

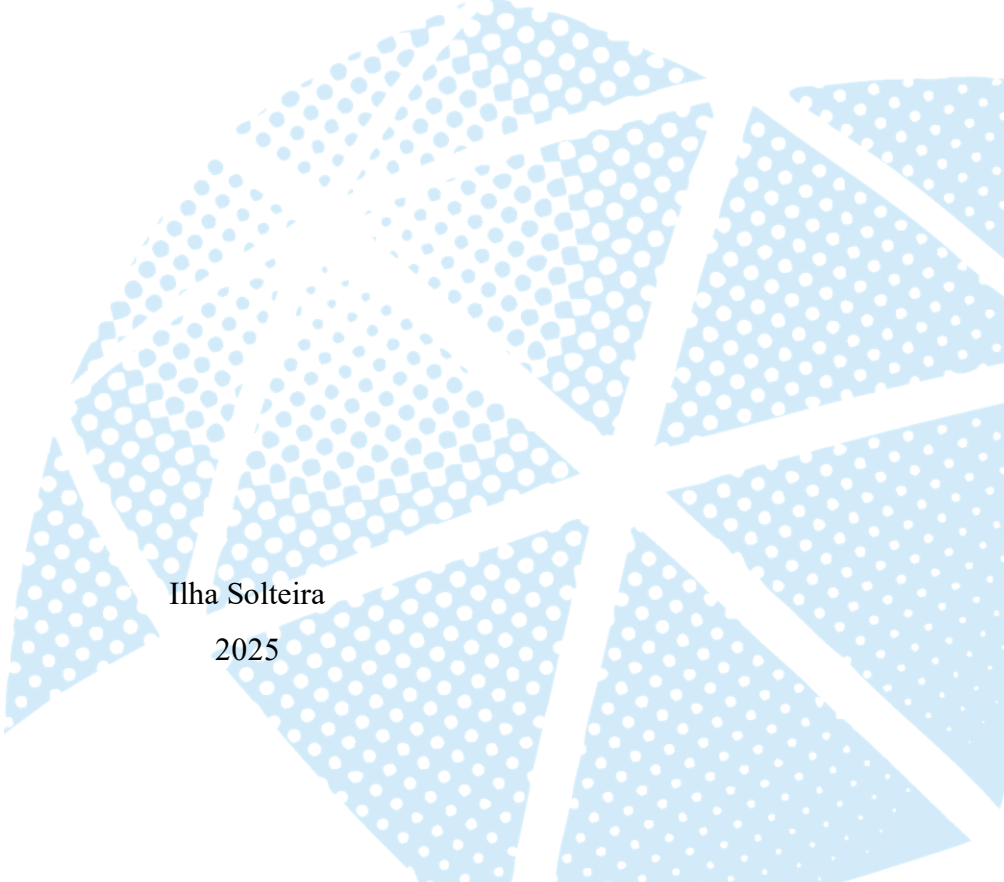
UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA – UNESP
FEIS - Campus de Ilha Solteira

VICTÓRIA FABIANI SANTANA TATAJUBA

**EFICIÊNCIA EXPERIMENTAL PARA AVALIAÇÃO DE PROGÊNIES DE EUCALIPTO
POR MEIO DO DELINEAMENTO DE BLOCOS AUMENTADOS.**

Ilha Solteira

2025



VICTÓRIA FABIANI SANTANA TATAJUBA

**EFICIÊNCIA EXPERIMENTAL PARA AVALIAÇÃO DE PROGÊNIES DE EUCALIPTO
POR MEIO DO DELINEAMENTO DE BLOCOS AUMENTADOS.**

Trabalho de Conclusão de Curso apresentada à
Universidade Estadual Paulista (UNESP),
FEIS, Ilha Solteira, para obtenção do título de
Bacharel(a) em Engenharia Agrônômica.

Área de Concentração: Melhoramento
Genético.

Orientador(a): Prof. Dr. Bruno Ettore Pavan.

Ilha Solteira

2025

FICHA CATALOGRÁFICA

Desenvolvida pela Diretoria Técnica de Biblioteca e Documentação

- T216e Tatajuba, Victória Fabiani.
Eficiência experimental para avaliação de progênies de eucalipto por meio do delineamento de blocos aumentados / Victória Fabiani Tatajuba. -- Ilha Solteira: [s.n.], 2025
50 f. : il.
- Trabalho de conclusão de curso (Graduação em Engenharia Agrônômica) - Universidade Estadual Paulista. Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, 2025
- Orientador: Bruno Ettore Pavan
Inclui bibliografia
1. Melhoramento genético. 2. Eucalipto. 3. Blocos aumentados. 4. Variância. 5. Herdabilidade. 6. REML/BLUP.

Elaborada por Raiane da Silva Santos - CRB-8/9999

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA "JÚLIO DE MESQUITA FILHO" FACULDADE
DE ENGENHARIA – UNESP – CÂMPUS DE ILHA SOLTEIRA CURSO DE GRADUAÇÃO
EM ENGENHARIA AGRÔNOMICA

ATA DA DEFESA – TRABALHO DE CONCLUSÃO DE CURSO

TÍTULO: "EFICIÊNCIA EXPERIMENTAL PARA AVALIAÇÃO DE PROGÊNIES DE
EUCALIPTO POR MEIO DO DELINEAMENTO DE BLOCOS AUMENTADOS."

ALUNA: - VICTÓRIA FABIANI SANTANA TATAJUBA- RA: 201053403
ORIENTADOR: BRUNO ETTORE PAVAN

Aprovado (x) Reprovado () pela Comissão Examinadora, com nota obtida: 9,75 (nove e setenta e
cinco centésimos)

Comissão Examinadora:

Documento assinado digitalmente
 BRUNO ETTORE PAVAN
Data: 12/12/2025 16:48:39-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Prof. Dr. Bruno Ettore Pavan (Orientador)
DFTASE- Unesp -Câmpus Ilha Solteira



MSc. Nauan Ribeiro Marques Cirilo
Analista Melhoramento Florestal – Eldorado Brasil AS

Documento assinado digitalmente
 WILLIAM DE MEDEIROS SILVA
Data: 16/12/2025 10:06:14-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Dr. Willian de Medeiros Silva
Pesquisador – Melhoramento Florestal BRACEL SA

Documento assinado digitalmente
 VICTORIA FABIANI SANTANA TATAJUBA
Data: 16/12/2025 16:35:57-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

VICTÓRIA FABIANI SANTANA TATAJUBA
Discente

Ilha Solteira (SP), 12 de dezembro de 2025

Dedico este trabalho à minha família, amigos e toda equipe que me ajudou a construir este trabalho.

