

**MARCUS VINICIUS VIEIRA BORGES**

**SELEÇÃO DE CLONES DE EUCALIPTO POR MEIO DA CURVA DE  
CRESCIMENTO: IDADE TÉCNICA DE CORTE, IDADE DE ACELERAÇÃO  
MÁXIMA E PRODUTIVIDADE MÁXIMA**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Ciência Florestal, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

Orientador: Marcos Deon Vilela de Resende

Coorientador: Gleison Augusto dos Santos

**VIÇOSA - MINAS GERAIS  
2023**

**Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca Central da Universidade  
Federal de Viçosa - Campus Viçosa**

T

B732s  
2023

Borges, Marcus Vinicius Vieira, 1998-

Seleção de clones de eucalipto por meio da curva de crescimento: idade técnica de corte, idade de aceleração máxima e produtividade máxima / Marcus Vinicius Vieira Borges. – Viçosa, MG, 2023.

1 dissertação eletrônica (58 f.): il. (algumas color.).

Orientador: Marcos Deon Vilela de Resende.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa, Departamento de Engenharia Florestal, 2023.

Referências bibliográficas: f. 49-58.

DOI: <https://doi.org/10.47328/ufvbbt.2023.204>

Modo de acesso: World Wide Web.

1. Florestas - Melhoramento genético. 2. Genética quantitativa. 3. Análise de envoltória dados. I. Resende, Marcos Deon Vilela de, 1966-. II. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de Engenharia Florestal. Programa de Pós-Graduação em Ciência Florestal. III. Título.

GFDC adapt. CDD 22. ed. 634.916569

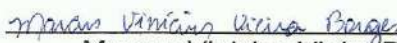
**MARCUS VINICIUS VIEIRA BORGES**

**SELEÇÃO DE CLONES DE EUCALIPTO POR MEIO DA CURVA DE  
CRESCIMENTO: IDADE TÉCNICA DE CORTE, IDADE DE ACELERAÇÃO  
MÁXIMA E PRODUTIVIDADE MÁXIMA**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Ciência Florestal, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

APROVADA: 20 de fevereiro de 2023.

Assentimento:

  
\_\_\_\_\_  
Marcus Vinicius Vieira Borges  
Autor

  
\_\_\_\_\_  
Marcos Deon Vilela de Resende  
Orientador

## **AGRADECIMENTOS**

Primeiramente gostaria de agradecer a Deus por me propiciar saúde e sempre me manter firme até o momento para realização deste sonho.

Aos meus pais Edna e João por todo esforço e apoio que somou de extrema importância para seguir essa trajetória.

A minha namorada Alexsandra, a minha irmã Tainara e amigos Luca, Krisnna, Susi Laine que sempre estiveram ao meu lado durante essa trajetória e não mediram esforços para me auxiliar todas as vezes que precisei.

Ao meu orientador professor Dr. Marcos Deon, por todo auxílio, paciência, ensinamentos e com certeza um exemplo profissional.

Aos professores Dr. Gleison Augusto dos Santos e Dr. Paulo Teodoro por participarem da banca examinadora e pelas sugestões essenciais ao aperfeiçoamento deste trabalho.

A todos professores que sempre passaram seus conhecimentos e sempre atenciosos com dúvidas e questionamentos.

À Empresa Eldorado pela parceria e apoio fundamental para elaboração deste trabalho.

A Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão da bolsa de estudos.

E a todos, que de forma direta ou indireta, fizeram parte dessa conquista.

A todos o meu muito obrigado!

## RESUMO

BORGES, Marcus Vinicius Vieira, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2023. **Seleção de clones de eucalipto por meio da curva de crescimento: idade técnica de corte, idade de aceleração máxima e produtividade máxima.** Orientador: Marcos Deon Vilela de Resende. Coorientador: Gleison Augusto dos Santos.

O crescimento de árvores é uma importante característica que fornece suporte para tomadas de decisão em plantios florestais. Com isso, o objetivo deste estudo foi considerar o comportamento da curva de crescimento genotípica na seleção de materiais genéticos de eucalipto. Os dados para condução deste estudo são de um teste clonal pertencente a empresa Eldorado Brasil, onde são testados 154 clones em 20 repetições. As mensurações foram realizadas anualmente dos 2 aos 6 anos. Para captar o crescimento dos genótipos, as variáveis mensuradas foram circunferência a altura do peito e altura total, que posteriormente foram calculadas área basal (AB) e volume de madeira (V) para proceder as análises. Para modelar o crescimento das árvores foram utilizadas as funções Logística e Chapman-Richards, que são modelos não-lineares capazes de relacionar a variável quantitativa crescimento com a variável discreta idade, de maneira que a função que melhor se ajustar aos dados seja selecionada via Critério de Informação de Akaike para as análises genéticas. O modelo 20 do software Selegen foi utilizado para predizer os valores genotípicos dos parâmetros da função de crescimento e das variáveis de crescimento V e AB. Neste estudo, informações como idade técnica de corte e idade de arranque foram extraídas a partir do comportamento da curva de crescimento genotípica via primeira derivada parcial da curva de incremento médio e terceira diferenciação da expressão do modelo de crescimento. Essas características posteriormente fornecem informações para planejamento silvicultural, período ótimo de corte da floresta, bem como estimar a produtividade no máximo incremento aproveitando o máximo potencial de cada clone. De acordo o AIC, a função que melhor representou os dados foi a de Chapman-Richards, de maneira que as análises preditivas foram utilizando essa expressão. A seleção considerando a predição dos valores genéticos na idade técnica de corte garantiu uma eficiência média superior de 9 e 11% para as variáveis V e AB respectivamente, comparado a idade adotada pela empresa de 6 anos. Isso demonstra que além de selecionar os materiais com melhor desempenho, o

planejamento de colheita no momento de máximo incremento potencializa a máxima produção por unidade de tempo da área plantada. Os parâmetros da curva de crescimento genotípica foram agrupados via análise multivariada afim de classificar os materiais por comportamento de crescimento. A seleção considerando a curva de crescimento dos genótipos selecionados garante uma maior eficiência seletiva/produziva, fornece informações como momento ideal para aplicações de técnicas silviculturais, idade ótima de corte, além de agrupar os materiais conforme o crescimento afim de recomendação para compostos clonais.

Palavras-chave: Genética quantitativa. Análise de dados. Melhoramento Florestal.

## ABSTRACT

BORGES, Marcus Vinicius Vieira, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, February, 2023. **Selection of eucalyptus clones through the growth curve: technical age of harvesting, maximum acceleration age and maximum productivity.** Advisor: Marcos Deon Vilela de Resende. Co-advisor: Gleison Augusto dos Santos.

Tree growth is an important feature that supports decision-making in forest plantations. Therefore, the objective of this study is to consider the behavior of the genotypic growth curve in the selection of eucalyptus genetic materials. The data for conducting this study are from a clonal test belonging to the company Eldorado Brasil, where 154 clones are tested in 20 repetitions, the measurements were carried out annually from 2 to 6 years. To capture the growth of the genotypes, the measured variables were circumference at breast height and total height, which were later calculated by basal area (AB) and wood volume (V) to proceed with the analyses. To model tree growth, the Logistic and Chapman-Richards functions were used, which are non-linear models capable of relating the quantitative variable growth with the discrete variable age, so that the function that best fits the data is selected via Akaike Information Criterion for genetic analyses. The model 20 of the Selegen software was used to predict the genotypic values of the parameters of the growth function and of the growth variables V and AB. These characteristics later provide information for silvicultural planning, optimal forest cutting period, as well as estimating productivity at maximum increment taking advantage of the maximum potential of each clone. In this study, information such as technical cutting age and starting age were extracted from the behavior of the genotypic growth curve via the first partial derivative of the average increment curve and the third differentiation of the expression of the growth model. According to the AIC, the function that best represented the data was the Chapman-Richards function, so that the predictive analyzes used this expression. The selection considering the prediction of genetic values at the cutting technical age ensured a higher average efficiency of 9 and 11% for the variables V and AB respectively, compared to the age adopted by the company of 6 years, showing that in addition to selecting the materials with the best performance, harvest planning at the moment of maximum increment maximizes the maximum production per unit of time of the planted area. The parameters of the genotypic growth curve were grouped via multivariate analysis in order to classify the materials by growth behavior. It is concluded that the selection

considering the growth curve of the selected genotypes guarantees a greater selective/productive efficiency, provides information such as the ideal moment for the application of silvicultural techniques, optimal cutting age, in addition to grouping the materials according to the growth in order to recommend clonal compounds.

Keywords: Quantitative genetics. Data analysis. Forest Improvement.

## SUMÁRIO

<b>1. INTRODUÇÃO .....</b>	<b>9</b>
<b>2. OBJETIVOS.....</b>	<b>10</b>
<b>2.1 Objetivos gerais .....</b>	<b>10</b>
<b>2.2 Objetivos específicos.....</b>	<b>10</b>
<b>3. REVISÃO DE LITERATURA .....</b>	<b>10</b>
<b>3.1 Eucaliptocultura .....</b>	<b>10</b>
<b>3.2 melhoramento florestal.....</b>	<b>12</b>
<b>3.3 Seleção genética .....</b>	<b>14</b>
<b>3.4 Crescimento e produção .....</b>	<b>14</b>
<b>4. MATERIAL E MÉTODOS .....</b>	<b>16</b>
<b>4.1 Descrição dos dados .....</b>	<b>16</b>
<b>4.2 Esquema das análises .....</b>	<b>17</b>
<b>4.3 Modelagem do crescimento .....</b>	<b>18</b>
<b>4.4 Estimativas de parâmetros genéticos .....</b>	<b>20</b>
<b>4.5 Derivadas do modelo de crescimento.....</b>	<b>21</b>
<b>4.6 Eficiência de seleção .....</b>	<b>23</b>
<b>4.7 Índice de seleção.....</b>	<b>24</b>
<b>4.8 Análise de agrupamento.....</b>	<b>24</b>
<b>5. RESULTADOS E DISCUSSÃO .....</b>	<b>25</b>
<b>6. CONCLUSÕES.....</b>	<b>48</b>
<b>7. REFERÊNCIAS.....</b>	<b>49</b>

## 1. INTRODUÇÃO

A alta demanda madeireira mundial é um dos fatores que impactam o avanço de desmatamento e devastação ambiental (FAO, 2022). Com isso, algumas alternativas têm sido adotadas para suprimento de madeira nas indústrias. O gênero *Eucalyptus* apresenta ampla gama de espécies com alta adaptação a condições edafoclimáticas da região tropical, desta forma ocupando a maior fração de área das florestas plantadas no Brasil (IBÁ, 2021).

O melhoramento genético se mostra uma ferramenta importante para alavancar a produtividade de espécies cultivadas (WILLIAMSON; LEONELLI, 2022). Os programas de melhoramento de eucalipto são estabelecidos em diversas empresas do setor florestal, cujas finalidades são desde selecionar materiais com melhor desenvolvimento no crescimento e também com características da madeira desejada para as diversas finalidades industriais (ATA-UL-KARIM et al., 2022).

A seleção de materiais com alta desenvoltura inicialmente era considerando o comportamento fenotípico, com o passar do tempo e avanço dos estudos genéticos, a compreensão do efeito ambiental sobre a expressão fenotípica mostrou a necessidade de realizar seleção com base apenas no efeito genotípico (FERREIRA et al., 2021). O procedimento comumente utilizado no meio florestal para seleção genética é o REML/BLUP que estima os componentes de variância e é capaz de prever de maneira acurada o valor genético do indivíduo em estudo (GOUVÊA et al., 2022; ALVES et al., 2019; GALLO et al., 2018).

O crescimento de uma árvore apresenta um comportamento sigmoidal, que pode ser modelado facilmente por relações não lineares. Diversos modelos são utilizados para o estudo do crescimento de espécies florestais, como ao exemplo, função logística, modelo de Richards, modelo de Gompertz são os mais estudados (MORAIS et al., 2020; FRÜHAUF et al., 2022). A curva de crescimento fornece compreensão de aspectos como idade ótima de corte, velocidade de crescimento dentre outras informações, que podem ser úteis na interpretação de análises genéticas (WOLFF et al., 2019).

No melhoramento animal é explorado a análise genética com base no comportamento da curva de crescimento (CAVALCANTE et al., 2020; CARVALHO et al., 2022). Contudo, em espécies florestais não se tem estudos que consideram o crescimento na análise genética, apenas aplicações destas técnicas de modelagem

para tomada de decisão em florestas quanto a técnicas silviculturais ou manejo florestal, tais como desbaste, idade de corte e arranque do genótipo.

As informações extraídas da curva de crescimento genotípica auxiliam na seleção de materiais mais produtivos. Além de fornecer importantes interpretações afim de recomendação dos tratos silviculturais e manejo do povoamento estabelecido a partir do genótipo selecionado. O conhecimento destas informações garante um maior desempenho da floresta clonal, pois o manejo será recomendado de acordo o comportamento de cada genótipo.

## **2. OBJETIVOS**

### **2.1 Objetivos gerais**

Este trabalho tem como objetivo otimizar a seleção de clones comerciais com base em vários atributos (produção assintótica máxima, idade técnica ótima de corte e idade de máxima aceleração ou arranque) associados a curva genotípica de crescimento em eucalipto, estimada via modelo não linear.

### **2.2 Objetivos específicos**

Seleção de clones de eucalipto com melhor desempenho baseado na curva de crescimento para precocidade e taxa de crescimento superior, visando recomendar idade ótima de colheita e momento ótimo de aplicação dos tratos silviculturais afim de aproveitamento da máxima aceleração (arranque).

## **3. REVISÃO DE LITERATURA**

### **3.1 Eucaliptocultura**

As florestas plantadas têm se expandido no setor produtivo, e participam ativamente do PIB no Brasil, sendo responsáveis pela redução do desmatamento ilegal de florestas naturais (MATOS et al., 2021). A demanda por madeira atinge

setores industriais diversos como moveleiro, fabricação de chapas e painéis, energia de biomassa madeireira, papel e celulose, dentre outros que são supridas graças a silvicultura brasileira (FREITAS E LENZ, 2019; LIMA et al., 2020; FERREIRA et al., 2019). Dentre as espécies mais utilizadas para o plantio com finalidade de produção madeireira, as do gênero *Eucalyptus* se destacam em áreas reflorestadas (COELHO et al., 2021). O rápido crescimento e a vasta utilidade da madeira destas espécies garantem o sucesso no meio florestal afim de exploração florestal de maneira sustentável.

As técnicas de manejo florestal são amplamente estudadas e aplicadas nas florestas de eucalipto afim de garantir um maior desempenho da produtividade, bem como otimizar o planejamento florestal no meio (FLORÊNCIO et al., 2022). Os estudos quanto a técnicas silviculturais a serem aplicadas na condução dos povoamentos, como espaçamento, adubações e escolha da espécie de acordo a finalidade do produto, tem garantido o êxito das florestas produtivas (MASULLO et al., 2020; MASULLO et al., 2022). Dentre as espécies mais plantadas pode se destacar algumas como o *E. grandis* cuja madeira apresenta densidade baixa, tem baixa resistência a secas, contudo o seu rápido crescimento volumétrico se destaca (OLIVEIRA et al., 2022). O *E. urophylla* tem a madeira mais densa com relação ao *E. grandis*, além da característica de resistência a doenças como o cancro do fuste (ALMEIDA et al., 2020). O *E. camaldulensis* possui elevada densidade, considerado com excelente rusticidade às condições adversas, contudo baixo crescimento (BORGES et al., 2022).

Muito se tem estudado, desenvolvido e aplicado quanto a condução florestal (BATISTA et al., 2022; FERRETO et al., 2021; CARVALHO et al., 2022; CARDOSO et al., 2022; STAPE et al., 2022), os plantios de indivíduos híbridos advindo de pais de uma mesma espécie ou de espécies diferentes, garantem uma boa heterose e reúne diferentes genes favoráveis, garantindo o aumento da produtividade bem como melhoria das características da madeira (KUPPUSAMY et al., 2019). O cruzamento entre *E. grandis* X *E. urophylla* garante um bom desempenho da prole associado a altos desvios de dominância (ZHU et al., 2020), este é o cruzamento artificial mais explorado no brasil entre as empresas em programas de melhoramento, que tem a finalidade de gerar indivíduos com alta produtividade, estáveis e qualidade da madeira desejável pelas indústrias (MORAIS et al., 2016).

