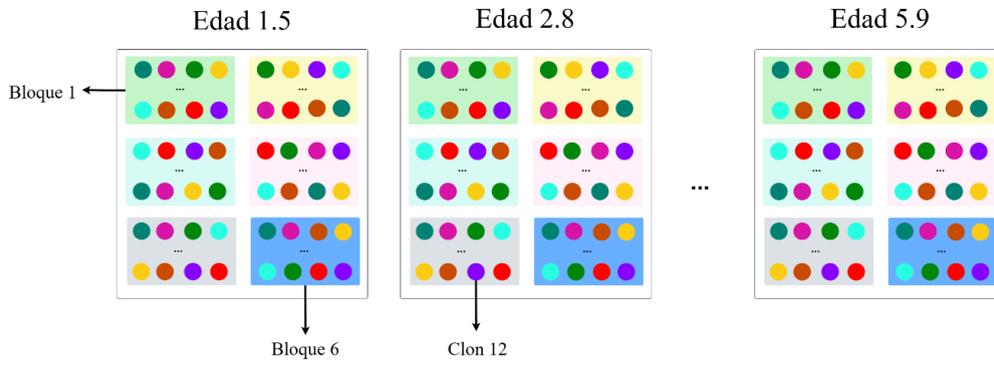
## BIBLIOGRAFÍA

- Achim Zeileis & Torsten Hothorn. (2002). Diagnostic Checking in Regression Relationships. R News 2(3), 7-10. URL <https://CRAN.R-project.org/doc/Rnews/>
- Bates, D., Maechler, M. & Jagan, M. (2024). Matrix: Sparse and Dense Matrix Classes and Methods. R package version 1.7-0, <https://CRAN.R-project.org/package=Matrix>.
- Bates, D., Maechler, M., Bolker, B. & Walker, S. (2015). Fitting Linear Mixed-Effects Models Using lme4. Journal of Statistical Software, 67(1), 1-48. doi:10.18637/jss.v067.i01.
- Fox, J. & Weisberg, S. (2019). An R Companion to Applied Regression, Third edition. Sage, Thousand Oaks CA. <https://socialsciences.mcmaster.ca/jfox/Books/Companion/>.
- Fugerey, A., Irz, X., & Lemarié, S. (2023). Innovation in forest tree genetics: A comparative economic analysis in the European context. *Forest Policy and Economics*. 155, 103030. <https://doi.org/10.1016/j.forpol.2023.103030>
- Hernandez, W., Badilla, Y., Esquivel, E., & Murillo, S. (2021). Comportamiento de clones de *Gmelina arborea* Roxb. en condiciones de suelo ácido. *Revista de Ciencias Ambientales, Tropical Journal of Environmental Sciences*. 55(2). <https://doi.org/10.15359/rca.55-2.11>
- Hernández, W., Murillo, O., & Badilla, Y. (2021). Selección temprana en ensayos clonales de melina (*Gmelina arborea* Robx.) en Costa Rica. *Agronomía Mesoamericana*. 32(1), 93-106, <https://doi.org/10.15517/am.v32i1.42069>
- Ipinza, R. (2015). *Silvicultura clonal, Versión 1.0*. Ministerio de Agricultura, Gobierno de Chile. [https://www.researchgate.net/publication/286779956\\_Silvicultura\\_Clonal\\_Versión\\_1\\_0](https://www.researchgate.net/publication/286779956_Silvicultura_Clonal_Versión_1_0)
- Lenth R. (2024). emmeans: Estimated Marginal Means, aka Least-Squares Means. R package version 1.10.1, <https://CRAN.R-project.org/package=emmeans>
- Oficina Nacional Forestal (ONF). (2022). *Usos y aportes de la madera en Costa Rica*. [PDF]. Oficina Nacional Forestal (ONF). [https://onfcr.org/wp-content/uploads/ONF\\_Usos-y-Aportes-2021.pdf](https://onfcr.org/wp-content/uploads/ONF_Usos-y-Aportes-2021.pdf)
- Rojas, F., Arias, D., Moya, R., Meza, A., Murillo, O., & Arguedas, M. (2004). Manual para productores de melina *Gmelina arborea* en Costa Rica. <https://www.fonafifo.go.cr/media/1334/manual-para-productores-de-melina.pdf>
- Salas, R. (2012). *Evaluación de un ensayo genético de Gmelina arborea en Siquirres, Limón*. [Tesis licenciatura, Tecnológico De Costa Rica]. Repositorio TEC. <https://repositoriotec.tec.ac.cr/handle/2238/2949>
- Sarkar, D. (2008). Lattice: Multivariate Data Visualization with R. Springer, New York. ISBN 978-0-387-75968-5, <http://lmdvr.r-forge.r-project.org>.
- Sotolongo, R., Geada, G., & Cobas, L. (s.f.). Mejoramiento genético forestal. Texto para estudiantes de Ingeniería Forestal. *Food and Agriculture Organization of the United Nations* (FAO). [https://www.fao.org/fileadmin/user\\_upload/training\\_material/docs/Mejoramiento%20Genetico%20Forestal.pdf](https://www.fao.org/fileadmin/user_upload/training_material/docs/Mejoramiento%20Genetico%20Forestal.pdf)