AGRADECIMENTOS

Agradeço, em primeiro lugar, à minha família, pelo apoio incondicional e pela presença constante em toda a minha trajetória acadêmica. Vocês foram meu alicerce e minha motivação nos momentos mais desafiadores.

À minha segunda família, as meninas da república Cai & Pira, que estiveram ao meu lado em cada etapa dessa jornada, oferecendo força, companheirismo e alegria até nos dias mais difíceis.

Expresso minha gratidão ao meu orientador, Professor Dr. Bruno Ettore Pavan, pelas oportunidades concedidas, pela confiança em minha capacidade e, sobretudo, pela orientação dedicada e inspiradora, que foi essencial para meu crescimento pessoal e profissional.

Agradeço também a todos os integrantes do Grupo de Melhoramento de Plantas, que, de diferentes formas, contribuíram para minha formação. Cada troca de conhecimento e experiência foi valiosa para a construção deste trabalho.

Agradeço a empresa Eldorado por todo apoio, fornecimento dos dados e condução do experimento em campo.

Por fim, registro o apoio do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela concessão da bolsa de pesquisa, sem a qual este estudo não seria possível.

"Se você não sabe para onde vai, qualquer
caminho serve"

(Lewis Carroll, 1865).

RESUMO

Este trabalho avaliou a eficiência do delineamento em blocos aumentados na seleção de progênies de meios-irmãos de *E. grandis* × *E. urophylla*, em comparação ao delineamento em blocos completos casualizados (DBC). O estudo foi conduzido com dados experimentais de campo, envolvendo variáveis de crescimento (DAP, HT e IMA), fundamentais para o setor florestal brasileiro. As análises de variância evidenciaram que grande parte da variabilidade está concentrada dentro das famílias, reforçando a importância da seleção individual para maximizar o ganho genético. Os modelos baseados em blocos aumentados proporcionaram estimativas mais consistentes dos componentes de variância, maior precisão experimental e herdabilidades mais robustas, além de maior coincidência entre seleções realizadas em diferentes modelos, em contraste com a menor precisão observada no DBC. A repetição de testemunhas nos blocos permitiu controlar de forma mais eficaz a variabilidade ambiental e reduzir o confundimento entre variação genética e erro experimental. Os resultados confirmam a superioridade dos delineamentos aumentados, especialmente em experimentos com elevado número de tratamentos e limitação de mudas clonais. Conclui-se que a integração entre blocos aumentados e modelos mistos (REML/BLUP) constitui uma ferramenta estatística robusta para programas de melhoramento genético florestal, ampliando a acurácia seletiva, otimizando recursos experimentais e acelerando o progresso genético na cultura do eucalipto. Recomenda-se que estudos futuros incluam maior número de simulações, avaliações em idades avançadas e validação clonal das seleções, visando consolidar a eficiência da metodologia e garantir segurança em sua adoção operacional.

Palavras-chave: melhoramento genético; eucalipto; blocos aumentados; variância; herdabilidade; REML/BLUP.

ABSTRACT

This study evaluated the efficiency of augmented block designs in selecting half-sib progenies of *E. grandis* × *E. urophylla*, compared to randomized complete block designs (RCBD). The study was conducted using experimental field data involving growth variables (DBH, HT, and MAI), fundamental to the Brazilian forestry sector. Analysis of variance showed that much of the variability is concentrated within families, reinforcing the importance of individual selection to maximize genetic gain. Augmented block-based models provided more consistent estimates of variance components, greater experimental precision, and more robust heritabilities, as well as greater coincidence between selections made in different models, in contrast to the lower precision observed in the RCBD. The repetition of controls in the blocks allowed for more effective control of environmental variability and reduced confounding between genetic variation and experimental error. The results confirm the superiority of augmented block designs, especially in experiments with a high number of treatments and limited clonal seedlings. It is concluded that the integration between augmented blocks and mixed models (REML/BLUP) constitutes a robust statistical tool for forest genetic improvement programs, increasing selective accuracy, optimizing experimental resources, and accelerating genetic progress in eucalyptus cultivation. It is recommended that future studies include a greater number of simulations, evaluations at advanced ages, and clonal validation of selections, aiming to consolidate the efficiency of the methodology and ensure safety in its operational adoption.

Keywords: genetic improvement; eucalyptus; augmented blocks; variance; heritability; REML/BLUP.

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1 – Representação esquemática dos blocos e sub-blocos em um teste de progênie de meios irmãos de *E. grandis* X *E. urophylla* em delineamentos de blocos aumentados, Selviria – MS. 23
- Figura 2 – Esquema das análises com suas respectivas composições. 24

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 – Simulações de tamanho amostral de tratamentos comuns em blocos aumentados para o carácter diâmetro à altura do peito de um teste de progênie de meios irmãos de <i>E. grandis</i> x <i>E. urophylla</i> aos 30 meses na cidade Selvíria /MS.	26
Tabela 2 – Simulações de tamanho amostral de tratamentos comuns em blocos aumentados para o carácter altura do fuste comercial de um teste de progênie de meios irmãos de <i>E. grandis</i> x <i>E. urophylla</i> aos 30 meses na cidade Selvíria /MS.	28
Tabela 3 – Simulações de tamanho amostral de tratamentos comuns em blocos aumentados para o carácter incremento volumétrico médio anual de um teste de progênie de meios irmãos de <i>E. grandis</i> x <i>E. urophylla</i> aos 30 meses na cidade Selvíria /MS.	30
Tabela 4 – Correlações para o caractere DAP.	33
Tabela 5 – Correlações para o caractere HT.	35
Tabela 6 – Correlações para o caractere IMA.	37
Tabela 7 – Coincidências entre as análises para o caractere DAP.	40
Tabela 8 – Coincidências entre as análises para o caractere HT.	42
Tabela 9 – Coincidências entre as análises para o caractere IMA.	43

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	13
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	15
3 METODOLOGIA	224
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	27
5 CONCLUSÃO.....	46
REFERÊNCIAS.....	47

1 INTRODUÇÃO

A demanda por madeira para a indústria de base florestal vem crescendo constantemente nos últimos anos para atender os diversos segmentos que dão origem a produtos industriais altamente competitivos. Para suprir esta demanda, florestas plantadas com o gênero *Eucalyptus* se propagam por quase todo território nacional, alcançando 76% da área total plantada que soma 7,8 milhões de hectares cultivados (IBÁ, 2024). Porém, somente o aumento da área de cultivo não é a solução para a alta demanda, tornando o melhoramento genético fundamental para atender com qualidade e quantidade a necessidade por madeira para os diversos fins industriais com maior sustentabilidade.