### 3.2 Melhoramento florestal

Os plantios de florestas com fins madeireiros estão em expansão no Brasil e apresentam diversos fins industriais, tais como, carvão vegetal, celulose e papel, fibras para painéis, dentre outros (IBÁ, 2021). Além da produtividade volumétrica das florestas de produção, caracteres como propriedades da madeira são considerados no processo de seleção. Como no caso de celulose, o rendimento de celulose e densidade da madeira são cruciais para determinar a produtividade efetiva da área (SOUZA et al., 2020). No caso dos biorredutores, o melhoramento a visão de seleção de material que apresenta maior produção de carbono fixo, aliado a alto índice volumétrico e densidade (LAVORANTI et al., 2021). Para laminação e serraria, a resistência da madeira a rachaduras e problemas como empenamento deve ser avaliado nos materiais e selecionar os que apresentam menor susceptibilidade a esses fatores (FRANÇA et al., 2019).

Devido o potencial industrial madeireiro e alta demanda de matéria prima, o aumento da produtividade é imprescindível para o suprimento no setor florestal. O melhoramento genético florestal é uma ferramenta que atua na vertente de aumentar a produtividade selecionando indivíduos com maior performance, seguindo alguns critérios e diretrizes estabelecidos de acordo a demanda industrial. De acordo com Fonseca et al. (2010), o melhoramento genético é a adoção de métodos e técnicas que visa a seleção e recombinação, buscando o aumento de alelos favoráveis em uma população, melhoria das condições adaptativas, como florescimento, resistência a pragas e doenças, melhoria da capacidade tecnológica do material.

Além de fatores de produção e propriedades tecnológicas da madeira, os programas de melhoramento também se objetivam a características silviculturais, como forma do fuste, desrama natural, bifurcação, resistência a doenças, pragas, ventos, seca, dentre outras características bióticas e abióticas (ANDRADE et al., 2020). A estabilidade e adaptabilidade as condições da região de cultivo são avaliadas em todos programas para que se obtenha maior sucesso no processo de seleção e recomendação dos materiais para cultivo e exploração comercial (OLIVEIRA et al., 2018). Contudo a expressão desses caracteres se deve ao fenótipo do indivíduo, com influência genética e ambiental, e devido ser dominado pelos efeitos de ambiente não é recomendado praticar seleção com base no fenótipo, necessitando estimar os valores genéticos da expressão dos caracteres (NOGUEIRA et al., 2019).

No melhoramento vegetal são diversas as estratégias e métodos de melhoramento, tais como método da população, genealógico, descendência de única semente, retrocruzamento, seleção recorrente e teste de geração precoce (BORÉM et al., 2021). Dentre esses métodos, a seleção recorrente é mais comumente utilizada nos programas de melhoramento florestal, isso devido a principalmente a característica das espécies alógamas (PIRES et al., 2011). Esse método consiste em aumentos progressivos e sucessivos da frequência de alelos favoráveis ao longo dos ciclos seletivos, e para que haja sucesso neste processo é necessário trabalhar com um bom germoplasma com média e variabilidade alta (LV et al., 2020).

Dentre as etapas do programa de melhoramento florestal, têm-se os testes de progênie que são estabelecidos em delineamento experimental, para obtenção de informações genéticas acerca dos indivíduos da população (CASTRO et al., 2019). O ponto fundamental no estabelecimento deste teste genético se deve a finalidade do programa de melhoramento, tendo em vista suas diretrizes e necessidades da destinação do material produzido, bem como a variabilidade presente entre os materiais para as características de interesse econômico, afim de que garanta o sucesso com a seleção de materiais superiores, geralmente os caracteres para o melhoramento são produção em volume, biomassa, densidade, teor de celulose, dentre outros vários componentes que implicam na melhoria florestal e de processos fabris (RESENDE; ALVES, 2021).

Atualmente, no meio florestal, em específico no setor de florestas plantadas para exploração comercial, é comum o plantio de clones selecionados para as condições de uma determinada área, com características da madeira desejável e homogeneidade do plantio (PROTÁSSIO et al., 2021). Nos programas de melhoramento são estabelecidos os testes clonais, que apresentam um tamanho efetivo populacional inferior aos testes de progênie. Basicamente essa etapa é sucessora ao teste de progênie onde os indivíduos e/ou família selecionados são clonados e dispostos em um teste genético (ARAUJO et al., 2019). O objetivo do teste clonal é verificar o comportamento do material propagado vegetativamente, confirmar performance superior em campo, bem como adaptabilidade e estabilidade alcançando uma recomendação mais certa para estabelecimento em plantios comerciais (BRAGA et al., 2020).

### **3.3 Seleção genética**

No melhoramento florestal o procedimento comumente utilizado para predizer valores genotípicos e seleção genética é o BLUP- Melhor predição linear não-viesada, sendo que este maximiza a acurácia seletiva, com maior indicação no processo de seleção dos indivíduos superiores no programa. Para aplicação desta metodologia é necessário estimar os componentes de variância, sendo padrão para o BLUP por meio do método da máxima verossimilhança restrita (REML), o qual é superior ao método tradicional da ANOVA, pois consegue processar dados desbalanceados e de delineamentos não ortogonais. Com isso, para o melhoramento florestal a metodologia mais utilizada na seleção genética é o REML/BLUP, denominado também por metodologia de modelos mistos (RESENDE, 2007).

Quando se conduz um programa de melhoramento florestal é importante frisar que para que se tenha o processo de seleção de materiais superiores é de extrema importância a variabilidade genética no experimento conduzido (AVELAR et al., 2021). A variabilidade genética e divergência entre os materiais presentes no experimento garante a geração de indivíduos com um maior número de alelos favoráveis impactando em materiais com expressões superiores, o qual pode ser selecionado devido a caracteres ótimos (KUBOTA et al., 2015).

Neste sentido, são estabelecidos testes de progênie, com famílias advindas de cruzamento controlado (famílias de irmãos completos), cruzamento ao acaso (famílias de meio irmão) e em casos específicos autofecundação (famílias endogâmicas). Com isso há prática de seleção dos melhores indivíduos e estes seguem para os testes clonais que permitirão avaliar melhor o material selecionado, bem como interação genótipos X ambientes, estabilidade e adaptabilidade, dentre outros que auxiliaram no processo de melhoramento, contudo esse processo é de custo elevado e um tempo amplo. Alguns estudos como base dados moleculares podem ser úteis na redução do tempo para lançamento dos materiais (BOMFIM et al., 2020).

### **3.4 Crescimento e produção**

O crescimento biológico é um evento que ocorre em todos seres vivos, onde apresenta uma taxa de crescimento, e ao ilustrar em um gráfico todo ciclo de determinado organismo encontra-se uma curva do tipo sigmoide (WICHARD, 2022;

TEIXEIRA et al., 2021; NAKAMURA et al., 2022). Para captar o crescimento dos organismos vivos existe funções e distribuição de probabilidade que auxiliam na captação do comportamento de crescimento. Em espécies florestais, o crescimento tem sido modelado por diversas funções, tais como regressão aleatória, regressões quantílicas e modelos não-lineares (SANDOVAL, 2013; MIAO et al., 2021; FRUHAUF et al., 2022). Essas funções estatísticas conseguem captar o padrão de crescimento das árvores de qualquer variável quantitativa ao longo do tempo, por meio de medidas repetidas (QUIN et al., 2022).

Dentre as funções possíveis de captação do crescimento florestal, as regressões não-lineares são amplamente utilizadas, principalmente pela facilidade de manipulação dos dados e devido ao limitado número de medidas, que influenciam no ajuste dos modelos (CAUSTON; VÊNUS, 1981). Esses modelos descrevem o crescimento biológico em uma trajetória assintótica, apresentando pontos de inflexão de mudança de curvatura, que lhe conferem uma forma sigmoide (RESENDE et al., 2014). Outro benefício dos modelos não lineares está na possibilidade de interpretação biológica dos parâmetros do modelo, obtidos a partir do ajuste da relação entre o caractere quantitativo e idade (HENT, 1979).

Para ajuste destes modelos curvilíneos, pode assumir diferentes formas via maximização das funções de verossimilhança dos parâmetros, geralmente são as derivadas parciais do modelo em relação aos parâmetros (CHENG; GORDON, 2000), pode também ser obtida por meio da minimização da soma do quadrado dos erros, que visam ajustar os parâmetros diminuindo os resíduos (ROCHA, 2011). Na ciência florestal o algoritmo de Levenberg-Marquardt é bem difundido para ajuste de modelos de função não-linear, este algoritmo considera o método de Gauss-Newton que equivale ao método de Newton, considerando aproximação de Gauss da matriz Hessiana (RESENDE et al., 2014). O método de Newton propriamente dito minimiza os erros via aproximação quadrática da função, utilizando a primeira e segunda derivada da função objetiva durante o procedimento de ajuste (SILVA et al., 2019).

No melhoramento animal é amplamente utilizado o padrão de crescimento e comportamento da curva de crescimento animal para seleção genética (BOUJENANE, 2022), onde visa a seleção de animais com baixo peso no nascimento com alta taxa de crescimento para chegar em um peso adulto desejável para a produção e comercialização (CAMPOS et al., 2020). No meio florestal, o crescimento florestal é

considerado apenas no manejo florestal, onde auxilia no planejamento e tomadas de decisão quanto ao povoamento já estabelecido, ou ainda para diagnóstico de viabilidade econômica para estabelecimento do povoamento (CAMPOS; LEITE, 2017). O crescimento é bem característico em genótipos selecionados e deve ser considerado no processo de seleção de materiais genéticos superiores, afim de que se obtenha maior eficiência no processo de seleção.

## 4. MATERIAL E MÉTODOS

### 4.1 Descrição dos dados

Dados de um teste clonal de híbridos de *Eucalyptus* spp. foram cedidos pela Eldorado Brasil. Em janeiro de 2014 foi estabelecido o teste clonal no município de Selvíria - MS. O clima da região é caracterizado como "AW", segundo a classificação de Köppen, com verão quente e chuvoso e o inverno com baixo índice pluviométrico, precipitação variando de 900 a 1400 mm.ano<sup>1</sup>, temperatura média anual acima dos 22°C (ALVARES et al., 2013). A classificação dos solos na região são Latossolos Vermelhos e Neossolos Quartzarênicos, considerados de baixa fertilidade, textura arenosa e alto potencial erosivo (SEPLAN, 1990).

O experimento consiste em selecionar materiais de melhor performance na região, para estabelecimento de plantio comercial, toda condução experimental bem como os materiais em estudo pertence a Eldorado Brasil. O delineamento adotado é o de blocos ao acaso com 154 clones contemplando as seguintes combinações *E. urophylla* e híbridos de *E. urograndis* e *E. grandunii*, com arranjo experimental de vinte repetições no esquema de parcela de planta única com espaçamento padrão de 3,4m X 2,5m. A fim de padrão clonal foi selecionado quatro clones comerciais para testemunha sendo eles E17 (*E. urograndis*), E13 (*E. urophylla*), E80 (*E. urograndis*) e E51 (*E. urophylla*).

Foram mensuradas as unidades experimentais anualmente dos 2 aos 6 anos de implantação do experimento, totalizando cinco ocasiões. A variável em questão para este estudo foi o CAP (circunferência à altura do peito), posteriormente transformada em DAP (diâmetro à altura do peito, equação 1), AB (área basal, equação 2), Ht (Altura total) e posteriormente calculado o volume conforme a equação

3.

$$DAP = \frac{CAP}{\pi} \quad (1)$$

$$AB = \frac{DAP^2 * \pi}{40000} * \frac{10000}{8,5} \quad (2)$$

$$V = G * Ht * 0,5 \quad (3)$$

Onde:

DAP = Diâmetro à altura do peito (cm)

CAP = Circunferência à altura do peito (cm)

AB = Área basal (m<sup>2</sup>. ha<sup>-1</sup>)V = Volume de madeira (m<sup>3</sup>. ha<sup>-1</sup>)

## 4.2 Esquema das análises

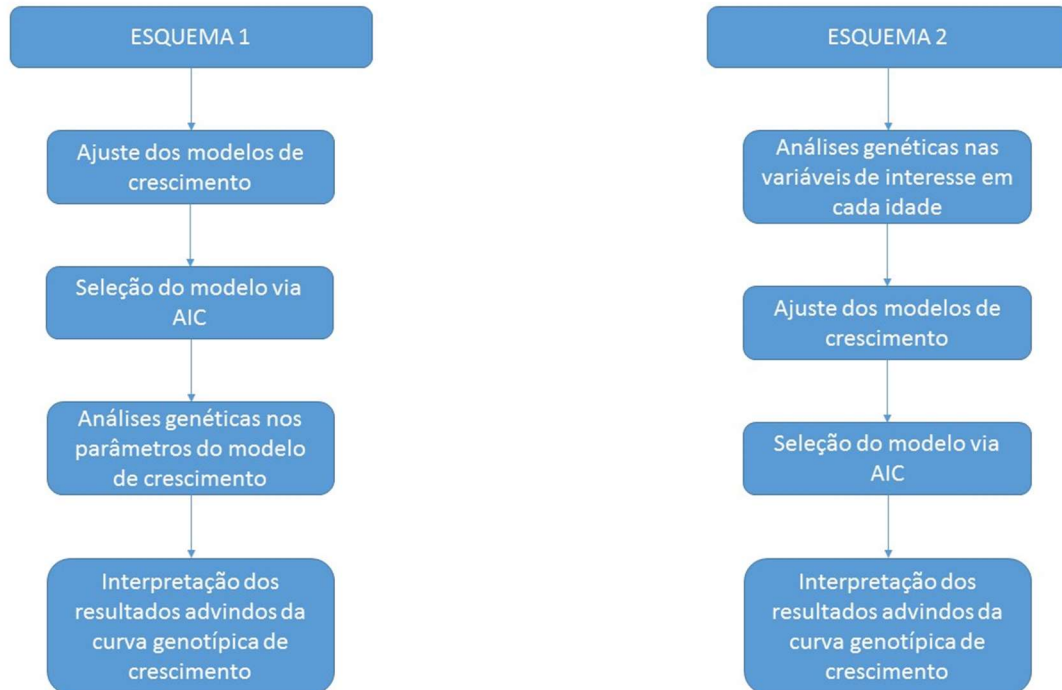
Para obtenção da curva de crescimento genotípica dois esquemas foram propostos e o que melhor representar os dados será selecionado ao fim deste estudo. Inicialmente pode-se dividir os esquemas de acordo a Figura 1. Para realizar as análises genéticas por meio do esquema 1, foram ajustados para cada repetição de cada genótipo um modelo de representação, de tal forma que formasse um conjunto de dados com vinte repetições de cada parâmetro (a, b, c). Após o ajuste, os parâmetros foram analisados como caráter fenotípico por meio do modelo 20 do software Selegen REML/BLUP, com isso gerando o valor genético de cada parâmetro que, uma vez acrescentado no modelo, as estimativas geram a curva de crescimento genotípica dos materiais.

No esquema dois inicialmente foi gerado os valores genotípicos via Selegen REML/BLUP, e posteriormente ajustado os modelos de crescimento para as respectivas funções abordadas nesta pesquisa. Em ambos esquemas após o ajuste dos respectivos modelos de crescimento surgiu outliers, o que foi necessário o tratamento dos parâmetros de acordo as interpretações biológicas de A, B e C.

Após gerar os parâmetros genéticos do modelo, é possível estimar o valor genético da área basal em relação a idade desejada, após achar os pontos de máxima da terceira derivada do modelo (Idade de máxima aceleração ou arranque), e da primeira derivada da expressão do IMA (Idade técnica de corte). Desta forma, é possível estimar o valor genético da variável AB na ITC, obter o valor de produção no potencial máximo do material genético e selecionar os materiais conforme a máxima

produtividade (máximo incremento médio) do genótipo.

Figura 1- Esquemas de análise dos dados para seleção genotípica.



### 4.3 Modelagem do crescimento

A variável crescimento em plantas e animais pode ser abordada via modelos não lineares (Richards, Gompertz, Bartalanfly, Brody e Logístico) e via modelos de regressão aleatória em que a covariável X são polinômios preferencialmente ortogonais (Polinômios de Legendre, splines cúbicas, splines tipo B, etc). Nas espécies florestais, como as medições são realizadas apenas anualmente, poucos pontos são avaliados na covariável tempo ou idade.