## ANEXOS

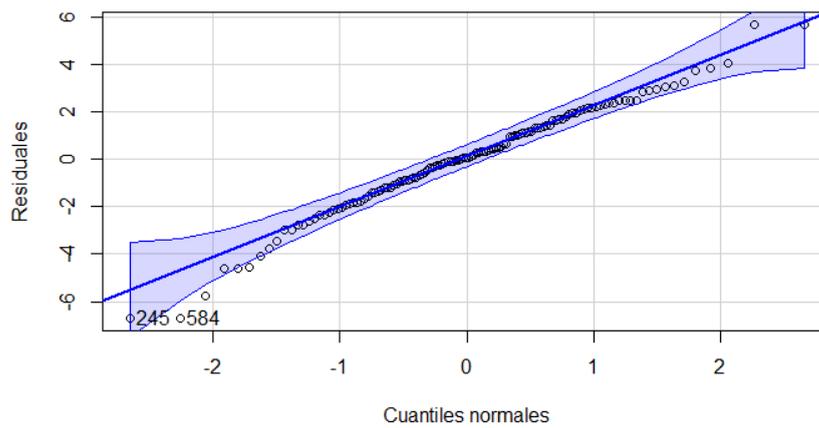
**Figura 2.**

*Esquema del diseño del ensayo genético.*



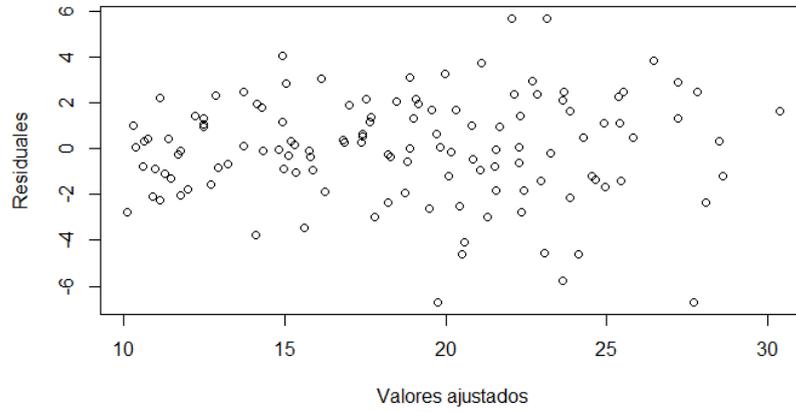
**Figura 3.**

*Distribución de los residuales del modelo general contra los cuantiles teóricos.*



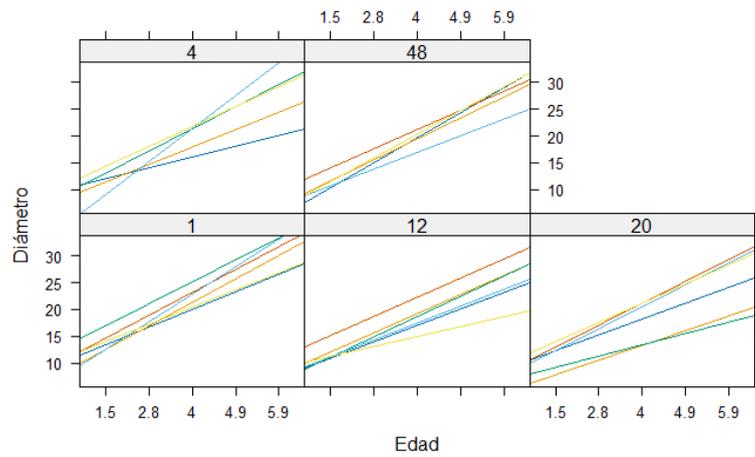
**Figura 4.**

*Distribución de los residuales del modelo general contra los valores ajustados del mismo modelo.*