Para se obter o sucesso dos programas de melhoramento de plantas, é importante a adoção de métodos rigorosos de seleção que identifiquem e discriminem corretamente os genótipos testados, efetuando uma avaliação criteriosa das progênies em experimentos bem delineados (RAMALHO et al, 2005). Possuindo estes dados, o passo seguinte é explorá-los adequadamente com a adoção de procedimentos acurados de seleção das progênies que possam associar os maiores valores genéticos (RESENDE, 2002).

Quantificando os valores genotípicos em experimentos de campo com elevado grau de precisão e acurácia, melhoristas têm recorrido a delineamentos experimentais que possibilitam a avaliação de muitos tratamentos com uma ou poucas repetições, como os delineamentos em blocos incompletos e os blocos aumentados, com uma ou duas repetições (DUARTE, 2000; SOUZA et al., 2006).

Os blocos aumentados foram originalmente propostos por Federer (1956) como uma alternativa experimental para situações caracterizadas pela limitação de material experimental e pela necessidade de avaliar muitos tratamentos (SANTOS, 2000). Esse delineamento é composto por dois tipos de tratamentos: os tratamentos comuns (testemunhas) e os tratamentos regulares. Os tratamentos regulares são alocados apenas uma vez no experimento, enquanto os tratamentos comuns são repetidos em todos os blocos, permitindo a correção dos efeitos ambientais.

Com o avanço das metodologias estatísticas e computacionais, surgiram adaptações do delineamento de blocos aumentados de Federer, as quais incorporam subdivisões dos blocos, múltiplas testemunhas, análises conjuntas e abordagens baseadas em modelos mistos. Essas adaptações visam aumentar a precisão das estimativas dos valores genotípicos, melhorar o controle da heterogeneidade ambiental e ampliar a aplicabilidade do delineamento em programas de melhoramento genético, especialmente em fases iniciais de seleção.

Os tratamentos comuns (testemunhas) permitem obter as estimativas dos erros intrablocos. Para recomendar os melhores tratamentos regulares, estes são ajustados pelo valor do bloco e das testemunhas, tomando as devidas precauções (RAMALHO, 2000). O bloco consiste no principal estrato homogêneo para comparação de indivíduos, de forma que dentro do bloco, os indivíduos são comparáveis de modo não viciado (RESENDE, 2002). A utilização do delineamento em blocos com várias repetições das testemunhas nos blocos, permite proceder com três ajustes simultaneamente, o do bloco, do sub-bloco e do erro associado as testemunhas.

No melhoramento florestal, para seleção de famílias de meios irmãos, é comum a adoção do delineamento de blocos inteiramente casualizados, porém, com este delineamento não é possível estimar a variabilidade genética dentro das progênies, não fornecendo a possibilidade de obter estimativas dos valores genotípicos individuais, por haver um confundimento entre o erro experimental e a variabilidade genética entre irmãos da mesma parcela experimental.

O delineamento em blocos aumentados pode elucidar tal questão, já que ele ajusta o valor do indivíduo pelo valor do erro experimental por meio das testemunhas, blocos e sub-blocos repetidas dentro de cada bloco e comparando os indivíduos (progênies) dentro dos blocos aumentados, em que podem ser utilizados clones, para que não haja variância genética entre plantas de mesma parcela.

Dessa forma, o presente trabalho tem como objetivo verificar o desempenho de delineamentos em blocos aumentados para a seleção de progênies de meios irmãos de eucalipto, comparando blocos aumentados com blocos casualizados.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 EUCALIPTO: UMA CULTURA CONSOLIDADA

Introduzido no Brasil por Navarro de Andrade, o eucalipto, nativo da Oceania, chegou ao país no início do século XX, sendo inicialmente utilizado como insumo energético, por meio da produção de carvão vegetal e lenha. Sua utilização para fins industriais, como papel e celulose, teve início em 1927, quando madeiras de *E. saligna* e *E. tereticornis* foram testadas experimentalmente para produção de celulose e papel no Forest Products Laboratory (FPL), em Madison, nos Estados Unidos.

No Brasil, a partir da década de 1930, a empresa Gordinho Braune & Cia., situada em Jundiaí (SP), passou a utilizar eucalipto na produção de celulose, com capacidade de 10 toneladas por dia. Logo em seguida, outras empresas como Matarazzo, Cícero Prado, Melhoramentos e Suzano incorporaram o gênero em seus processos, com aproximadamente 75% de fibras de eucalipto. A criação do Programa Nacional de Papel e Celulose (PNPC) em 1970 impulsionou fortemente o setor, favorecendo o crescimento tecnológico e produtivo da cultura (Venturini et al., 2014).

Com o avanço das pesquisas biotecnológicas e da silvicultura moderna, os plantios clonais de eucalipto alcançaram altos patamares de produtividade. O incremento médio anual (IMA), que na década de 1970 era de cerca de 15 m³/ha·ano, atingiu valores de até 41,1 m³/ha·ano em estados mais produtivos (IBÁ, 2024). Essa evolução consolidou o Brasil como um dos maiores produtores florestais do mundo, com elevada competitividade devido ao rendimento, adaptabilidade, versatilidade e retorno econômico da cultura.

Setorialmente, em 2018, o segmento de celulose e papel representava cerca de 36% da área total de plantios de eucalipto no país, sendo também o mais relevante economicamente. Mesmo diante de cenários globais desafiadores, marcados por volatilidade de preços e ajustes pós-pandemia, o setor manteve forte desempenho, alcançando exportações de US\$ 12,7 bilhões em 2023 (IBÁ, 2024).

Atualmente, o Brasil possui 7,8 milhões de hectares de eucalipto plantado, representando 76% da área total de florestas plantadas. Esse número cresceu 41% na última década, demonstrando a crescente importância da cultura no setor florestal brasileiro (IBÁ, 2024). A região Sudeste concentra 44% dos plantios, sendo Minas Gerais responsável por 63% dessa área, enquanto o Centro-Oeste vem emergindo como fronteira de expansão, com 1,6 milhão de hectares.