Os modelos não lineares são mais indicados do que os modelos de regressão aleatória nas espécies florestais, devido ao número de mensurações limitadas, são também preferidos, devido a possibilidade de interpretação biológica dos parâmetros. Dentre os modelos não lineares, o modelo de Richards (RICHARDS, 1959) tende a ser mais utilizado, pois é mais completo e abrange os demais. Estas abordagens funcionais para análise de crescimento, ajustam dados do crescimento acumulado via aproximações polinomiais de funções exponenciais ou para definir explicitamente modelos sigmóides (VÊNUS; CAUSTON, 1979).

Para modelar o crescimento das plantas utilizou-se o método de modelos não-lineares, por meio das funções Logístico e Chapman-Richards, equações 4 e 5, respectivamente (SOARES, 2012).

$$Y = \frac{a}{(1+b*exp(-c*I))} \quad (4)$$

$$Y = a * (1 - exp(-c * I))^b \quad (5)$$

Onde:

Y= Variável dependente (AB em m<sup>2</sup>. ha<sup>-1</sup>; V em m<sup>3</sup> . ha<sup>-1</sup>);

a, b, c = parâmetros do modelo, sendo a = Assíntota, b = ponto de inflexão, c = taxa de crescimento;

I = idade (meses).

O ajuste do modelo foi realizado por meio do software R (R CORE TEAM, 2022), com auxílio do pacote *Forestmangr* (KESHAW, 2016). O ajuste dos modelos considera o algoritmo de Levenberg-Marquardt que considera o método dos quadrados mínimos, no qual visa ajustar os parâmetros de forma a minimizar a soma quadrática dos erros, e adaptada a partir do método de Gauss-Newton (MARQUARDT, 1963).

Para seguimento com análises genético-estatísticas, o modelo que melhor se ajustar aos dados foi selecionado para a próxima etapa. A seleção do modelo foi por meio do Critério de Informação de Akaike (AIC) obtido com auxílio da função *glance* do pacote *broom* (ROBINSON et al., 2022) do software R. No esquema 1 foi ajustado um modelo de cada função generalizando todos genótipos a fim que tenha uma representação média dos dados, enquanto que no esquema 2 para seleção do modelo será ajustado da mesma forma um modelo considerando cada função, contudo com os BLUPs de cada idade.

O ajuste no modelo consiste em obter os parâmetros que melhor demonstra o comportamento entre as variáveis dependente e independente. No esquema 1 foi ajustado um modelo para cada repetição, ou seja, em cada parcela mensurada de tal forma que fosse ajustado vinte modelos para cada clone, totalizando 3080 combinações. Isso devido ao considerar que os parâmetros ajustados nessa etapa estão relacionados à expressão fenotípica dos materiais.

No esquema 2 o ajuste dos modelos foi realizado considerando como variável dependente os BLUPs obtidos para cada genótipo nas diferentes idades, de forma a gerar um modelo genotípico para cada material genético. Nesse esquema o modelo obtido gera direto a curva de crescimento genotípica.

#### 4.4 Estimativas de parâmetros genéticos

As estimativas dos componentes de variância e predição de valores genéticos será realizada utilizando o procedimento REML/BLUP. Os 154 clones estudados foram avaliados inicialmente pelo modelo 20 (representado na equação 6) do software Selegen REML/BLUP (RESENDE, 2007; RESENDE 2016), para obtenção da análise de deviance, a qual testa o nível de variabilidade genética entre os clones estudados via razão LRT.

Os parâmetros obtidos nos ajustes dos modelos da função selecionada, considerando o esquema 1, referem-se ao valor fenotípico da variável dependente. Sendo assim, para avaliação genética é necessário predizer os valores genotípicos dos parâmetros e gerar a curva genética. As estimativas do BLUP para os parâmetros foram por meio do modelo 20 (representado na equação 5) do software Selegen REML/BLUP, sendo que os valores fenotípicos de entrada são os parâmetros fenotípicos do modelo logístico/Chapman-Richards e para geração da curva genética utilizou a saída do Selegen  $\mu+g$ .

Os BLUPs preditos em cada idade considerando o esquema 2, foram obtidos a partir do modelo 20 do Selegen REML/BLUP, considerando os valores de saída  $\mu+g$  utilizados no ajuste dos modelos de crescimento da função selecionada.

$$Y = Xr + Zg + e \quad (6)$$

Onde:

Y= vetor de dados;

r = vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral;

g = vetor dos efeitos genotípicos de populações (assumidos como aleatórios);

e = valor de erros ou resíduos (aleatórios);

X e Z representam as matrizes de incidência dos referidos efeitos

#### 4.5 Derivadas do modelo de crescimento

De acordo com Campos e Leite (2017), a partir da diferenciação dos modelos de crescimento e produção florestal encontramos pontos de extrema importância para o planejamento florestal. Para seleção genética e auxílio no planejamento do programa de silvicultura clonal os pontos cobijados nesta pesquisa serão a ITC (idade técnica de corte) e Idade de arranque.

Com o conhecimento da ITC de cada material, se estabelece a idade ótima para a colheita da floresta de forma a otimizar a produção das áreas de plantio, com isso pode-se encontrar os materiais que apresentam maior precocidade de produção e materiais mais longínquos, buscando auxiliar no planejamento e recomendação dos materiais selecionados, de tal forma que garanta o suprimento contínuo à indústria de madeira. Têm como ITC a idade na qual apresenta o máximo Incremento Médio Mensal (IMM), desta forma ao se diferenciar a função do IMM (equação 7) em relação a idade (equação 8), o ponto de máxima dessa será a ITC.

Tabela 1- Funções de incremento médio mensal (IMM, AB em m<sup>2</sup>. ha<sup>-1</sup>. mês<sup>-1</sup>; V em m<sup>3</sup>. ha<sup>-1</sup>. mês<sup>-1</sup>), e a primeira derivada. a, b, c : parâmetros do modelo; I : Idade do povoamento (meses).

Função	Operação	Equação
Chapman-Richards	$IMM = \frac{a * (1 - \exp(-c * I))^b}{I}$	(7)
Logístico	$IMM = \frac{a}{I * (1 + b * \exp(-c * I))}$	
Chapman-Richards	$\frac{dIMM}{dI} = \frac{acbe^{-cI}(-e^{-cI} + 1)^{b-1}}{I} - \frac{a(-e^{-cI} + 1)^b}{I^2}$	(8)
Logístico	$\frac{dIMM}{dI} = -\frac{a(-bce^{-cI}I + be^{-cI} + 1)}{I^2(b e^{-cI} + 1)^2}$	

A idade de arranque do genótipo é importante para o auxílio e recomendação de aplicação de técnicas silviculturais, como adubações, a fim de potencializar a

produção do material genético, e auxiliar quanto à precocidade e produtividade florestal. Os modelos de predição do crescimento florestal em sua primeira diferenciação em relação a idade (equação 9) representa o Incremento Corrente Anual (ICA), ao realizar a segunda diferenciação em relação a idade têm de a curva de aceleração do crescimento (equação 10), já na terceira diferenciação em relação à idade (equação 11) ao encontrar o ponto de máxima na aceleração tem-se a idade de arranque (IA) do genótipo modelado.

Tabela 2- Funções de crescimento e duas derivadas. Y: Variável dependente (AB em m<sup>2</sup>. ha<sup>-1</sup>; V em m<sup>3</sup>. ha<sup>-1</sup>); a, b, c : parâmetros do modelo; I : idade (meses).

Função	Operação	Equação
Chapman-Richards	$\frac{dY}{dI} = \frac{acb(-e^{-cI} + 1)^{b-1}}{e^{cI}}$	(9)
Logístico	$\frac{dY}{dI} = \frac{abce^{-cI}}{1 + 2be^{-cI} + b^2e^{-2cI}}$	
Chapman-Richards	$\frac{d^2Y}{dI^2} = a(c^2be^{-2cI}(b-1)(-e^{-cI} + 1)^{b-2} - c^2be^{-cI}(-e^{-cI} + 1)^{b-1})$	(10)
Logístico	$\frac{d^2Y}{dI^2} = -\frac{abc^2e^{-cI} - ab^2c^2e^{-2cI}}{(be^{-cI} + 1)^3}$	
Chapman-Richards	$\frac{d^3Y}{dI^3} = a * (((1 - \exp(-c * I))^{\wedge}(((b - 1) - 1) - 1) * (((b - 1) - 1) * (\exp(-c * I) * c)) * ((b - 1) * (\exp(-c * I) * c)) - (1 - \exp(-c * I))^{\wedge}((b - 1) - 1) * ((b - 1) * (\exp(-c * I) * c * c)) * (b * (\exp(-c * I) * c)) - (1 - \exp(-c * I))^{\wedge}((b - 1) - 1) * ((b - 1) * (\exp(-c * I) * c)) * (b * (\exp(-c * I) * c * c)) - ((1 - \exp(-c * I))^{\wedge}((b - 1) - 1) * ((b - 1) * (\exp(-c * I) * c)) * (b * (\exp(-c * I) * c * c)) - (1 - \exp(-c * I))^{\wedge}(b - 1) * (b * (\exp(-c * I) * c * c * c))))$	(11)

Logístico

$$\frac{d^3Y}{dt^3} = a * (b * (\exp(-c * l) * c * c * c)) / (1 + b * \exp(-c * l))^2 -$$

$$a * (b * (\exp(-c * l) * c * c * c)) * (2 * (b * (\exp(-c * l) * c * (1 + b * \exp(-c * l)))) / ((1 + b * \exp(-c * l))^2)^2 -$$

$$((a * (b * (\exp(-c * l) * c)) * (2 * (b * (\exp(-c * l) * c * (b * (\exp(-c * l) * c)) + b * (\exp(-c * l) * c * c * (1 + b * \exp(-c * l)))))) + a * (b * (\exp(-c * l) * c * c)) * (2 * (b * (\exp(-c * l) * c * (1 + b * \exp(-c * l)))))) / ((1 + b * \exp(-c * l))^2)^2 - a * (b * (\exp(-c * l) * c * c)) * (2 * (b * (\exp(-c * l) * c * (1 + b * \exp(-c * l)))) * (2 * (2 * (b * (\exp(-c * l) * c * (1 + b * \exp(-c * l)))) * ((1 + b * \exp(-c * l))^2))) / (((1 + b * \exp(-c * l))^2)^2)^2)$$

Para encontrar as derivadas da função de acordo expresso nas equações acima, utilizou a função base do software R D(derivada), e para encontrar os pontos de máxima a função optimize do pacote graphics (R CORE TEAM, 2022). Desta forma, foi possível otimizar o processo e encontrar para cada material estudado os pontos de máxima inflexão (arranque) e assíntota (ITC) da curva de crescimento genotípica. A assíntota é dada pelo limite no infinito, da derivada primeira da equação da curva.

#### 4.6 Eficiência de seleção

Para seleção dos materiais superiores, foram considerados os dez melhores ranqueados a partir da seleção tradicional no Selegen aos 6 anos, e predição produtiva na assíntota da curva de crescimento genotípica. O ganho genético previsto com a seleção foi obtido a partir da equação 12.

A eficiência de seleção computada neste estudo está relacionada à produção na idade de corte prevista, de maneira que conseguimos computar o desenvolvimento da planta pela unidade de tempo em campo (equação 13). Para gerar um índice geral de eficiência foi realizado a razão da eficiência anual da seleção com base na curva de crescimento sobre a seleção pelo método tradicional (equação 14), sendo que se a razão for maior que 1 há um maior ganho na seleção com base no crescimento das plantas.

$$Eficiência\ curva/mês = \frac{VGC}{ITC} \quad (12)$$

$$Eficiência\ 6anos/mês = \frac{VG6}{72} \quad (13)$$

$$Eficiência\ de\ seleção = \frac{Eficiência\ curva/mês}{Eficiência\ 6anos/mês} \quad (14)$$

Onde:

VGC: Valor genético da curva de crescimento na ITC (AB em m<sup>2</sup>. ha<sup>-1</sup>; V em m<sup>3</sup>. ha<sup>-1</sup>);

VG6: Valor genético predito aos 6 anos método tradicional (AB em m<sup>2</sup>. ha<sup>-1</sup>; V em m<sup>3</sup>. ha<sup>-1</sup>);

ITC: Idade técnica de corte (meses)

#### 4.7 Índice de seleção

No melhoramento de plantas é comum o uso de múltiplos caracteres para seleção, ao considerar as variáveis ITC e IA como caracteres que auxiliam a seleção de materiais precoces, é necessária a construção de um índice para auxílio nesta etapa. Nas etapas anteriores foram estimados os valores genéticos dos genótipos em estudo, com isso a seleção fica mais acurada, devido a exclusão do efeito ambiental no comportamento dos materiais em estudo. Com isso, é possível estimar os valores genéticos com base no modelo construído e os caracteres ITC e IA foram estimados pela curva genética.

Com isso, o índice de seleção proposto por Mulamba e Mock (1978) modificado por Resende (2004), onde o rank do índice é a média dos ranks para cada variável. O rank utilizado neste trabalho é genético, estimado a partir dos valores genéticos preditos pela curva de crescimento genotípica.

#### 4.8 Análise de agrupamento

Com os valores genotípicos da curva de crescimento genotípica preditos, é possível agrupar os genótipos em estudo por classes de crescimento, onde os genótipos presentes em um mesmo grupo apresentam curvas de crescimento semelhantes. Para proceder essa análise será utilizado a matriz de distâncias euclidiana e método de Tocher (Modelo 104 Selegen), por meio de análise multivariada combinando todos parâmetros do modelo de crescimento (a, b, c) para agrupar os genótipos com base no comportamento da curva de crescimento

genotípica.

## 5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A Tabela 3 ilustra a deviance observada dos dados, no modelo linear de seleção genética (modelo 20 do SELEGEN) para as duas variáveis em estudo, bem como o Teste de Razão de Verossimilhança (LRT), na qual indica que o experimento analisado obtém variabilidade genética o suficiente para se praticar seleção ao nível de 1% de significância. Bouvet et al. (2020) ressalta que a variabilidade genética em um ensaio genético é de suma importância quando se deseja praticar seleção, pois possibilita maiores ganhos e garante cruzamentos sucessivos e geração de indivíduos com superioridade.

Tabela 3- Análise genética de deviance para as variáveis area basal (AB) e volume de madeira (V) avaliadas em clones de eucalipto.

Variáveis	AB		V	
	Deviance	LRT	Deviance	LRT
Clone	11035.65	988.95**	10108.82	422.56**
Modelo Completo	10046.70		9686.26	

LRT: Teste de razão de Verossimilhança; \*: significativo ao nível de 1% de probabilidade de erro.

Para compreender o crescimento dos clones, inicialmente foi ajustado um modelo geral considerando as regressões Logística e Chapman-Richards, e selecionar o modelo que melhor representa os dados. Na Tabela 4 estão os valores de AIC e deviance para cada modelo ajustado.

Tabela 4- Parâmetros para seleção da função do modelo de crescimento para as variáveis area basal (AB) e volume de madeira (V) avaliadas em clones de eucalipto.

Variáveis	AB		V	
	AIC	Deviance	AIC	Deviance
Logístico	104182	965252	81961	24866675

Chapman-Richards

104180

965084

81875

24582633

AIC: Critério de Informação de Akaike.

O modelo de Chapman-Richards foi o que melhor ajustou aos dados gerais de acordo os parâmetros AIC (que devem diferir em pelo menos duas unidades, conforme Resende e Alves, 2020; 2022) e deviance para as duas variáveis (AB e V). Portanto, este foi selecionado para prosseguir com as análises genéticas e seleção de materiais superiores.

Shabib-Asl e Plaksina (2019) destacam que valores menores de AIC indicam o modelo que melhor representa os dados modelados. De acordo com Causton e Venus (1981), as funções de Richards são capazes de estabelecer melhor a relação entre crescimento e idade. As Figuras 2 e 3 ilustram o comportamento das curvas de crescimento ajustadas e a amplitude de distribuição dos genótipos ao longo das idades, indicando presença de genótipos com superioridade.

Figura 2- Distribuição das observações de Área Basal em relação às idades mensuradas, onde A = modelo de Chapman-Richards e B = modelo Logístico.