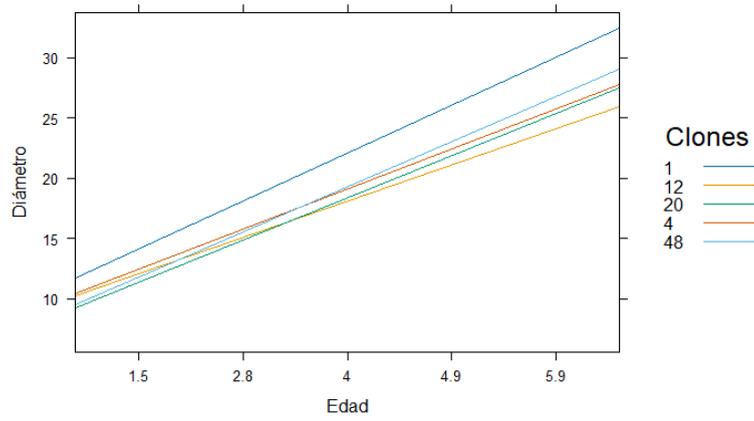
**Figura 5.**

*Mediciones de los tipos de clones dentro de cada edad agrupado por bloque.*



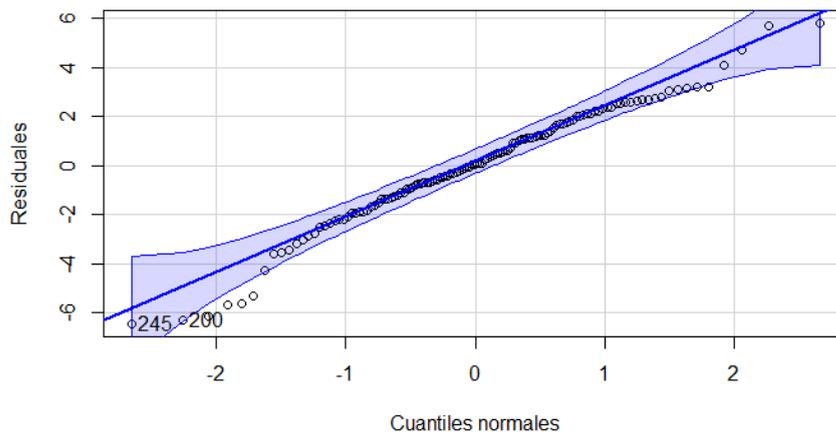
**Figura 6.**

*Mediciones de cada edad agrupada por tipo de clon.*



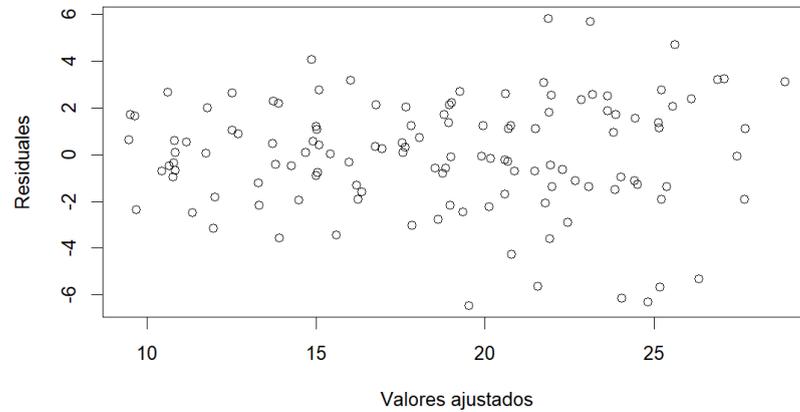
**Figura 7.**

*Distribución de los residuales del modelo general contra los cuantiles teóricos.*



**Figura 8.**

*Distribución de los residuales del modelo general contra los valores ajustados del mismo modelo.*



**Cuadro 2.**

*Estadísticos descriptivos de cada tipo de clon según diámetro promedio (centímetros).*

<b>Tipo de clon</b>	<b>Media</b>	<b>Efecto simple</b>
<b>12</b>	17.659	-1.327
<b>20</b>	17.722	-1.150
<b>48</b>	18.439	-0.036
<b>1</b>	21.203	2.502
<b>4</b>	18.357	0.010