Apesar de sua relevância, a eucaliptocultura também está sujeita a controvérsias tanto ambientais como socioeconômicas. Segundo Oliveira, Brunet e Germiniano (2020), na costa

leste do Mato Grosso do Sul mais de dois terços das áreas plantadas são arrendadas, 28,36% são áreas de parceria e menos de 4% são propriedades próprias, evidenciando forte concentração fundiária. Ambientalmente, o avanço da cultura no Cerrado está associado ao aumento de queimadas, danos ao solo, alterações no regime hídrico e impactos sobre fauna e flora. Estudos como o de Jesus et al. (2015) demonstram que a mecanização intensiva aumenta a compactação do solo, elevando sua densidade e resistência à penetração, reduzindo sua qualidade física.

Apesar dos desafios, o setor florestal brasileiro apresenta significativa relevância econômica. Em 2023, o setor de árvores cultivadas gerou R\$ 24 bilhões em tributos federais e estaduais, além de 33,4 mil novos postos de trabalho, totalizando 690 mil empregos diretos e cerca de 2 milhões indiretos (IBÁ, 2024). O país segue como maior exportador mundial de celulose, superando em mais de US\$ 1,5 bilhão os Estados Unidos, segundo colocado. A celulose representou 63% de todas as exportações do setor, tendo Ásia, América do Norte e Europa como principais destinos.

Além de sua importância econômica, o eucalipto oferece ampla gama de produtos derivados, incluindo aromatizantes, solventes, vernizes, adesivos, borracha sintética, tintas, ceras, papel, fraldas, embalagens, móveis e energia para diversos setores industriais. A biomassa de eucalipto, por exemplo, representa uma das principais fontes de energia para agroindústrias de aves e suínos no Brasil (Lenz et al., 2019).

Nesse contexto, investir em pesquisa é fundamental para garantir a sustentabilidade e o avanço da atividade, mitigando impactos ambientais e maximizando o potencial produtivo da cultura. A pesquisa florestal contribui para o desenvolvimento de sistemas mais eficientes, sustentáveis e econômicos, tornando o melhoramento genético uma ferramenta indispensável para atender à crescente demanda por madeira de forma responsável e competitiva.

2.2 MELHORAMENTO GENÉTICO

Nos programas de melhoramento atuais, determinadas características são fundamentais para garantir a eficiência econômica do processo produtivo industrial, como a produção de celulose por área plantada, influenciada pelo crescimento volumétrico, pela densidade básica e pelo rendimento em celulose, além do custo de produção da madeira e do teor de lignina (De Resende, 2021). Em geral, características ligadas à qualidade da madeira apresentam herdabilidades mais elevadas e maior controle genético aditivo, tornando-as mais favoráveis ao processo de melhoramento. Em contrapartida, características de crescimento tendem a

apresentar herdabilidades aditivas mais baixas, exigindo estratégias mais complexas e específicas (Santos, 2002).

Como o eucalipto é em sua maior parte alógamo, o seu sistema reprodutivo oferece condições ideais para a exploração da variabilidade genética e para a seleção de indivíduos superiores. Essa característica contribuiu para que indústrias de celulose e siderurgia adotassem programas de melhoramento que, ao longo do tempo, consolidaram o uso de híbridos clonais como principal forma de propagação comercial (De Resende, 2021). O avanço desses programas intensificou-se principalmente após a década de 1970, quando diferentes empresas brasileiras passaram a investir em pesquisa, possibilitando expedições de coleta de germoplasma na Austrália e Indonésia.

Com isso, formou-se uma base genética mais ampla, permitindo a instalação de testes de espécies, procedências e progênies, além da adoção da seleção recorrente intrapopulacional (SRI) (Kageyama; Vencovsky, 1983). Já nos anos 1990, houve expansão das estratégias de hibridação e, por volta dos anos 2000, consolidou-se também a seleção recorrente recíproca (SRR), ampliando o potencial de recombinação e o progresso genético (Fonseca et al., 2010; Assis; Grattapaglia, 2010).

Entre as combinações híbridas mais utilizadas destaca-se o cruzamento *E. grandis* × *E. urophylla*, responsável pela geração de plantios clonais de rápido crescimento, boa resistência a doenças e maior densidade da madeira. Outras combinações, como *E. urophylla* × *E. pellita* e *E. pellita* × *E. brassiana*, vêm sendo testadas visando madeira de maior densidade e adaptação a ambientes semiáridos (Pavan, 2022). O *E. grandis* destaca-se historicamente na silvicultura brasileira como fonte de madeira para papel, celulose e, mais recentemente, madeira serrada, sendo adaptado a ambientes quentes, úmidos e solos profundos (De Assis, 1993). Já *E. urophylla* é reconhecido por sua rusticidade, tolerância ao cancro e elevada capacidade de rebrota (Assis; Grattapaglia, 2010).

O *Eucalyptus urograndis* (*E. grandis* × *E. urophylla*) destaca-se como o material genético mais plantado comercialmente no Brasil, em razão de seu desempenho superior e elevada estabilidade fenotípica em diferentes ambientes. Esse híbrido combina o rápido crescimento, boa forma do fuste e elevado rendimento volumétrico característicos do *E. grandis*, com a rusticidade, tolerância ao déficit hídrico e maior resistência a doenças do *E. urophylla* (Assis; Grattapaglia, 2010; Pavan, 2022).

O objetivo da hibridação é reunir em uma nova linhagem alelos favoráveis presentes em dois ou mais genitores, proporcionando tanto complementariedade de características quanto vigor híbrido (heterose), especialmente para caracteres de crescimento (De Assis, 2007). No entanto,

a obtenção de híbridos superiores representa apenas uma etapa do processo: a identificação e fixação das melhores combinações genótípicas requer programas de seleção robustos e contínuos. Em alguns programas brasileiros, clones híbridos comerciais são empregados em cruzamentos three-way cross e retrocruzamentos, permitindo manter a heterose e transferir características de madeira de efeito aditivo (De Assis, 2007). Como resultado, empresas do setor relatam aumentos médios de 25% no volume de madeira por hectare em plantações clonais (Rezende; Resende; Assis, 2013).

Apesar dessas vantagens, a implantação de grandes áreas monoclonais pode aumentar a vulnerabilidade genética. Nesse sentido, plantios multiclonais permitem maior diversidade genética, reduzindo riscos associados a pragas, doenças e eventos climáticos, além de favorecer o uso dos recursos ambientais (Resende et al., 2019). Estudos demonstram que estandes mistos podem alcançar até 24% mais produtividade do que monocultivos (Wingfield et al., 2015; Marcatti et al., 2017; Rezende et al., 2019; Forrester; Bauhus, 2016).