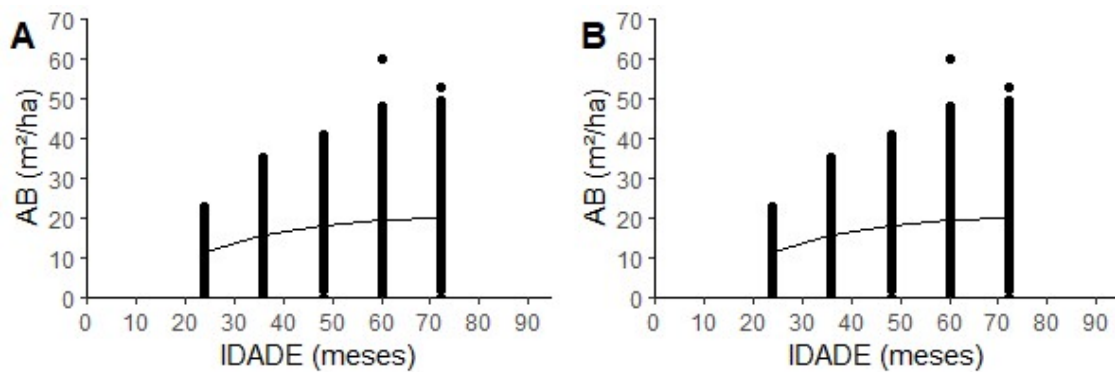
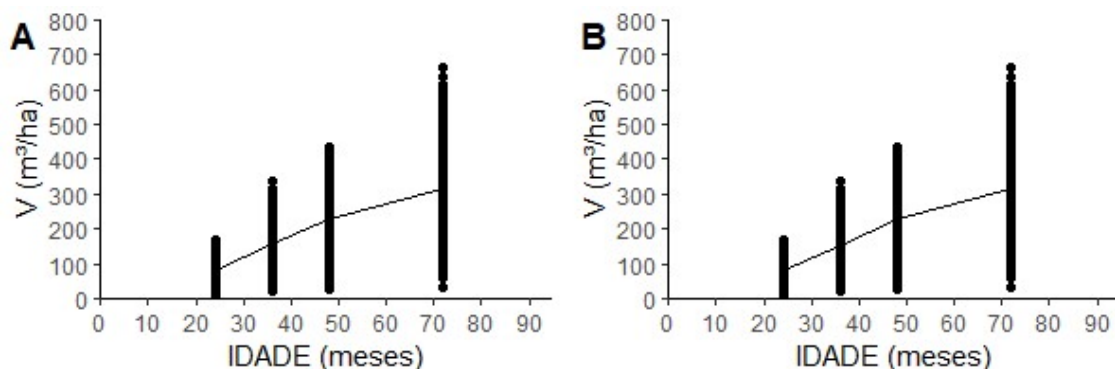


Figura 3- Distribuição das observações de Volume de madeira em relação às idades mensuradas, onde A = modelo de Chapman-Richards e B = modelo Logístico.



Com relação aos esquemas de análise dos dados apresentados na Figura 1, serão apresentados os resultados obtidos pelo esquema 1. Os resultados do esquema 2 não foram satisfatórios, isso devido ao ajuste do modelo de crescimento por ambas funções, resultar em parâmetros obtidos em alguns genótipos considerados outliers ao nível de comportamento dos dados.

Em ambos esquemas foram produzidos parâmetros discrepantes, contudo no esquema 1 apresenta um número de plantas elevado com possibilidade de filtragem dos valores discrepantes, já no esquema 2 há apenas um valor genotípico médio para cada material, desta forma o surgimento do outlier excluí o genótipo em questão das análises.

O rank genético, dos dez melhores clones, obtido a partir dos BLUPs aos 6 anos é demonstrado na Tabela 5. A seleção é dependente de diversos fatores, como a intensidade de seleção. No experimento em questão, considerando selecionar os dez melhores clones do rank para o plantio comercial, o ganho genético previsto é de 12,89% em relação à média das testemunhas.

O material 152 ranqueado em décimo é uma testemunha comercial do experimento em questão, trata-se do clone E13 reconhecido comercialmente. O clone 152 apresentou uma média genotípica de 30,45 m<sup>2</sup>.ha<sup>-1</sup>, enquanto que ao selecionar os top 10 a média alavanca para 34,38 m<sup>2</sup>.ha<sup>-1</sup>.

Tabela 5- Ranqueamento dos Clones para o valor genético de área basal (V.G.AB) aos 6 anos.

RANK	Clone	V.G. AB
1	94	37.51
2	44	36.43
3	137	36.13
4	47	35.64
5	62	34.31
6	93	34.23
7	108	33.66
8	34	32.08
9	68	31.92

10

152

31.87

Os parâmetros dos modelos de crescimento obtidos apresentam interpretações biológicas e são capazes de relacionar a variável de interesse (crescimento) e a idade. Com isso, é importante considerar algumas estatísticas obtidas conforme ilustrado na Tabela 6, em que indica o comportamento da população.

As herdabilidades estimadas para os parâmetros do modelo, de acordo com Cargnelutti Filho e Storck (2007), para o parâmetro “a” é considerada alta e para os demais parâmetros classificados como moderado, indicando alta e moderada influência genotípica nos parâmetros do modelo de crescimento. Resende e Alves (2020; 2022), classificam a acuraria preditiva acima de 0,90 como muito alta, todos parâmetros para a variável área basal alcançaram alta precisão preditiva.

Há grande importância de se estudar os efeitos genéticos dos parâmetros de crescimento do modelo, pois estes têm interpretações biológicas válidas, onde o “a” é a produtividade atingida no momento de máximo incremento médio. Na prática esse parâmetro demonstra a produtividade no momento ideal de corte, a herdabilidade alta deste parâmetro indica alto controle genético.

O parâmetro “b” não apresenta interpretação válida aplicado ao meio florestal, contudo o parâmetro “c” é a taxa de crescimento, importante variável que infere na capacidade de crescimento de cada genótipo. Os parâmetros estatísticos estimados para “c” demonstra um caráter de alto controle genético, que impacta na trabalhabilidade desta nos programas de melhoramento florestal.

Tabela 6- Estatísticas dos parâmetros do modelo de Chapman-Richards. a,b,c: Parâmetros do modelo de crescimento.

Parâmetros	a	b	c
$\mu$	25.72	4.23	0.07
$\sigma^2g$	51.96	14.11	0.0008
$\sigma^2e$	52.02	44.75	0.0009
$\sigma^2f$	103.98	58.86	0.0017
$h^2$	0.50	0.24	0.44
CVg (%)	28.02	88.77	40.67
CV (%)	28.03	158.09	45.55
Acurácia	0.98	0.93	0.97

$\mu$ : média geral;  $\sigma^2g$ : variância genotípica;  $\sigma^2e$ : variância ambiental;  $\sigma^2f$ : variância fenotípica; CVg(%):

coeficiente de variação genotípica; CV (%): coeficiente de variação ambiental.

Na Tabela 7 indica as estatísticas das variáveis principais obtidas a partir do modelo de Chapman-Richards considerando os parâmetros genéticos.

Tabela 7- Estatísticas das variáveis obtidas a partir do modelo genético. ITC: Idade técnica de corte; IA: Idade de arranque; V.G.AB: Valor genético de área basal.

Estatísticas/Variáveis	ITC	IA	V.G.AB
$\sigma^2g$	70.88	13.42	29.48
$\mu$	53.33	13.69	22.67
CVg (%)	15.79	26.77	23.95
MAX	83.91	48.00	41.50
MIN	33.76	12.00	13.97

$\mu$ : média geral;  $\sigma^2g$ : variância genotípica; CVg(%): coeficiente de variação genotípica; MAX: valor máximo; MIN: valor mínimo.

As variáveis apresentadas na Tabela 7, são extraídas a partir do comportamento da curva de crescimento genotípica dos materiais genéticos em estudo, esses caracteres são passíveis de praticar seleção bem como melhorar para obtenção de materiais com comportamento desejável para produção e planejamento florestal.

Rosado et al. (2019) destacam a importância da variabilidade genética para a prática de seleção, e ressaltam que o coeficiente de variação genotípica (CVg) é um parâmetro estatístico que remete em variabilidade. Ziegler e Tambarussi (2022) classificou os CVg em classes, demonstrando que ITC, V.G.AB e IA demonstrados na Tabela 7 apresentam variância moderada, alta e muito alta respectivamente.

Na Tabela 8, apresenta o rank genético estimado para variável AB na ITC, é possível obter um ganho genético maior quando consideramos selecionar os materiais na idade de máximo incremento totalizando um ganho genotípico de 12,89% em relação à média das testemunhas.

Os materiais 152 e 3 ranqueados em segundo e terceiro, são testemunhas comerciais e referem-se aos clones E13 (*E. urophylla*) e E17 (*E. urograndis*), respectivamente. Pelo método de seleção com base a curva de crescimento foram estas as melhores testemunhas, apenas o clone 137 (*E. urograndis*) alcançou melhor

desempenho com relação aos melhores clones comerciais. A média das testemunhas alcançaram 33,07 m<sup>2</sup>.ha<sup>-1</sup>, enquanto que ao ranquear os dez melhores genótipos do experimento, apesar de aparecer dois clones testemunhas, a média alavanca para 35,49 m<sup>2</sup>.ha<sup>-1</sup>.

Tabela 8- Rank genético considerando o valor genético estimado da área basal (V.G.AB) na idade técnica de corte (ITC), e a idade de arranque (IA) para cada clone selecionado.

CLONE	RANK	V.G.AB	ITC	IA
137	1	41.50	74.07	12.00
152	2	39.50	83.91	12.00
3	3	37.20	74.64	16.99
47	4	36.32	67.55	12.00
44	5	35.79	66.14	12.00
94	6	34.91	55.99	12.00
93	7	33.10	65.11	12.00
62	8	32.87	64.03	12.00
112	9	32.32	81.52	14.61
108	10	31.37	52.49	16.16

As Figuras de 4 a 8 demonstram o comportamento de crescimento genotípico e fenotípico dos genótipos mais produtivos considerando área basal. O comportamento sigmoideal é bem comum no crescimento biológico em espécies florestais. Como observado nas Figuras acima mencionadas, ainda é possível analisar quanto aos pontos de interesse apresentado por este estudo.

Figura 4- Curva de crescimento fenotípica (vermelho) e genotípica (preta), a linha verde representa o ponto de máxima aceleração do genótipo (arranque) e a linha em

azul o máximo incremento médio mensal (assíntota, idade de corte). A = Clone 137; B = Clone 152.

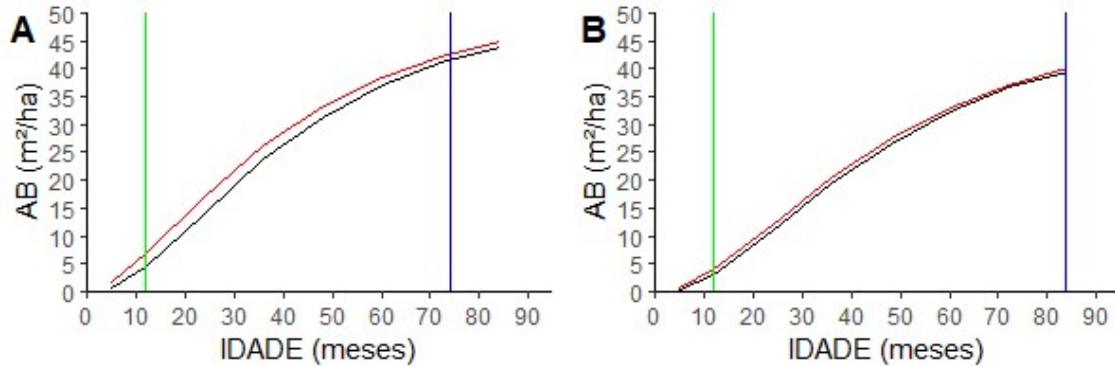


Figura 5- Curva de crescimento fenotípica (vermelho) e genotípica (preta), a linha verde representa o ponto de máxima aceleração do genótipo (arranque) e a linha em azul o máximo incremento médio mensal (assíntota, idade de corte). C = Clone 3; D = Clone 47

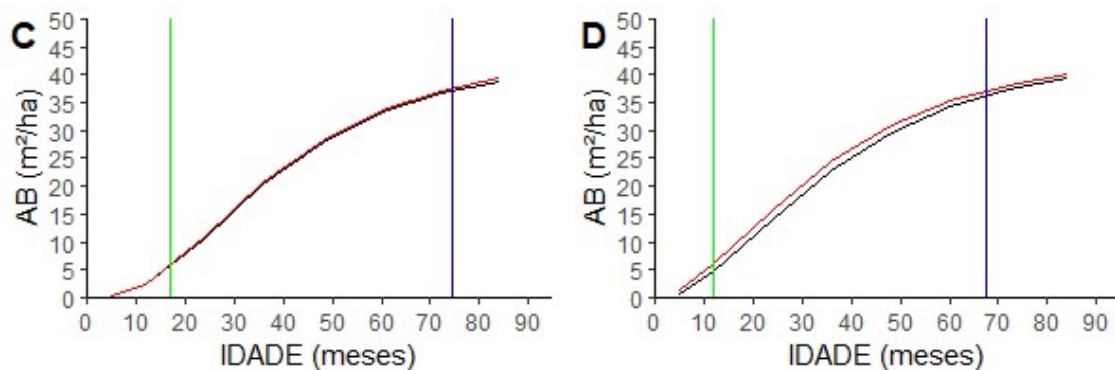


Figura 6- Curva de crescimento fenotípica (vermelho) e genotípica (preta), a linha verde representa o ponto de máxima aceleração do genótipo (arranque) e a linha em azul o máximo incremento médio mensal (assíntota, idade de corte). E = Clone 44; F = Clone 94

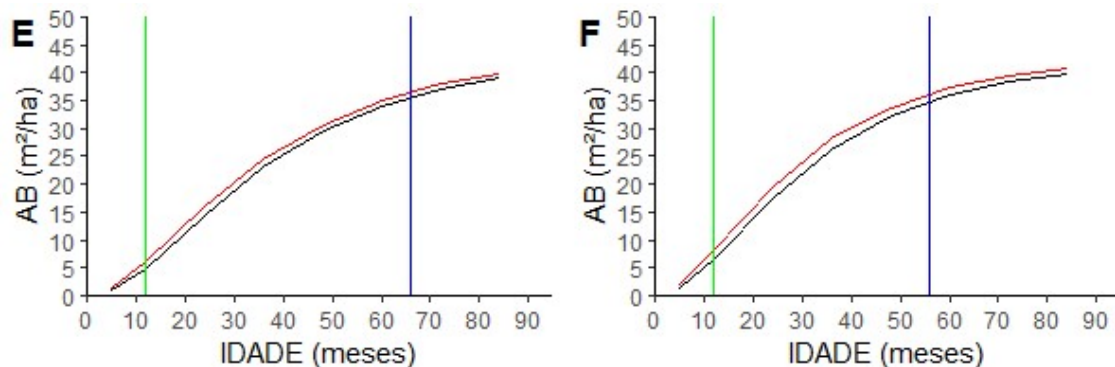


Figura 7- Curva de crescimento fenotípica (vermelho) e genotípica (preta), a linha

verde representa o ponto de máxima aceleração do genótipo (arranque) e a linha em azul o máximo incremento médio mensal (assíntota, idade de corte). G = Clone 93; H = Clone 62

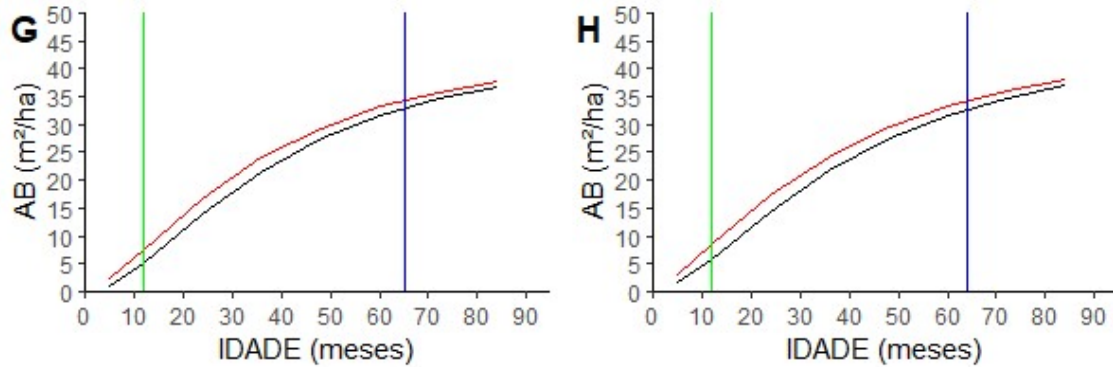
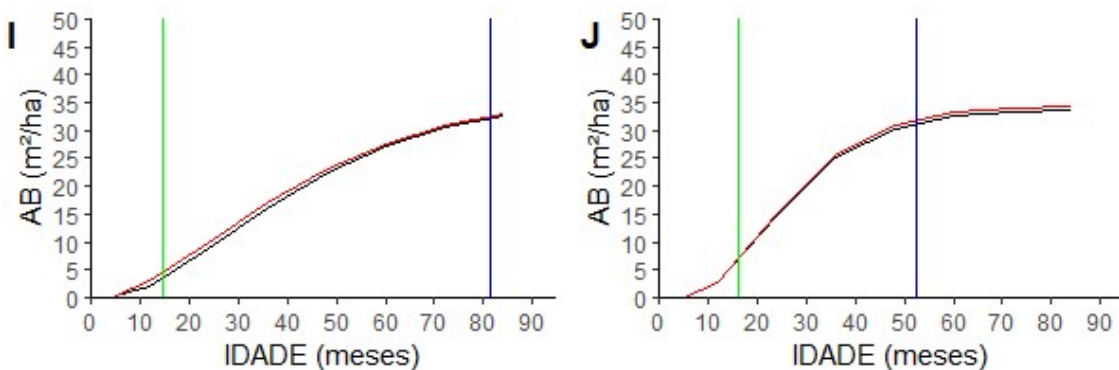


Figura 8- Curva de crescimento fenotípica (vermelho) e genotípica (preta), a linha verde representa o ponto de máxima aceleração do genótipo (arranque) e a linha em azul o máximo incremento médio mensal (assíntota, idade de corte). I = Clone 112; J = Clone 108



A seleção genética de clones para plantio comercial é comum ser analisada via o software Selegen REML/BLUP (RESENDE, 2016), em idade média de 6 a 7 anos adotadas como padrão no meio florestal. Contudo, essa idade pode não representar o comportamento de máximo incremento médio do genótipo em questão. Com isso, o presente estudo visa a seleção na idade técnica de corte estimada a partir da curva de crescimento genotípica, momento onde ocorre o máximo incremento médio. A computação de eficiência seletiva/produtiva considerando a produtividade de área basal no tempo é ilustrada na Tabela 9, bem como a razão das eficiências na ITC e idade padrão.

Tabela 9- Contabilização da eficiência seletiva dos métodos em estudo considerando

a variável área basal (AB). VGC: Valor genotípico predito de na idade técnica de corte; ITC: Idade técnica de corte; IA: Idade de arranque; VG6: valor genotípico predito aos 6 anos.

CLONE	RANK	VGC	ITC	IA	VG6	Idade Final	Eficiência curva/ano	Eficiência 6/ano	Eficiência
137	1	41.5	74	12	36.1	72	0.56	0.50	1.12
152	2	39.5	84	12	31.9	72	0.47	0.44	1.06
3	3	37.2	75	17	31.7	72	0.50	0.44	1.13
47	4	36.3	68	12	35.6	72	0.54	0.50	1.09
44	5	35.8	66	12	36.4	72	0.54	0.51	1.07
94	6	34.9	56	12	37.5	72	0.62	0.52	1.20
93	7	33.1	65	12	34.2	72	0.51	0.48	1.07
62	8	32.9	64	12	34.3	72	0.51	0.48	1.08
112	9	32.3	82	15	27.6	72	0.40	0.38	1.03
108	10	31.4	52	16	33.7	72	0.60	0.47	1.28

Os resultados expostos por meio da Tabela 9 indicam uma eficiência seletiva média de 1,11, ou seja, apresenta um ganho de 11% quando se considera a variável tempo. Há 80% de coincidência entre o rank genético por meio da estimação de G na ITC e AB aos 6 anos, ou seja, de 10 materiais selecionados 8 se repetem. Contudo, conforme o resultado expresso na Tabela 9, há um aumento na eficiência produtiva com a seleção com base a curva de crescimento devido ao corte no momento ideal. A produtividade por unidade de tempo se torna máxima de acordo essa metodologia potencializando a capacidade produtiva das áreas florestais plantadas com o mesmo genótipo.

A idade em que ocorre a máxima aceleração do genótipo, denominada neste estudo como idade de arranque, é uma variável extraída a partir do comportamento de crescimento do material. É esperado que quanto mais cedo o genótipo atinja a máxima aceleração, tem tendencia a ser mais precoce, desta forma, na Tabela 10 foi calculado o valor genotípico corrigido em um cenário em que todos genótipos ranqueados entre os dez melhores obtivesse a máxima aceleração aos 12 meses (idade de arranque mais jovem encontrada considerando a área basal).

Tabela 10- Contabilização da eficiência seletiva dos métodos em estudo considerando a variável área basal (AB). VGC: Valor genotípico predito na idade técnica de corte; VGC corr: Valor genotípico predito na idade técnica de corte corrigido; ITC: Idade técnica de corte; IA: Idade de arranque; Tx: Taxa de correção do valor genético.

CLONE	RANK	VGC	ITC	IA	Tx	VG corr.
137	1	41.5	74	12	1.00	41.50
152	2	39.5	84	12	1.00	39.50
3	3	37.2	75	17	1.10	40.86
47	4	36.3	68	12	1.00	36.32
44	5	35.8	66	12	1.00	35.79
94	6	34.9	56	12	1.00	34.91
93	7	33.1	65	12	1.00	33.10
62	8	32.9	64	12	1.00	32.87
112	9	32.3	82	15	1.06	34.26
108	10	31.4	52	16	1.09	34.08

A Tabela 11 mostra os dez genótipos ranqueados de acordo com o índice Mulamba e Mock modificado, pode-se observar a área basal por hectare na idade técnica de corte prevista para cada genótipo, a idade de arranque prevista e ITC prevista. É possível analisar que por meio desta metodologia o ganho previsto foi de -23,76%, observando um ganho negativo quando se compara a seleção com apenas a variável que expressa produção.

Enquanto a média das testemunhas alcança a produção de 33,07 m<sup>2</sup>.ha<sup>-1</sup>, com o índice que considera o rank de produção, idade de corte e idade de arranque, abaixa a média para 25,21 m<sup>2</sup>.ha<sup>-1</sup>. O ranqueamento em idades mais precoce contribui negativamente para a produtividade, uma vez que os materiais que atingem o incremento médio em idades jovens são dominados e não apresentam bom desempenho no povoamento.

Tabela 11- Rank genético considerando o índice de Mulamba e Mock. V.G.AB: Valor genético predito de área basal na idade técnica de corte; ITC: Idade técnica de corte; IA: Idade de arranque.

CLONE	RANK	V.G.AB	ITC	IA
135	1	24.301	45.09	12.00
90	2	22.500	44.61	12.00

14	3	23.352	45.88	12.00
68	4	30.817	52.36	12.00
149	5	27.815	51.23	12.00
122	6	20.823	44.47	12.00
1	7	25.361	51.98	12.00
95	8	16.056	38.59	12.00
70	9	26.171	52.82	12.00
94	10	34.915	55.99	12.00

O volume de madeira é a principal variável que remete a produção incorporada no meio florestal. A seleção genética, fenotípica e comercialização de florestas plantadas em suma é realizada presumindo o volume do plantio. Com isso, este estudo foi conduzido tendo em vista esse importante caráter. O rank genético dos clones mais produtivos aos 6 anos está esboçado na Tabela 12, na qual a seleção considerando o valor genotípico predito a partir do fenótipo de cada material observado no ensaio genético, apresenta um ganho de 4,92% em relação à média das testemunhas.

O material 152 é um *E. urophylla* denominado comercialmente como E13, o material 3 é um *E. urograndis* denominado comercialmente como E17, ficaram entre os dez melhores, todos demais clones são *E. urograndis*. Os clones 137 e 47 superaram as melhores testemunhas com melhor desempenho em produtividade.

A média das testemunhas é de 415,20 m<sup>3</sup>.ha<sup>-1</sup>, enquanto que ao selecionar os dez genótipos de maior desempenho a média foi alavancada para 435,65. Considerando que se tem quatro testemunhas e apenas duas ficaram entre as dez de maior desempenho, os materiais da Tabela 12 são promissores para altas produtividades.

Tabela 12- Ranqueamento dos Clones para o valor genético de Volume de madeira (V.G.V) aos 6 anos.

RANK	CLONE	V.G.V
1	137	485.58
2	47	476.45

3	152	466.41
4	94	458.93
5	44	444.54
6	3	441.65
7	68	423.31
8	108	419.64
9	62	414.41
10	93	398.88

As estatísticas descritivas dos parâmetros genotípicos dos modelos de crescimento para a variável volume de madeira estão expressos na Tabela 13. Na modelagem do crescimento considerando a variável produtiva volume as herdabilidades conforme classificadas por Cargnelutti Filho e Storck (2007) são consideradas moderadas para os parâmetros “a” e “c”, e classificada como baixa a herdabilidade estimada no parâmetro “b”. Contudo, a acurácia preditiva como no caractere volume de madeira permaneceu para todos parâmetros, precisão muito alta de acordo Resende e Alves (2020).

As herdabilidades estimadas consideradas moderadas para os parâmetros “a” e “c” apresentam implicações práticas na condução do programa de melhoramento, pois estes parâmetros apresentam interpretações biológica e o estudo genético da máxima produção assintótica e taxa de crescimento pode auxiliar no processo de seleção. A alta acurácia alcançada indica o nível de confiança de estimação destes parâmetros.

Tabela 13- Estatísticas dos parâmetros do modelo de Chapman-Richards. a, b, c: Parâmetros do modelo de crescimento genotípico considerando volume de madeira.

Parâmetros	a	b	c
$\mu$	336.46	5.64	0.06
$\sigma^2g$	9671.51	6.65	0.0003
$\sigma^2e$	13793.5	28.76	0.0006
$\sigma^2f$	23465.1	35.41	0.0009
$h^2$	0.41	0.19	0.28
CVg (%)	29.22	45.73	26.93
CV (%)	34.9	95.07	42.82
Ac	0.97	0.91	0.94

$\mu$ : média geral;  $\sigma^2g$ : variância genotípica;  $\sigma^2e$ : variância ambiental;  $\sigma^2f$ : variância fenotípica; CVg(%): coeficiente de variação genotípica; CV (%): coeficiente de variação ambiental.

As estatísticas expressas nas Tabelas 6 e 13 poderão servir para trabalhos futuros, uma vez que não se tem estudos cujo comportamento e modelagem do crescimento são abordados para seleção genotípica. O presente trabalho demonstra o efeito genotípico sobre os parâmetros do modelo de crescimento a partir da herdabilidade, a variância genética demonstrada no coeficiente de variação genotípico (CVg) e a influência residual pelo coeficiente de variação residual (CV).

As variáveis extraídas da curva genotípica de crescimento é que possibilita uma vasta interpretação e nos garante aspectos de inferência quanto ao manejo da floresta e aplicações silviculturais para cada genótipo. Na Tabela 14 apresenta algumas estatísticas básica quanto as variáveis extraídas a partir da análise do crescimento de cada material genético estudado separadamente.

A classificação de variação genética conforme estabelecido por Ziegler e Tambarussi (2022), para as variáveis ITC e IA apresentam variabilidade moderada e o volume na idade técnica de corte (V.G.V) tem variabilidade alta. À vista disso, a característica que aponta maior sucesso com seleção é que garante a produtividade dos plantios florestais.

Tabela 14- Estatísticas das variáveis obtidas a partir do modelo genético. ITC: Idade técnica de corte; IA: Idade de arranque; V.G.V: Valor genotípico predito de volume de madeira na ITC.

Estatísticas/Variáveis	ITC	IA	V.G.V
$\sigma^2g$	19.35	3.00	3099.95
Média	47	22	233.48
CVg (%)	9.30	7.89	23.85
MAX	60	27	401.58
MIN	36	18	127.13

$\mu$ : média geral;  $\sigma^2g$ : variância genotípica; CVg(%): coeficiente de variação genotípica; MAX: valor máximo; MIN: valor mínimo.

A Tabela 15 ilustra o rank genético dos genótipos mais produtivos para a variável volume de madeira no máximo incremento médio, ou seja, a máxima produtividade por unidade de tempo. A seleção dos dez melhores genótipos neste

caso nos fornece um ganho de 8,42% da média das testemunhas, indicando uma superioridade destes materiais.

Os materiais 3 e 152 são testemunhas e foram ranqueados entre os melhores para o experimento em questão. Os clones 137 e 47 por meio desta técnica foram superiores em relação as melhores testemunhas, desta forma, estes os de melhor desempenho genotípico. A média das testemunhas comerciais foi de 449,09 m<sup>3</sup>.ha<sup>-1</sup>, enquanto que a média dos materiais de maior performance alcançou a produtividade de 486,90 m<sup>3</sup>.ha<sup>-1</sup>.

Tabela 15- Rank genético considerando o valor genético estimado do Volume de madeira (V.G.V) na idade técnica de corte (ITC), e a idade de arranque (IA) para cada clone selecionado.

CLONE	RANK	V.G.V	ITC	IA
137	1	401.58	56	24
47	2	398.72	55	23
3	3	372.69	55	23
44	4	359.81	54	21
94	5	356.72	51	22
152	6	356.41	53	19
62	7	345.53	55	21
130	8	323.89	54	20
67	9	319.90	52	20
93	10	314.02	53	24

Há diferença entre as ITC e IA nas duas variáveis de produção utilizadas neste estudo, sendo elas área basal e volume de madeira, isso devido ao comportamento de crescimento delas serem distintos. O volume de madeira além de dependente de área basal, ou seja, é influenciado por AB também depende do comportamento de altura total da planta (GONZALEZ-BENECKE et al., 2021). Estudos indicam que as

espécies florestais apresentam tendência de crescimento diferentes para as variáveis altura total e DAP (BARBOSA et al., 2021). Desta forma, cada variável tende a apresentar IA e ITC diferentes, dependendo o comportamento de crescimento de cada caráter.

As Figuras de 9 a 13 ilustram a curva de crescimento genotípica e fenotípica dos dez melhores genótipos em produtividade de volume de madeira. As curvas neste caso apresentaram um comportamento diferente de quando avaliada área basal, assim como o rank apresentou alguns genótipos distintos, isso indicando que as variáveis têm comportamento de crescimento e produção final distintos.

Figura 9- Curva de crescimento fenotípica (vermelho) e genotípica (preta), a linha verde representa o ponto de máxima aceleração do genótipo (arranque) e a linha em azul o máximo incremento médio mensal (assíntota, idade de corte). A = Clone 137; B = Clone 47.

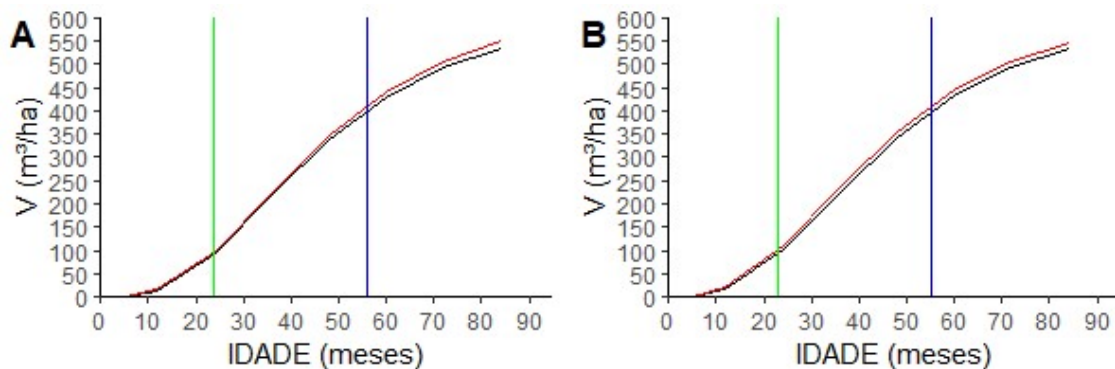


Figura 10- Curva de crescimento fenotípica (vermelho) e genotípica (preta), a linha verde representa o ponto de máxima aceleração do genótipo (arranque) e a linha em azul o máximo incremento médio mensal (assíntota, idade de corte). C = Clone 3; D = Clone 44.