No gênero *Eucalyptus*, a presença de dominância genética contribui para a superioridade da propagação clonal em comparação à sexuada, além de permitir explorar a capacidade específica de combinação entre genitores (Oda, 2007). Contudo, um ciclo completo de seleção clonal pode durar de sete a oito anos, o que torna a seleção precoce uma estratégia importante para acelerar o ganho por unidade de tempo (Tamba Russi et al., 2017; Pereira et al., 1997; Gonçalves et al., 1998).

A técnica tem se mostrado eficiente tanto em testes de progênies de meios-irmãos quanto em ensaios clonais de híbridos, permitindo antecipar decisões de seleção e acelerar o processo de melhoramento. No entanto, o sucesso depende da precisão no reconhecimento dos genótipos superiores e da adoção de estratégias reprodutivas adequadas. Dessa forma, programas de melhoramento precisam incorporar métodos rigorosos de avaliação e seleção, garantindo estimativas precisas do desempenho genético das progênies (Ramalho et al., 2005).

2.3 SELEÇÃO

A avaliação do potencial genético de indivíduos e populações depende da adoção de delineamentos experimentais adequados e de modelos estatísticos capazes de maximizar a acurácia seletiva. Essa acurácia só é atingida quando se minimizam os efeitos ambientais e se garante elevada representatividade genética nos testes, de modo que fatores como herdabilidade, idade de avaliação, grau de parentesco e forma de obtenção das famílias tornam-se determinantes para o sucesso dos programas de melhoramento (Resende et al., 1994). No

melhoramento florestal, essa precisão é essencial para orientar decisões de seleção, recombinação e clonagem de materiais superiores.

No contexto do melhoramento genético do eucalipto, diferentes estratégias podem ser adotadas conforme os objetivos do programa. Entre as principais finalidades estão a seleção de genitores para recombinação em esquemas de seleção recorrente, tanto intrapopulacional (SRI) quanto recíproca (SRR), e a identificação de clones elite destinados ao plantio comercial. A SRI pode ser aplicada em espécies puras, híbridos ou populações sintéticas formadas pela recombinação de clones superiores (Resende, 2014). Já a SRR busca maximizar a média do cruzamento entre populações divergentes, explorando o vigor híbrido (Comstock et al., 1949).

Evoluções recentes nesses programas têm incorporado a abordagem de Seleção Recorrente Recíproca em População Sintética Multi-Espécies (SRR-PSME), que visa concentrar múltiplas características de interesse em genótipos elite destinados à clonagem (Resende, 2014). Em paralelo, a hibridação interespecífica tem desempenhado papel chave na ampliação da variabilidade e no ganho genético, especialmente no desenvolvimento de híbridos como o *E. Urograndis* (*E. grandis* X *E. urophylla*). Esse híbrido destaca-se por aliar rápido crescimento, boa forma do fuste e resistência a estresses bióticos e abióticos, sendo amplamente utilizado em programas de melhoramento e em plantios comerciais no Brasil (Assis, 2001; Silva et al., 2019).

Apesar dos avanços, um dos maiores desafios dos programas de melhoramento está relacionado à influência da competição entre árvores nos testes de progênies. Genótipos diferem quanto à agressividade competitiva, o que pode levar à superestimação ou subestimação do potencial genético real quando comparados em condições de alocompetição (Resende, 2016; Boyden; Binkley; Stape, 2008). Essa competição pode ser intragenotípica, comum em plantios monoclonais, ou intergenotípica, típica de ensaios multiclonais (Perecin et al., 1997). Estudos mostram que a alocompetição pode até aumentar a produtividade média em função do maior aproveitamento dos recursos, como observado por Nunes et al. (2018), que reportaram ganhos de 26% em ensaios multiclonais.

A genética quantitativa oferece ferramentas importantes para dissociar efeitos genéticos diretos e indiretos de competição (Griffing, 1967), mas estudos que separam esses componentes ainda são limitados para espécies florestais (Cappa et al., 2016). Assim, a condução de testes de progênies continua sendo fundamental para estimar herdabilidade, correlações genéticas e para prever valores genéticos ajustados ao ambiente experimental (Resende, 2002). Esses testes normalmente utilizam delineamentos balanceados, como blocos ao acaso ou látice, buscando reduzir variações ambientais e melhorar a precisão experimental. A idade de

avaliação também é crucial, pois estimativas precoces podem acelerar o ciclo seletivo e aumentar os ganhos por unidade de tempo.

A estratégia de seleção entre e dentro de progênies é amplamente utilizada no eucalipto por permitir explorar variação tanto entre famílias quanto no interior delas. Primeiro, as melhores famílias são identificadas; posteriormente, selecionam-se os indivíduos superiores dentro dessas famílias (Falconer; Mackay, 1996; Resende, 2002). Essa abordagem é particularmente efetiva em espécies alógamas, nas quais a variabilidade dentro das famílias é elevada (Ramalho et al., 2005; Pereira, 1996).

Entretanto, a correlação nem sempre alta entre o desempenho das progênies e o comportamento dos clones derivados pode dificultar a seleção (Assis; Grattapaglia, 2010). Para superar essa limitação, modelos mistos via REML/BLUP têm sido amplamente adotados, permitindo estimar componentes de variância e prever valores genéticos individuais com maior precisão, mesmo diante de variações ambientais e competição entre vizinhos (Resende, 2007; 2016). Assim, esses modelos contribuem para aumentar a confiabilidade da seleção e o ganho genético dos programas de melhoramento florestal.

2.4 MODELOS GENÉTICOS E DELINEAMENTOS EXPERIMENTAIS

A competição entre genótipos em testes de campo tem sido tradicionalmente tratada como um efeito ambiental indesejado, cujo impacto deve ser removido da análise para evitar vieses na seleção. Entretanto, diferentes genótipos apresentam respostas distintas à heterogeneidade ambiental e à presença de competidores, o que pode influenciar de forma significativa o desempenho observado e, conseqüentemente, a eficiência do processo seletivo (RESENDE et al., 2018). Assim, além da definição de estratégias adequadas de seleção, a escolha criteriosa do modelo estatístico é fundamental para garantir maior acurácia e ganho genético.

Nesse contexto, Resende e Duarte (2007) destacam a relevância de selecionar modelos de efeitos fixos ou aleatórios conforme a natureza dos tratamentos avaliados. De forma geral, recomenda-se utilizar modelos de efeitos aleatórios quando o número de tratamentos ultrapassa cinco, enquanto modelos de efeitos fixos são apropriados quando esse número é menor. Em situações intermediárias, ambos podem ser aplicados, embora os efeitos aleatórios forneçam estimativas mais conservadoras e compatíveis com programas de seleção genética (RESENDE, 2007b).