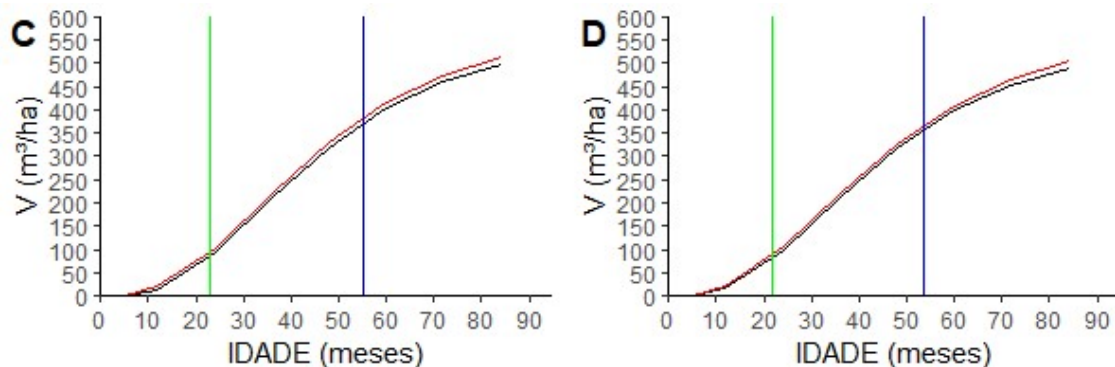


Figura 11- Curva de crescimento fenotípica (vermelho) e genotípica (preta), a linha

verde representa o ponto de máxima aceleração do genótipo (arranque) e a linha em azul o máximo incremento médio mensal (assíntota, idade de corte). E = Clone 94; F = Clone 152.

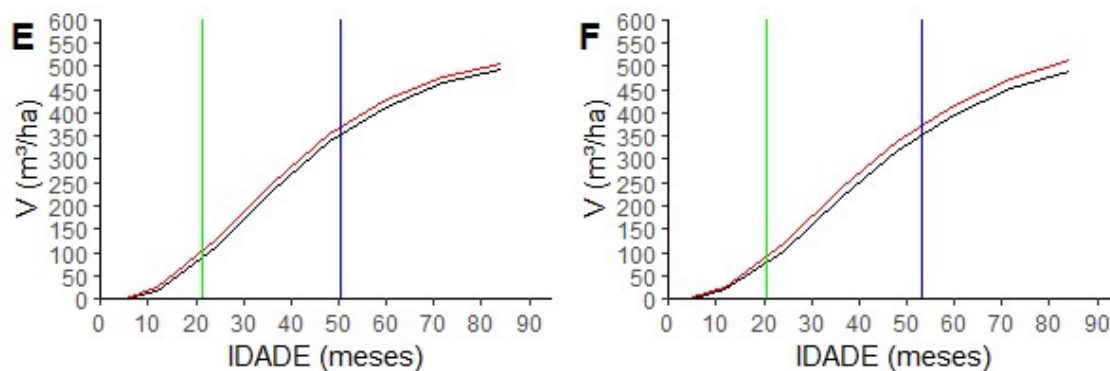


Figura 12- Curva de crescimento fenotípica (vermelho) e genotípica (preta), a linha verde representa o ponto de máxima aceleração do genótipo (arranque) e a linha em azul o máximo incremento médio mensal (assíntota, idade de corte). G = Clone 62; H = Clone 130

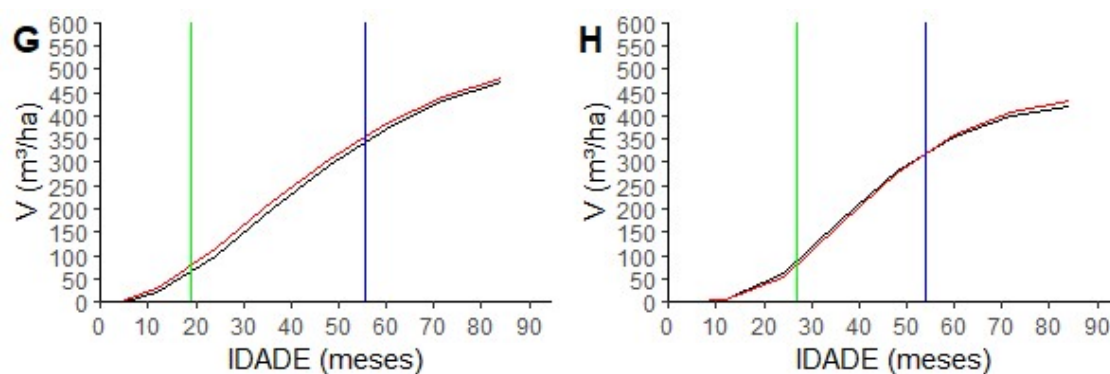
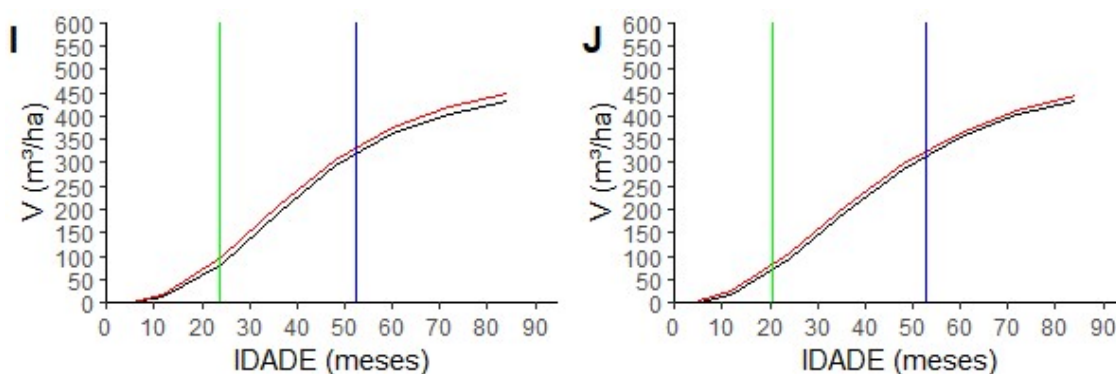


Figura 13- Curva de crescimento fenotípica (vermelho) e genotípica (preta), a linha verde representa o ponto de máxima aceleração do genótipo (arranque) e a linha em azul o máximo incremento médio mensal (assíntota, idade de corte). I = Clone 67; J = Clone 93.



Todos clones tanto para área basal (Tabela 9) quanto para volume, indicado na Tabela 16, apresentaram eficiência produtiva superior pela metodologia que avalia o comportamento de crescimento para seleção genética. Para o volume de madeira os dez clones selecionados apresentaram uma eficiência média de 1,09, impactando em 9% de aumento da produtividade por unidade de tempo.

Tabela 16- Contabilização da eficiência seletiva dos métodos em estudo considerando a variável volume de madeira (V). VGC: Valor genotípico predito na idade técnica de corte; ITC: Idade técnica de corte; IA: Idade de arranque; VG6: valor genotípico predito aos 6 anos.

CLONE	RANK	VGC	ITC	IA	VG6	Idade Final	Eficiência curva/ano	Eficiência 6/ano	Eficiência
137	1	401.6	56	24	485.6	72	7.18	6.74	1.07
47	2	398.7	55	23	476.4	72	7.25	6.62	1.10
3	3	372.7	55	23	441.7	72	6.76	6.13	1.10
44	4	359.8	54	21	444.5	72	6.70	6.17	1.09
94	5	356.7	51	22	458.9	72	7.05	6.37	1.11
152	6	356.4	53	19	466.4	72	6.69	6.48	1.03
62	7	345.5	55	21	414.4	72	6.23	5.76	1.08
130	8	323.9	54	20	383.7	72	5.98	5.33	1.12
67	9	319.9	52	20	386.0	72	6.12	5.36	1.14
93	10	314.0	53	24	398.9	72	5.97	5.54	1.08

Os materiais ranqueados no método tradicional (seleção aos 6 anos) e crescimento genotípico apresentaram 80% de coincidência dos dez melhores materiais ranqueados, ou seja, dos dez ranqueado oito são se repetiram nas duas técnicas. O mesmo resultado já expresso em área basal é observado em volume, onde tem-se uma eficiência média produtiva de 9% superior considerando as técnicas e recomendações extraídas do modelo de crescimento.

Yang et al. (2018) destacam a alta eficiência produtiva alcançada pelos programas de melhoramento, que tem como principal objetivo aumentar a produtividade das áreas florestais, bem como selecionar genótipos com característica adequadas para o setor industrial em que se destina a madeira. Hakamada et al. (2022) relata a importância de acompanhar o crescimento florestal, para que no momento de máxima produtividade da floresta implantada seja estabelecido a colheita.

As espécies de eucalipto apesar de apresentar ciclo de vida ecológico longo, quando estabelecidas em plantio com finalidade de produção estabiliza o crescimento em idade bem menos avançada (LOPES et al., 2022). Tendo em vista o melhoramento de eucalipto e a colheita no momento ideal a eficiência produtiva do plantio florestal se torna máxima, conforme observado nas Tabelas 9 e 16 com as variáveis área basal e volume de madeira respectivamente.

Assim como para área basal, foi estimado o valor genético corrigido para a situação em que os melhores genótipos ranqueados apresentassem a mesma IA, quanto mais cedo o genótipo atinge o arranque melhor o aproveitamento da sua taxa de crescimento, sendo que em casos de arranque mais tardio o fechamento do dossel e estabelecimento de competição entre plantas fica próximo, desta forma o material não tem um bom aproveitamento da taxa de crescimento. A Tabela 17 indica os valores corrigidos para os genótipos que tem IA menor que 18 (menor idade de arranque observada).

Tabela 17- Contabilização da eficiência seletiva dos métodos em estudo considerando a variável volume de madeira (V). VGC: Valor genotípico predito na idade técnica de corte; VGC corr: Valor genotípico predito na idade técnica de corte corrigido; ITC: Idade técnica de corte; IA: Idade de arranque; Tx: Taxa de correção do valor genético.

CLONE	RANK	VGC	ITC	IA	Tx	VG corr.
137	1	401.6	56	24	1.03	415.26
47	2	398.7	55	23	1.03	410.68
3	3	372.7	55	23	1.03	384.64
44	4	359.8	54	21	1.02	366.04
94	5	356.7	51	22	1.02	365.24
152	6	356.4	53	19	1.01	359.09
62	7	345.5	55	21	1.02	353.15
130	8	323.9	54	20	1.02	329.60
67	9	319.9	52	20	1.02	325.56
93	10	314.0	53	24	1.04	327.32

A aplicação de tratamentos silviculturais aumentam a qualidade de sítios proporcionando para as florestas melhores condições de desenvolvimento, atividades como adubação e controle da mato-competição são indispensáveis para maior

produtividade (ALBAUGH et al., 2022). A condução das atividades silviculturais não só garantem o melhor desempenho da floresta como também permitem o sucesso do plantio, evitando perdas por condições bióticas e abióticas (ALEMAYEHU e MELKA, 2022).

A idade de arranque obtida neste estudo auxilia o silvicultor no planejamento das atividades, de maneira que garanta um bom sítio nesta idade de máxima aceleração para que o desempenho do genótipo seja máximo, atuando até mesmo no planejamento para que nesta fase de arranque esteja em período chuvoso, pois conforme Dube et al. (2017) o período com maior índice pluviométrico garante um maior incremento nas florestas.

O índice de Mulamba e Mock modificado, que considera a média dos ranks, foi calculado e realizado um rank médio levando em conta o crescimento na variável volume de madeira. A Tabela 18 apresenta o rank genético estabelecido por meio deste índice, o ganho estimado neste caso foi de -32,81%, com significância negativa considerando todas variáveis extraídas da curva de crescimento dos materiais em estudo. A média dos materiais ranqueados foi de 301,7 m<sup>3</sup>.ha<sup>-1</sup>, menor que as testemunhas comerciais que alcançou produtividade média de 449,09 m<sup>3</sup>.ha<sup>-1</sup>.

Tabela 18- Rank genético considerando o índice de Mulamba e Mock. V.G.V: Valor genético predito de volume de madeira na idade técnica de corte; ITC: Idade técnica de corte; IA: Idade de arranque.

Clone	RANK	ID	V.G.V	IA
68	1	45.4481	294.3011	20.9
108	2	45.89793	306.4724	20.8
135	3	44.57284	243.2306	19.6
149	4	43.53941	287.4733	21.5
76	5	39.16047	189.7161	18.8
38	6	43.75018	201.1577	18.2
1	7	42.25807	222.5479	20.7
13	8	42.36653	192.9996	19.3
15	9	45.19104	241.8977	20.6
37	10	36.54257	167.3453	19.3

Para a seleção de acordo o índice de seleção considera o rank médio de todas variáveis extraídas da curva de crescimento genotípica, com isso apresenta o maior ganho médio, contudo há perda de produtividade. O baixo ganho em área basal (Tabela 11) e volume (Tabela18) pelo índice pode estar relacionado às vertentes do programa de melhoramento que possivelmente não considera a precocidade de produção, quando na esquematização do programa é considerado esse fator, a metodologia descrita neste trabalho poderá auxiliar na internalização de ganhos.

Gong et al. (2022) descrevem que a relação entre caracteres influencia durante a seleção, isso pode acontecer devido a genes ligados no controle de características. Zheng et al. (2022) apontam que para quebrar ligação de genes e garantir ganhos para mais de uma característica, cruzamentos recíprocos podem auxiliar. Em um programa de melhoramento quando se deseja melhorar mais de um caráter o cruzamento de grupos de indivíduos garantem ganhos para ambas variáveis (PAVAN et al., 2021). Em vista disso, o cruzamento entre grupos de materiais precoces e grupos de materiais com alta desenvoltura produtiva pode garantir ganhos, e a utilização do índice de Mulamba e Mock modificado conforme proposto neste estudo, auxilia na computação de maiores ganhos genéticos.

Por meio da seleção com base em curva de crescimento genética é possível selecionar e ranquear os melhores indivíduos para recomendação de plantio nas áreas de interesse, considerando esta metodologia pode se indicar outras técnicas de manejo e silvicultura para cada genótipo selecionado. A idade de arranque é onde ocorre o ponto de inflexão da curva, ou seja, ocorre a mudança da curvatura para ascendente, com máxima aceleração, a aplicação de técnicas como desbaste e adubações nesta fase pode impactar em melhor desempenho do genótipo, de maneira que todo potencial genético do material será expressado durante o crescimento. A idade técnica de corte é a assíntota da curva de crescimento genética, é ponto ideal para a colheita, pois a partir deste o incremento de madeira é baixo e não há aceleração.

Há uma correlação de -0,82 para as variáveis ITC e taxa de crescimento genotípica, isso indica que os materiais que apresentam uma maior taxa de crescimento são mais precoces. Ainda foi verificado uma correlação de -0,62 entre o volume na ITC e a taxa de crescimento, ou seja, os materiais que apresentam uma taxa de crescimento maior tendem a ser mais precoces e produção suavemente

menores. Há uma correlação de 0,74 entre ITC e volume predito na ITC, indicando que os materiais que persistem por tempo maior em campo apresentam produtividade mais elevadas.

O crescimento das plantas florestais é um importante fator que garante a produtividade de produtos florestais, com isso a avaliação desta característica é extremamente importante para o sucesso na condução do plantio florestal. Os parâmetros do modelo de crescimento são considerados um ponderamento capaz de relacionar as variáveis idade e expressão de crescimento, ao considerar essas como parâmetros da curva é possível agrupar os genótipos por classe de curva de crescimento conforme expresso nas Tabelas 19 e 20 para as variáveis área basal e volume de madeira, respectivamente.

A tabela 19 aponta quais genótipos apresentam comportamento de crescimento semelhantes, agrupados de tal forma que implantados em campo estes não suprimem o crescimento do vizinho geneticamente diferente. Aponta informações de produtividade média, idade média de corte do povoamento misto clonal, e a idade de máxima aceleração para auxílio do planejamento silvicultural. O grupo 2 apresenta média superior, os clones agrupados neste foram de melhor performance.

Tabela 19- Grupos formados pelo método de tocher do comportamento da curva de crescimento genotípica para a variável área basal. AB: Valor genotípico de área basal em  $m^2.ha^{-1}$ ; ITC: Idade técnica de corte; IA: Idade de arranque.

Grupo	Genótipos	AB	ITC	IA
1	106,133,43,14,118,56,45,141,84,30,104, 109,19,15,88,121,131,144,3,89,59,17, 46,90,142,51,38,87,148,78,71,105,127, 85,58,81,120,68,18,2,135,92,20,139, 72,108,93,132,13,24,111,136,146,57,26, 73,6,129,99,154,8,1,67,21,10,12,114, 4,29,35,34,25,41,9,112,91,94,138,79,124, 66,153,145,101,39,27,40,115,36,60,61,117, 100,70,50,130,80,155,42,134,23,49,143,123, 140,149,147,48,151,122,96,83,11,102, 63,65,75,31,64,103,86,76,52,107, 5,7,128,119,54,95,116	22.72	54	13
2	152,47,137,44,62	37.20	71	12
3	98,125,150,97,82,110,16,55,113,53,77,74,126,32,33	17.02	44	16
4	22,37,28	21.04	42	18

A tabela 19 aponta quais genótipos apresentam comportamento de crescimento semelhantes, agrupados de tal forma que implantados em campo estes não suprimem o crescimento do vizinho geneticamente diferente. Aponta informações de produtividade média, idade média de corte do povoamento misto clonal, e a idade de máxima aceleração para auxílio do planejamento silvicultural. O grupo 2 apresenta média superior, os clones agrupados neste foram de melhor performance.

É indicado na tabela 20 os genótipos que podem ser implantados em compostos por apresentarem curva de crescimento semelhante. O composto que poderia apresentar maior sucesso produtivo é o do grupo 3 que obteve alta média produtiva. Cada composto apresentado tem sua média produtiva é indicado a idade média de corte do povoamento e arranque para auxílio nas práticas silviculturais.

Tabela 20- Grupos formados pelo método de tocher do comportamento da curva de crescimento genotípica para a variável volume de madeira. VOL: Valor genotípico de volume de madeira em  $m^3 \cdot ha^{-1}$ ; ITC: Idade técnica de corte; IA: Idade de arranque.

Grupo	Genótipos	VOL	ITC	IA
1	55,118,19,15,52,128,89,59,46,38, 71,105,85,20,72,132,13,110,146,26, 140,129,8,21,4,25,138,124,27,40,107, 117,56,5,81,143,103,57,83,121,41,99, 111,7,74,24,11,54,116,123,63,16,126,113	272.11	71.537	21
2	133,43,45,30,109,131,17,142,87,78,127, 120,68,139,147,108,93,136,35,112,153, 145,101,39,60,61,80,154,67,65,75,104, 119,100,141,69	383.6	80.312	22
3	47,3,137,44,62,94,152	510.73	88	21
4	148,135,114,79,66,70,92	352.45	73	22
5	88,2,10,29,155,134,86	310.08	81	21
6	14,84,91,50,51,122,96,102,1,31, 76,18,58,82	254.97	65	22
7	106,9,23,64,125	243.38	65	23
8	98,53,12,36,48,97,77	197.45	60	23
9	150,151	166.20	59	20
10	22,33	255.67	54	22
11	115,6	187.01	63	18
12	90,149	347.21	65	21
13	34	353.03	66	23
14	130	416.49	81	27

15	49	228.93	76	19
16	37	210.63	53	19
17	144	409.64	99	22
18	42	288.18	63	25

Atualmente no meio florestal tem se discutido o uso de compostos clonais, que são mistos de cultivares selecionados, plantados em uma mesma área afim de diminuir os riscos advindo das alterações climáticas (REZENDE et al., 2019). Um dos principais problemas com os compostos clonais é a diferença de crescimento entre os principais genótipos selecionados, onde cada um pode apresentar arranque e taxas de crescimento distintas, de maneira que um domine o outro e a produção seja afetada. Desta forma, com a modelagem do crescimento dos genótipos é possível agrupá-los por meio da tendencia da curva de crescimento e recomendarem os materiais passíveis de plantios em compostos clonais com crescimento semelhante e produção superior.

Tabela 21- Agrupamento de clones considerando grupos de idade técnica de corte.

Grupos/ITC	Ni	Clones									
3	16	37	33	53	22	76	115	82	31	151	
		96	150	77	27	98	18	36			
		6	1	140	13	48	23	106	128	122	
		91	90	5	74	135	64	54	58	97	
		110	11	146	149	12	38	111	89	25	
		42	9	15	117	114	34	68	105	129	
		116	55	84	46	123	24	102	108	107	
		132	138	20	40	124	14	126	79	87	
	4	142	85	118	71	21	66	17	4	56	45
			51	92	103	7	49	19	143	8	99
			59	61	81	16	121	155	35	86	72
			125	119	153	83	104	70	26	141	60
			63	29	109	78	50	139	10	145	113
			80	94	2	154	43	75	101	57	147
			142	127	52	67	136	93	41	134	30
			112	152	88	120	44	39	100		
5	11	131	130	69	133	148	47	3	62	137	
		65	144								
RANK	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
CLONE	137	47	3	44	94	152	62	130	67	93	

A idade ótima de corte média variou de 3 a 5 anos de acordo o comportamento

de crescimento dos genótipos avaliados, desta forma foi separado os materiais por idade média da ITC. Entre os dez clones de maior desempenho, cinco deles apresentaram assíntota aos 5 anos e os demais aos 4 anos. Os genótipos que apresentaram estabilização do crescimento em idades inferiores, se espera um menor desempenho em produção, principalmente devido à fechamento de linha de serem dominadas por genótipos com maior taxa de crescimento.

Conforme destacado por Giana et al (2023) a competição entre plantas pode diminuir a produtividade, em casos de alta competição alguns indivíduos são mais penalizados de acordo com Bhandari et al (2021). As plantas, nesse caso de parcela de planta única, mais produtivas estão associadas a taxa de crescimento mais elevadas e maior nível de competição com suas vizinhas, impactando em maior desenvolvimento.

## **6. CONCLUSÕES**

As análises propostas neste estudo apresentaram resultados promissores para a área de genética quantitativa e seleção genética de indivíduos superiores de espécies florestais considerando a curva de crescimento. Os materiais selecionados neste estudo apresentam maior eficiência produtiva por unidade de tempo alcançando eficiências de 9% e 11% superior considerando o método de seleção tradicional para V e AB, respectivamente.

Além da seleção de indivíduos superiores, este estudo indica uma metodologia capaz de indicar momentos ideais de aplicação de tratos silviculturais (Arranque inicial), afim de potencializar a produtividade máxima dos materiais, e idade ótima para colheita da floresta (Idade técnica de corte), afim de que obtenha a máxima eficiência produtiva de cada clone.

A seleção por meio da curva de crescimento potencializou a produtividade dos materiais, chegou a médias 15% e 8,42% superiores em relação à média das testemunhas comerciais para AB e V, respectivamente. O clone 137 foi o que obteve maior desempenho em área basal superando as melhores testemunhas, para volume de madeira novamente o clone 137 acompanhado do 47 com desempenho superior à melhor testemunha.

Os dez melhores genótipos ranqueados para produção das variáveis AB e V apesar de em ambas variáveis alguns clones não serem superior as testemunhas

comerciais E17 e E13, tem superioridade às E80 e E51 indicando que esses clones ranqueados apresentam bom potencial produtivo.

Foi possível agrupar materiais por classe de crescimento afim de indicar os materiais que podem ser implantados em compostos clonais. Estimou-se a média genotípica das variáveis de produção em cada composto, idade ótima para colheita e arranque inicial para planejamento da silvicultura. Os grupos de compostos clonais de maior desempenho são formados por genótipos que estão entre os dez melhores, indicando que os materiais mais produtivos apresentam crescimento semelhante.

## 7. REFERÊNCIAS

ALBAUGH, T.J. et al. Improving Pinus taeda site index from rotation to rotation with silvicultural treatments. **Forest Ecology and Management**, v.526, n.15, 2022.

ALEMAYEHU, A.; MELKA, Y. Small scale eucalyptus cultivation and its socioeconomic impacts in Ethiopia: A review of practices and conditions. **Trees, Forests and People**, v.8, 2022.

ALMEIDA, M.N.F. et al. Heartwood variation of Eucalyptus urophylla is influenced by climatic conditions. **Forest Ecology and Management**, v.458, 2020.

ALVARES, C. A.; STAPE, J. L.; SENTELHAS, P. C.; GONÇALVES, J. L. M.; SPAROVEK, G. Köppen's climate classification map for Brazil. **Meteorologische Zeitschrift**, Berlin, v. 22, n. 6, p. 711-728, 2013.

ALVES, R.S.; TEODORO, P.E.; PEIXOTO, L.A.; ROCHA, J.R.A.S.C.; SILVA, L.A.; LAVIOLA, B.G.; RESENDE, M.D.V.; BHERING, L.L. Multiple-trait BLUP in longitudinal data analysis on Jatropha curcas breeding for bioenergy. **Industrial Crops and Products**, v.130, p.558-561, 2019.

ANDRADE, H.S.F.; BARONI, G.R.; BRANCALION, P.H.S.; MORAES, M.L.T.; SILVA, P.H.M. Parâmetros genéticos de crescimento inicial e frutificação de Dipteryx alata Vogel em teste de progênie e espaçamento. **Scientia Forestalis**, v.48, n.126, 2020.

ARAUJO, M.J.; PAULA, R.C.; CAMPOE, O.C.; CARNEIRO, R.L. Adaptability and stability of eucalypt clones at different ages across environmental gradients in Brazil. **Forest Ecology and Management**, v.454, n.15, 2019.

ATA-UL-KARIM, S.T.; BEGUM, H.; LOPENA, V.; BORROMEO, T.; VIRK, P.; HERNANDEZ, J.E.; GREGORIO, G.B.; COLLARD, B.C.Y.; KATO, Y. Genotypic

variation of yield-related traits in an irrigated rice breeding program for tropical Asia. **Crop and Environment**, v.1, n.3, p.173-181, 2022.

AVELAR, M.L.M.; DA SILVA JÚNIOR, V.P.; ROSADO, L.R.; GONÇALVES, F.M.A.; PAVAN A.J; MELO, L.A. Caracterização genética no crescimento inicial de progênies de *Eremanthus erythropappus* (DC.) MacLeish em Aiuruoca, MG, Brasil. **Hoehnea**, v.48, 2021.

BARBOSA, G.P. et al. Initial growth of forest species for purposes of multiple use in the central region of Minas Gerais. **Brazilian Journal of Development**, v.7, n.3, 2021.

BATISTA, T.S. Artificial neural networks and non-linear regression for quantifying the wood volume in *Eucalyptus* species. **Southern Forests: a Journal of Forest Science**, v.84, n.1, p.1-7, 2022.

BHANDARI, S.K.; VENEKLAAS, E.J.; MCCAWE, L.; MAZANEC, R.; WHITFORD, K.; RENTON, M. Individual tree growth in jarrah (*Eucalyptus marginata*) forest is explained by size and distance of neighbouring trees in thinned and non-thinned plots. **Forest Ecology and management**, v.494, 2021.

BOMFIM, J. P. A.; LIMA, L. P.; MELO, C. A. F.; CÔRREA, R. X.; GAIOTTO, F. A.; BARBOSA, A. M. M. Otimização da extração e amplificação de DNA de dendezeiro: folhas em diferentes fases de desenvolvimento. **Ciência Florestal**, v.30, n.3, p.916–926, 2020.

BORÉM, A.; MIRANDA, G.V.; FRITSCHÉ-NETO, R. Melhoramento de Plantas. 8ª ed. Viçosa: UFV, 2021.

BORGES, M.V.V. et al. High-throughput phenotyping of two plant-size traits of *Eucalyptus* species using neural networks. **Journal of Forestry Research**, v.33, p.591-599, 2022.

BOUJENANE, I. Comparison of nonlinear models for describing the pre-weaning growth of Timahdite lambs and genetic and non-genetic effects for curve parameters. **Small Ruminant Research**, v.216, 2022.

BOUVET, J-M et al. Selecting for water use efficiency, wood chemical traits and biomass with genomic selection in a *Eucalyptus* breeding program. **Forest Ecology and Management**, v.465, 2020.

BRAGA, R.C. et al. Genetic parameters and genotype × environment interaction in *Pinus taeda* clonal tests. **Forest Ecology and Management**, v.474, n.15, 2020.

CAMPOS, E.C. et al. Genetic parameters and response to selection for growth in tabaqui. **Animal**, v.15, n.9, 2020.

CAMPOS, J.C.C.; LEITE, H.G. Mensuração florestal: perguntas e respostas. 5 ed. Viçosa: UFV, 2017.

CARDOSO, P.H.S. et al. Fertilization management with sewage sludge sustains Eucalyptus productivity in Cerrado infertile soil. **Forest Ecology and Management**, v.519, 2022.

CARGNELUTTI FILHO, A.; STORCK, L. Estatísticas de avaliação da precisão experimental em ensaios de cultivares de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.42, p.17-24, 2007.

CARVALHO, J.C.; CORRÊA FILHO, R.A.C.; OLIVEIRA, C.A.L.; RIBEIRO, R.P.; SERAPHIM, G.N.; SILVA, A.L.N.; KINJO JUNIOR, G.N.; LAICE, L.M.; FANTINI, L.E.; LOPERA-BARRERO, N.M.; POVH, J.A. Curva de crescimento de tilápia-do-Nilo de diferentes famílias da variedade AquaAmérica. **Brazilian Journal of Biology**, v.82, 2022.

CARVALHO, M.A.F. et al. Assessment performance of Eucalyptus clones attacked by the recent invasion of *Leptocybe invasa* (Hymenoptera: Eulophidae): Implications to invasion pest management. **Journal of Asia-Pacific Entomology**, v.25, n.3, 2022.

CASTRO, C.A.O. et al. Optimization of Eucalyptus benthamii progeny test based on Near-Infrared Spectroscopy approach and volumetric production. **Industrial Crops and Products**, v.141, 2019.

CAUSTON, D.R.; VENUS, J.C. The biometry of plant growth. London, Edward Arnold, 1981.

CAVALCANTE, D.H.; EVANGELISTA, A.F.; CAMPELO, J.E.G.; AZEVÊDO, D.M.M.R.; SOUSA Jr., S.C. Funções de covariâncias sobre polinômios B-splines para modelagem do crescimento de bovinos de corte: revisão. **Medicina Veterinária (UFRPE)**, v.14, n.1, 2020.

CHENG, C.; GORDON, I.L. The Richards function and quantitative analysis of germination and dormancy in meadowfoam (*Limnanthes alba*). **Seed Science Research**, v.10, p.265-277, 2000.

COELHO, C.C.; PEREIRA, B.; BRUN, E.J.; SILVA, M.M.S.; BRUN, F.G.K. Gestão estratégica para o desenvolvimento sustentável de florestas plantadas -

estudo aplicado em Dois Vizinhos, Paraná, Brasil. **Revista Eletrônica Disciplinarum Scientia**, v.22, n.1, 2021.

DUBE, T.; SIBANDA, M.; SHOKO, C.; MUTANGA, O. Stand-volume estimation from multi-source data for coppiced and high forest Eucalyptus spp. silvicultural systems in KwaZulu-Natal, South Africa. **ISPRS Journal of Photogrammetry and Remote Sensing**, v.132, p.162-169, 2017.

FAO (2022). Relatório FAO. Disponível em: < <https://www.fao.org/brasil/noticias/detail-events/pt/c/1507192/> > Acesso em: 20 de agosto de 2022.

FERREIRA, F.M. et al. Optimal harvest number and genotypic evaluation of total dry biomass, stability, and adaptability of elephant grass clones for bioenergy purposes. **Biomass and Bioenergy**, v.149, 2021.

FERREIRA, M.A.; SILVA, C.S.J.; GOMIDE, L.R.; CONTRERAS, M.A.; LOPES, E.T.; RODRIGUES, R.C.; MELLO, J.M.; MENDONÇA, N.P. Otimização do suprimento de madeira na indústria de celulose brasileira envolvendo fomentos florestais. **Revista Árvore**, v.43, n.5, 2019.