A adoção de efeitos aleatórios demanda a substituição dos tradicionais testes de comparações múltiplas (TCM), utilizados em análises via ANOVA, por métodos de predição como o BLUP (Best Linear Unbiased Prediction). A estrutura de modelos mistos permite estimar valores

genéticos e médias ajustadas com maior precisão, integrando simultaneamente efeitos fixos e aleatórios do experimento. Como o BLUP pressupõe o conhecimento dos componentes de variância, utiliza-se sua estimação via REML (Restricted Maximum Likelihood), que fornece estimativas não viesadas desses componentes (MARCELINO; IEMMA, 2000; RESENDE, 2004).

Os desafios associados ao uso de modelos mistos, tais como maiores complexidades matemática e demanda computacional, foram amplamente mitigados pelo surgimento de softwares especializados, incluindo DFREML, MTDFREML, ASREML, SELEGEN-REML/BLUP e rotinas implementadas no SAS (RESENDE; OLIVEIRA, 1997; DUARTE; VENCOSKY, 2001). Atualmente, esses recursos tornam a aplicação de modelos mistos cada vez mais acessível e difundida no melhoramento genético de plantas e florestas.

A eficácia dessas metodologias depende, entretanto, da qualidade do delineamento experimental, visto que ele define o controle ambiental e a precisão das estimativas genéticas. A escolha do delineamento adequado está diretamente relacionada ao número de genótipos avaliados e às condições experimentais (RESENDE; BARBOSA, 2005). O delineamento em blocos casualizados continua sendo um dos mais utilizados devido à sua simplicidade e capacidade de controlar variações dentro de blocos relativamente homogêneos (DOS SANTOS, 2021). Já o delineamento inteiramente casualizado (DIC) é indicado apenas para condições altamente homogêneas, como casa de vegetação, por não oferecer controle local. O quadrado latino, apesar de eficiente no controle bidimensional da variabilidade ambiental, apresenta baixa flexibilidade e é pouco utilizado em experimentos com grande número de tratamentos.

Em programas de melhoramento com elevado número de genótipos, como ocorre no eucalipto, delineamentos tradicionais tornam-se pouco eficientes ou inviáveis. Para suprir essa demanda, Federer (1956) desenvolveu o delineamento em blocos aumentados, permitindo testar muitos tratamentos com poucas repetições e sem comprometer a capacidade de estimar erros experimentais. Nesse sistema, testemunhas são repetidas nos blocos e possibilitam ajustes simultâneos dos efeitos de bloco, sub-bloco e erro intrablocos. Essa estrutura é especialmente útil quando há escassez de material genético para replicações e quando se deseja avaliar grande número de progênies ou clones (SANTOS, 2000; RAMALHO, 2000; RESENDE, 2002).

No contexto do melhoramento florestal, testes de famílias de meios-irmãos frequentemente utilizam blocos inteiramente casualizados; contudo, essa escolha limita a estimativa da variabilidade genética dentro das progênies, dificultando a obtenção de valores genotípicos individuais (RESENDE, 2002; BORÉM; MIRANDA, 2013). O delineamento em blocos aumentados supera essa limitação ao permitir o ajuste dos valores individuais com base no erro

experimental obtido por meio das testemunhas, que podem ser clonais e, portanto, sem variância genética interna. Esta abordagem eleva a acurácia genética e a confiabilidade da seleção (FEDERER, 1956; RESENDE, 2007; PIMENTEL-GOMES, 2009).

Dessa forma, a integração entre bons delineamentos e modelos estatísticos robustos, como REML/BLUP, constitui uma base essencial para a condução de programas de melhoramento florestal eficientes, precisos e capazes de gerar ganhos genéticos consistentes ao longo do tempo.

3 MÉTODOLOGIA

Foram obtidos dados referentes a um teste de progênes de meios irmãos da empresa Eldorado Brasil em delineamento de blocos aumentados instalado em 25 de novembro de 2020, com área situada no município de Selviria – MS. De acordo com a classificação de Köppen, o tipo climático é Aw (clima tropical com estação seca de inverno). A temperatura média anual é de 22,9 °C e a precipitação anual de 1456 mm (Flores et al., 2016).

O delineamento em blocos aumentados de Federer possui dois tipos de tratamentos, os tratamentos novos e as testemunhas, de forma que os erros experimentais são calculados nas testemunhas. Assim, o experimento em questão conta com 68 tratamentos, sendo, 64 de novas progênes (TN) e quatro testemunhas clonais (TC).

Os genótipos TN contam com quatro repetições de seis plantas por parcela, totalizando 24 indivíduos geneticamente distintos por família e 1536 indivíduos no total. Para TC, os blocos foram subdivididos em oito sub-blocos, possuindo então oito repetições por bloco para TC de seis plantas por parcela, totalizando 32 repetições para as testemunhas. De forma que cada sub-bloco possui oito famílias (TN) e uma repetição dos quatro clones (TC). No total, temos 4 blocos e 32 sub-blocos, com oito sub-blocos por cada bloco.

Figura 1: Representação esquemática dos blocos e sub-blocos em um teste de progênie de meios irmãos de *E. grandis* X *E. urophylla* em delineamentos de blocos aumentados, Selviria – MS.

Bloco 1																							
Sub-bloco 1			Sub-bloco 2			Sub-bloco 3			Sub-bloco 4			Sub-bloco 5			Sub-bloco 6			Sub-bloco 7			Sub-bloco 8		
46	42	62	C3	41	63	31	27	57	58	22	C1	13	34	18	C1	12	59	50	44	30	9	60	10
C3	C1	20	14	C4	64	5	40	25	37	33	52	15	49	29	C2	53	C3	32	C1	8	38	C3	26
C4	1	7	39	47	35	C1	51	C4	C3	21	11	C3	19	C4	C4	48	55	C3	C4	C2	56	C2	C1
C2	43	24	C1	54	C2	C3	C2	6	2	C4	C2	C1	C2	3	17	61	16	23	4	28	C4	36	45

Bloco 2																							
Sub-bloco 1			Sub-bloco 2			Sub-bloco 3			Sub-bloco 4			Sub-bloco 5			Sub-bloco 6			Sub-bloco 7			Sub-bloco 8		
C3	18	7	51	33	54	57	C1	58	C4	43	55	2	41	C2	64	40	56	46	3	32	34	25	22
48	30	53	C2	38	13	C4	C2	37	9	23	C2	C4	20	15	C2	47	C4	27	63	17	45	6	60
35	C4	C2	C1	24	C3	26	21	44	29	61	11	16	C1	5	31	12	39	C4	C2	59	28	C1	1
14	C1	62	C4	10	8	C3	19	50	C1	42	C3	C3	52	4	C3	49	C1	36	C1	C3	C3	C2	C4

Bloco 3																							
Sub-bloco 1			Sub-bloco 2			Sub-bloco 3			Sub-bloco 4			Sub-bloco 5			Sub-bloco 6			Sub-bloco 7			Sub-bloco 8		
14	50	C3	58	9	31	62	13	C1	8	18	15	41	24	28	44	37	35	33	53	54	C2	10	C3
C1	7	C4	C3	32	6	3	45	30	C2	23	C4	C3	52	20	1	4	C3	C2	C1	11	49	25	46
21	59	36	C4	60	61	C2	C3	64	56	22	C1	34	C1	2	C1	C4	17	51	40	C4	C1	29	55
42	47	C2	C1	C2	57	48	C4	63	5	C3	16	43	C4	C2	26	19	C2	39	C3	38	27	12	C4

Bloco 4																							
Sub-bloco 1			Sub-bloco 2			Sub-bloco 3			Sub-bloco 4			Sub-bloco 5			Sub-bloco 6			Sub-bloco 7			Sub-bloco 8		
29	C4	59	C2	3	C4	28	6	17	41	53	14	C4	58	C2	21	C4	37	22	C4	48	12	50	C3
35	C2	24	55	13	40	51	38	C2	16	C2	1	9	C1	C3	C3	47	5	8	C1	11	C4	60	39
2	4	C3	C3	42	18	57	C1	C4	C3	19	C1	27	63	C4	C2	30	34	C2	25	61	C2	C1	62
44	64	C1	10	C1	45	52	C3	23	32	33	56	46	36	43	20	7	C1	31	54	C3	49	15	26

As seis plantas das parcelas experimentais estão dispostas em linhas com espaçamento de 3,4x2,6 m, com uma área por planta de 8,84 m², com 53,04m² por parcela, totalizando 2.304 indivíduos (1.536 progênies e 768 testemunhas), em uma área total de 2,03 ha sem a bordadura.

Foram mensurados aos 30 meses de idade (julho de 2023) os caracteres: altura do fuste comercial de árvores (ALT, m) e circunferência a altura do peito (CAP, cm), transformada para diâmetro a altura do peito (DAP, cm), visando a avaliação do volume (m³) e cálculo do incremento volumétrico médio anual (IMA), que foram obtidos de acordo com as recomendações do departamento de inventário florestal da empresa. Para escolha do valor representativo de cada progênie, os valores genotípicos dos caracteres estudados foram obtidos pelo método de Máxima Verossimilhança Restrita/ Melhor Preditor Não Viesado – REML/BLUP, aplicado ao modelo linear misto, sendo considerados fatores fixos blocos, testemunhas e fatores aleatórios para famílias e indivíduos dentro de famílias.

Para efeito da análise estatística será adicionada uma variável auxiliar para determinar a diferenciação para tratamentos novos (famílias) e outra para testemunhas (clones). Assim, serão criadas três colunas para tratamentos, “Tipo” para diferenciação entre famílias e clones, “Testemunhas” para a classificação dos diferentes clones e “Novos” para classificação das diferentes famílias. Sendo que, na coluna de Testemunhas os tratamentos Novos receberão 0 e os clones sua devida denominação, na coluna Novos as famílias receberão sua devida denominação e os clones 0 e na coluna Tipo as famílias receberão a letra “P” e os clones a letra “C”. De forma que será adotado o modelo estatístico matemático abaixo:

$$Y_{wk(z)l_j} = \mu + B_j + SB_{l(j)} + T_z + G_{i(z)} + P_{w(i(z))} + \sigma_{db}^2 + \sigma_{eb}^2 + \sigma_e^2$$

em que:

$Y_{wk(z)l_j}$ = valor observado da característica avaliada do indivíduo w do genótipo k (família ou clone) dentro do Tipo z no Sub-bloco l dentro do Bloco j ;

μ = média geral do experimento para a característica avaliada entre as famílias e clones;

B_j = efeito do bloco j ;

$SB_{l(j)}$ = efeito do sub-bloco l dentro do bloco j ;

T_z = efeito do tipo de tratamento, se “P” ou “C”;

$G_{i(z)}$ = efeito do genótipo i (família ou clone) dentro do tipo z ;

$P_{w(i(z))}$ = efeito do indivíduo w dentro da família i dentro do tipo z ;

σ_{db}^2 = erro experimental dentro de blocos referente a interação clone por sub-bloco;

σ_{eb}^2 = erro experimental entre blocos referente a interação genótipo por blocos;

σ_e^2 = erro experimental dentro de parcela referente a interação indivíduo clonal por parcela.

Após a organização inicial dos dados foram efetuadas análises amostrais para as testemunhas, com a Análise 1 (AN1) sendo o comparativo com blocos casualizados, ou seja, sem clones e sub-blocos, a Análise 2 (AN2) com todos os clones e sub-blocos, sendo as Análises 3,4 e 5 (AN3, AN4 e AN5) com oito sub-blocos, com uma, duas e três testemunhas, respectivamente, a Análise 6 (AN6) com quatro sub-blocos e quatro testemunhas e a Análise 7 (AN7) com quatro sub-blocos e duas testemunhas.

Figura 2. Esquema das análises com suas respectivas composições.

Análises	Composição
Análise 1 (AN1)	Comparativo com blocos casualizados
Análise 2 (AN2)	Todos os clones e sub-blocos
Análise 3 (AN3)	Oito sub-blocos e uma testemunha
Análise 4 (AN4)	Oito sub-blocos e duas testemunhas
Análise 5 (AN5)	Oito sub-blocos e três testemunhas
Análise 6 (AN6)	Quatro sub-blocos e quatro testemunhas
Análise 7 (AN7)	Quatro sub-blocos e duas testemunhas

A AN1 foi efetuada pelo programa genético estatístico SELEGEN (RESENDE, 2007), obedecendo o modelo um, as demais foram efetuadas pelo programa estatístico SAS® (SAS, 1999), seguindo o modelo estatístico citado acima. Adicionalmente serão calculados os parâmetros genéticos como herdabilidade, variabilidade genética entre e dentro de famílias e os erros experimentais, sendo estimados de acordo com Resende (2002) para todos os caracteres estudados. Foram efetuadas quatro diferentes simulações por sorteio para as AN3, AN4, AN5,

AN6 e AN7 em que após essas quatro simulações obteve-se estatísticas descritivas das variâncias e parâmetros genéticos como médias e desvios padrão.