FERRETO, D.O.C.; REICHERT, J.M.; CAVALCANTE, R.B.L.; SRINIVASSAN, R. Rainfall partitioning in young clonal plantations Eucalyptus species in a subtropical environment, and implications for water and forest management. **International Soil and Water Conservation Research**, v.9, n.3, 2021.

FLORENCIO, G.W.L.; MARTINS, F.B.; FAGUNDES, F.F.A. Climate change on Eucalyptus plantations and adaptive measures for sustainable forestry development across Brazil. **Industrial Crops and Products**, v.188, n.15, 2022.

FONSECA, S.M. et al. Manual Prático de Melhoramento Genético do Eucalipto. Ed. Viçosa: UFV, 2010.

FRANÇA, M.C.; JUÍZO, C.G.F.; ROCHA, M.P.; KLITZKE, R.J.; SILVA, J.R.M.; CONTI JR., J.L.F.; BASSA, A.G.M.C. Qualidade da tora e da madeira de clones de Eucalyptus para utilização na indústria de madeira serrada. **Ciência da Madeira**, v.10, n.4, 2019.

FREITAS, A.; LENS, D.M. Produção de painéis de madeira com resíduos de MDF e MDP da indústria moveleira e resina à base de tanino de Acácia Negra. **Engevista**, v.21, n.1, 2019.

FRÜHAUF, A.C.; SILVA, E.M.; GRANATO-SOUZA, D.; SILVA, E.M.; MUNIZ,

J.A.; FERNANDES, T.J. DESCRIPTION OF HEIGHT GROWTH OF HYBRID EUCALYPTUS CLONES IN SEMI-ARID REGION USING NON-LINEAR MODELS.

**Braz. J. Biom.**, Lavras, v.40, n.2, p.138-151, 2022.

GALLO, R.; PANTUZA, I.B.; SANTOS, G.A.; RESENDE, M.D.V.; XAVIER, A.; SIMIQUELI, G.F.; BALDIN, T.; SANTOS, O.P.; VALENTE, B.M.R.T. Growth and wood quality traits in the genetic selection of potential *Eucalyptus dunnii* Maiden clones for pulp production. **Industrial Crops and Products**, v.123, p.434-441, 2018.

GIANA, F.E. et al. Intensity and number of thinning operations affect the response of *Eucalyptus grandis* to water availability and extreme drought events. **Forest Ecology and Management**, v.529, 2023.

GONG, W. et al. Construction of a high-density genetic linkage map and identification of flowering-related QTL in erect milkvetch (*Astragalus adsurgens*). **The Crop Journal**, v.10, n.4, p.1141-1150, 2022.

GONZALEZ-BENECKE, C.A. et al. General above-stump volume and biomass functions for *Pinus radiata*, *Eucalyptus globulus* and *Eucalyptus nitens*. **Biomass and Bioenergy**, v.155, 2021.

GOUVÊA, L.R.L.; MORAES, M.L.T.; GONÇALVES, E.C.P.; MORAES, M.A.; GONÇALVES, P. Genetic variability of traits of the laticiferous system and association with rubber yield in juvenile and adult rubber tree progenies. **Industrial Crops and Products**, v.186, n.15, 2022.

HAKAMADA, R.E.; MOREIRA, G.G.; FERNANDES, P.G.; MARTINS, S.D.S. Legacy of harvesting methods on coppice-rotation *Eucalyptus* at experimental and operational scales. **Trees, Forests and People**, v.9, 2022.

HUNT, R. Plant growth analysis: The rationale behind the use of the fitted mathematical function. **Annals of Botany**, v.43, p.245–249, 1979.

IBÁ [Indústria Brasileira de Árvores]. **Relatório Anual IBÁ**, 2020. Disponível em: < <https://iba.org/datafiles/publicacoes/relatorios/relatorio-iba-2020.pdf> >. Acesso em jul/2022.

IBÁ. Indústria brasileira de árvores. IBÁ: Indústria Brasileira de Árvores. Brasília – DF, 2017. 80p. Relatório IBÁ 2017. Disponível em: <[https://iba.org/images/shared/Biblioteca/IBA\\_RelatorioAnual2017.pdf](https://iba.org/images/shared/Biblioteca/IBA_RelatorioAnual2017.pdf)>

KERSHAW JR., J.A.; DUCEY, M.J.; BEERS, T.W.; HUSCH, B. (2016) *Forest Mensuration*. 5ªed. Wiley.

KUBOTA, T. Y. K.; MORAES, M.A.; SILVA, E.C.B. et al. Variabilidade genética para caracteres silviculturais em progênies de polinização aberta de *Balfourodendron riedelianum*. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 23, n. 106, p. 407-415, 2015.

KUPPUSAMY, S. et al. Minicutting - A powerful tool for the clonal propagation of the selected species of the Eucalyptus hybrid clones based on their pulpwood studies. **Biocatalysis and Agricultural Biotechnology**, v.22, 2019.

LAVORANTI, O.J.; BELLOTE, A.F.J.; BUSCHINELLI, C.C.A. et al. Florestas Energéticas. In: OLIVEIRA, E. B. de; PINTO JUNIOR, J. E. (Ed.). **O eucalipto e a Embrapa: quatro décadas de pesquisa e desenvolvimento**. Brasília, DF: Embrapa, 2021. cap. 26.

LIMA, M.D.R.; BARROS Jr., U.O.; ASSIS, M.R.; MELO, I.C.N.A.; FIGUEIREDO, I.C.R.; PROTÁSSIO, T.P.; TRUGILHO, P.F. Variabilidade das densidades básica e energética e estoque de carbono na madeira no fuste de clones de Eucalyptus. **Scientia Forestalis**, v.48, n.128, 2020.

LOPES, J.S.; KIPESTOK, A.; FIGUEIREDO, M.C.B.; ALMEIDA NETO, J.A.; RODRIGUES, L.B. Assessing the economic and environmental performance of cleaner production practices in eucalyptus planted forests using life cycle assessment. **Journal of Cleaner Production**, 2022.

LV, J. et al. Genetic diversity analysis of a breeding population of *Eucalyptus cloeziana* F. Muell. (Myrtaceae) and extraction of a core germplasm collection using microsatellite markers. **Industrial Crops and Products**, v.145, 2020.

MARQUARDT, D. W. An algorithm for least-squares estimation of nonlinear parameters. **Journal of the Society for Industrial and Applied Mathematics**, v.11, n.2, p.431-441, 1963.

MASULLO, L.S. et al. Relationship between forest residue management and micronutrient fertilization with eucalyptus rust severity in *Eucalyptus grandis* plantations. **Forest Ecology and Management**, v.475, n.1, 2020.

MASULLO, L.S. et al. Soil Cu and Zn pools and their availability in response to forest residue management and micronutrient fertilization in a *Eucalyptus grandis* plantation. **Forest Ecology and Management**, v.506, n.15, 2022.

MATOS, L.M.A.; MAGALHÃES, E.C.; ARAÚJO Jr., C.A.; ARCE, J.E. Uma revisão crítica das ferramentas de pesquisa operacional aplicada ao planejamento florestal nos periódicos brasileiros. **Ciência Florestal**, v.31, n.4, 2021.

MIAO, Z.; WIDAGDO, F.R.A.; DOUNG, L.; LI, F. Prediction of branch growth using quantile regression and mixed-effects models: An example with planted *Larix olgensis* Henry trees in Northeast China. **Forest Ecology and Management**, v.496, n.15, 2021.

MORAIS, A.P.S.; SANSÍGOLO, C.A.; OLIVEIRA NETO, M. Effects of autohydrolysis of *Eucalyptus urograndis* and *Eucalyptus grandis* on influence of chemical components and crystallinity index. **Bioresource Technology**, v.214, p.623-628, 2016.

MORAIS, E.O.; RIBEIRO, K.L.; VELOSO, R.B.; VELOSO, M.D.M. Application of linear and nonlinear regression models for biomass and carbon stock volume estimates. **Brazilian Journal of Development**, v.6, n.7, 2020.

MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egypt Journal of Genetic and Cytology**, v.7, p.40-51, 1978.

NAKAMURA, L.R. et al. Cattle reference growth curves based on centile estimation: A GAMLSS approach. **Computers and Electronics in Agriculture**, n.192, 2022.

NOGUEIRA, T.A.P.C.; NUNES, A.C.P.; SANTOS, G.A.; TAKAHASHI, E.K.; RESENDE, M.D.V.; CORRADI, I.S. Estimativa de parâmetros genéticos em progênies de irmãos completos de eucalipto e otimização de seleção. **Scientia Forestalis**, v. 47, n. 123, p. 451-462, 2019.

OLIVEIRA, T.W.G.; PAULA, R.C.; MORAES, M.L.T.; ALVARES, C.A.; MIRANDA, A.C.; SILVA, P.H.M. Stability and adaptability for wood volume in the selection of *Eucalyptus saligna* in three environments. **Pesq. agropec. Bras**, v.53, n.05, 2018.

OLIVEIRA, V.H.; MAZZAFERA, P.; ANDRADE, S.A.L. Alleviation of low phosphorus stress in *Eucalyptus grandis* by arbuscular mycorrhizal symbiosis and excess Mn. **Plant Stress**, v.5, 2022.

PAVAN, B.E. et al. Competitive ability among *Eucalyptus* spp. commercial clones in Mato Grosso do Sul state. **Forest Ecology and Management**, v.494, n.15, 2021.

PIRES, I.E.; RESENDE, M.D.V.; SILVA, R.L.; RESENDE Jr., M.F.R. *Genética Florestal*. Viçosa: UFV, 2011.

PROTÁSSIO, T.P. et al. Charcoal productivity and quality parameters for reliable classification of Eucalyptus clones from Brazilian energy forests. **Renewable Energy**, v.164, p.34-45, 2021.

QUIN, Y.; HE, X.; LEI, X.; FENG, L.; ZHOU, Z.; Lu, J. Tree size inequality and competition effects on nonlinear mixed effects crown width model for natural spruce-fir-broadleaf mixed forest in northeast China. **Forest Ecology and Management**, v.518, n.15, 2022.

R Core Team (2022). R: A language and environment for statistical computing. **R Foundation for Statistical Computing**, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org/>.

RICHARDS, F.J. A flexible growth function for empirical use. **Journal of Experimental Botany**, v.10, p.290–300, 1959.

RESENDE, M.D.V. Software Selegen – REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotrchnology**, v.16, p.330-339, 2016.

RESENDE, M.D.V.; ALVES, R.S. Statistical significance, selection accuracy, and experimental precision in plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.22, n.3, 2022.

RESENDE, M.D.V.; ALVES, R.S. Genética: estratégias de melhoramento e métodos de seleção. In: OLIVEIRA, E. B. de; PINTO JUNIOR, J. E. (Ed.). **O eucalipto e a Embrapa: quatro décadas de pesquisa e desenvolvimento**. Brasília, DF: Embrapa, 2021. cap. 3. p.171-202.

RESENDE, M.D.V.; ALVES, R.S. Linear, generalized, hierarchical, bayesian and random regression mixed models in genetics/genomics in plant breeding. **Functional Plant Breeding Journal**, v.3, n.2, 2020.

RESENDE, M. D. V.; SILVA, F. F.; AZEVEDO, C. F. Estatística Matemática, Biométrica e Computacional: modelos mistos, multivariados, categóricos e generalizados (REML/BLUP), inferência bayesiana, regressão aleatória, seleção genômica, QTL-GWAS, estatística espacial e temporal, competição, sobrevivência. 1. ed. Visconde do Rio Branco: Suprema, 2014. v. 1. 881p.

RESENDE, M. D. V. Software SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. Colombo: Embrapa Florestas. 2007.

REZENDE, G.D.S.P.; LIMA, J.L.; DIAS, D.C.; LIMA, B.M.; AGUIAR, A.M.; BERTOLUCCI, F.L.G.; RAMALHO, M.A.P. Clonal composites: An alternative to improve the sustainability of production in eucalypt forests. **Forest Ecology and Management**, v.449, 2019.

ROBINSON, D.; HAYES, A.; COUCH, S. (2022). **\_broom: Convert Statistical Objects into Tidy Tibbles\_**. R package version 1.0.1, <<https://CRAN.R-project.org/package=broom>>.

ROCHA, G.S. Métodos estatísticos na seleção genômica ampla para curvas de crescimento em animais. 2011. 59p. Dissertação (Mestrado em Estatística Aplicada e Biometria) – Pós-Graduação em Estatística aplicada e Biometria, Departamento de Estatística, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa – MG, 2011.

ROSADO, R.D.S.; ROSADO, T.B.; CRUZ, C.D.; FERRAZ, A.G.; CONCEIÇÃO, L.D.H.C.S.; LAVIOLA, B.G. Genetic parameters and simultaneous selection for adaptability and stability of macaw palm. **Scientia Horticulturae**, v.248, p.291-296, 2019.

SANDOVAL, V.J.C. Avaliação genética da resistência de oito clones de seringueira ao mal sul-americano das folhas. 2013. 69p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, Departamento de Estatística, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa – MG, 2013.

SEPLAN (MS). **Secretaria de Planejamento do Estado de Mato Grosso do Sul**. Atlas Multirreferencial. Campo Grande: SEPLAN/MS, 1990.

SHABIB-ASL, A.; PLAKSINA, T. Selection of decline curve analysis model using Akaike information criterion for unconventional reservoirs. **Journal of Petroleum Science and Engineering**, v.182, 2019.

SILVA, E.M. et al. Método de Newton e Gauss-Newton na estimação dos parâmetros de modelo de regressão não linear. **Sigmae**, v.8, n.2, 2019.

SOARES, C.P.B.; NETO, F.P.; SOUZA, A.L. de. (2011) Dendrometria e Inventário Florestal. 2ªed. Viçosa: UFV, 272p.

SOUZA, T.S.; LIMA, B.M.; LIMA, J.L.; AGUIAR, A.M.; DIAS, D.C.; REZENDE, G.D.S.P.; RAMALHO, M.A.P. Selection of eucalypt clones with higher stability in pulp yield. **Revista Árvore**, n.44, 2020.

STAPE, J.L.; SILVA, C.R.; BINKLEY, D. Spacing and geometric layout effects on the productivity of clonal Eucalyptus plantations. **Trees, Forests and People**, v.8,

2022.

TEXEIRA, G.L. et al. Growth curves of campolina horses using nonlinear models. **Livestock Science**, v.251, 2021.

VENUS, J.C.; CAUSTON, D.R. Plant growth analysis: the use of the Richards function as an alternative to polynomial exponentials. **Annals of Botany**, v.43, p.623–632, 1979.

WICHARD, T. From model organism to application: Bacteria-induced growth and development of the green seaweed *Ulva* and the potential of microbe leveraging in algal aquaculture. **Seminars in Cell & Developmental Biology**, 2022.

WILLIAMSON, H.F.; LEONELLI, S. Accelerating agriculture: Data-intensive plant breeding and the use of genetic gain as an indicator for agricultural research and development. **Studies in History and Philosophy of Science**, v.95, p.167-176, 2022.

WOLFF, N.I.; BUENO, A.N.; MIRANDA, R.O.V.; KOHLER, S.V.; SERPE, Growth and yield modeling of *Pinus taeda* L. through anatro. **BIOFIX Scientific Journal**, v. 4, n. 1, p. 52-57, 2019.

YANG, Y-J.; TONG, Y-G.; YU, G-Y.; ZHANG, S-B.; HUANG, W. Photosynthetic characteristics explain the high growth rate for *Eucalyptus camaldulensis*: Implications for breeding strategy. **Industrial Crops and Products**, v.125, n.15, 2018.

ZHENG, S.; WANG, Y.; QU, D.; SUN, W.; YU, Y.; ZHANG, Y. Study on population structure of kiwifruit and GWAS for hairiness Character. **Gene**, v.821, 2022.

ZHU, L.; WANG, J.; WENG, Y.; CHEN, X.; WU, L. Soil characteristics of *Eucalyptus urophylla* × *Eucalyptus grandis* plantations under different management measures for harvest residues with soil depth gradient across time. **Ecological Indicators**, v.117, 2020.

ZIEGLER, A.C.F.; TAMBARUSSI, E.V. Classifying coefficients of genetic variation and heritability for *Eucalyptus* spp. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.22, n.2, 2022.