Após as análises de todas as simulações, foi efetuado as estatísticas descritivas para as análises 3, 4, 5, 6, e 7. Sendo que, para as análises que tiverem o maior desvio padrão entre as simulações, podem ser consideradas inadequadas em relação ao desvio padrão calculado pela análise 2. Analogamente, procedeu-se com análises de correlações de Pearson entre os valores genotípicos para todos os indivíduos sobreviventes entre todas as análises e simulações. Em seguida, foi calculada as correlações de Spearman para comparar as classificações dos indivíduos sobreviventes para todas as análises e simulações. Para o cálculo das correlações, foi elaborado com o aplicativo Excel®.

Posteriormente, efetuou-se a seleção dos 100 melhores indivíduos, para as análises 1, 2 e para uma simulação das análises que melhor representaram a análise 2 com melhor custo-benefício (Simulação 1 das análises 4 e 6). A partir desta seleção, efetuou-se a coincidência das seleções entre as análises estudadas mencionadas acima.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Ao comparar as estimativas obtidas entre as diferentes análises para o caráter DAP presentes na Tabela 1, observa-se uma variação expressiva nos valores de variância genética aditiva. O maior valor foi registrado na Análise 1 (3,11), comportamento que era esperado devido às limitações inerentes ao delineamento em blocos completos (DBC). Nesse tipo de delineamento, ocorre o confundimento entre a variância genética dentro das progênies e o erro experimental, o que reduz a capacidade do modelo de separar adequadamente essas fontes de variação. Como consequência, parte da variação ambiental pode ser erroneamente incorporada à variância genética aditiva, inflando suas estimativas (RESENDE, 2002). Nas demais análises, especialmente naquelas estruturadas em blocos aumentados com testemunhas repetidas, esse efeito é minimizado, permitindo estimativas mais estáveis e coerentes com a estrutura genética do material avaliado.

Nas análises conduzidas com delineamentos em blocos aumentados (Tabela 1), observou-se que a variância entre parcelas apresentou comportamento relativamente estável entre os modelos, refletindo bom controle da heterogeneidade ambiental intrabloco. Ainda assim, destacam-se diferenças importantes: a Análise 6 apresentou o maior valor estimado ($4,23 \pm 0,24$), sugerindo maior sensibilidade desse modelo para captar variações ambientais estruturadas entre parcelas; por outro lado, a Análise 7 apresentou a menor estimativa entre as

análises ($4,02 \pm 0,93$), mas acompanhada de maior amplitude e erro-padrão, indicando menor precisão na separação das fontes de variação.

A variância entre blocos apresentou valores baixos e relativamente estáveis entre as análises, variando entre 0,11 e 0,16 (Tabela 1). Essa baixa magnitude indica que a heterogeneidade ambiental capturada pelos blocos foi pequena, sugerindo que o experimento apresentou boa uniformidade ambiental dentro de cada bloco. De acordo com Resende (2002), variâncias entre blocos de baixa magnitude refletem eficiência do controle local, pois a maior parte da variação fenotípica é atribuída aos efeitos genéticos e ao erro residual, e não a diferenças sistemáticas entre blocos.

Tabela 1: Simulações de tamanho amostral de tratamentos comuns em blocos aumentados para o carácter diâmetro à altura do peito de um teste de progênie de meios irmãos de *Eucalyptus grandis* x *uruphylla* aos 30 meses na cidade Selvíria /MS

	Análise 1	Análise 2	Análise 3	Análise 4	Análise 5	Análise 6	Análise 7
FV	Média	Média	Média	Média	Média	Média	Média
σ_F^2	$3,11 \pm 0,52$	$0,8 \pm 0,1$	$0,83 \pm 0,03$	$0,8 \pm 0,01$	$0,8 \pm 0,01$	$0,80 \pm 0,015$	$0,79 \pm 0,01$
σ_P^2	-	$4,13 \pm 0,52$	$4,18 \pm 0,74$	$4,16 \pm 0,39$	$4,14 \pm 0,24$	$4,23 \pm 0,24$	$4,02 \pm 0,93$
σ_{eb}^2	-	$0,14 \pm 0,02$	$0,09 \pm 0,07$	$0,11 \pm 0,08$	$0,13 \pm 0,05$	$0,16 \pm 0,03$	$0,12 \pm 0,03$
σ_{ep}^2	$0,11 \pm 0,02$	$0,001 \pm 0,002$	$0,02 \pm 0,02$	$0,84 \pm 0,01$	$0,002 \pm 0,001$	$0,001 \pm 0,003$	$0,80 \pm 0,02$
σ_e^2	$3,97 \pm 0,67$	$2,2 \pm 0,28$	$2,17 \pm 0,75$	$2,19 \pm 0,40$	$2,20 \pm 0,24$	$2,13 \pm 0,24$	$2,32 \pm 0,97$
h_{mf}^2	$0,73 \pm 0,12$	$0,8 \pm 0,1$	$0,79 \pm 0,04$	$0,7 \pm 0,03$	$0,8 \pm 0,03$	$0,74 \pm 0,01$	$0,64 \pm 0,02$
h_a^2	$0,43 \pm 0,07$	$0,63 \pm 0,08$	$0,65 \pm 0,11$	$0,57 \pm 0,05$	$0,64 \pm 0,03$	$0,64 \pm 0,03$	$0,55 \pm 0,13$

σ_F^2 : variância genética aditiva; σ_P^2 : variância entre parcelas; σ_{eb}^2 : variância entre os blocos; σ_{ep}^2 : erro entre parcelas; σ_e^2 : erro dentro da parcela; h_{mf}^2 : herdabilidade da média de progênies; h_a^2 : herdabilidade aditiva.

A Análise 2 apresentou bons valores médios de variância genética aditiva ($0,8 \pm 0,1$), porém não se destacou devido aos desvios-padrão mais elevados em comparação às demais análises. Sua variância entre parcelas apresentou média de $4,13 \pm 0,52$, semelhante à Análise 3 ($4,18 \pm 0,74$) e à Análise 4 ($4,16 \pm 0,39$), mas ainda assim com maior amplitude de erro. Em relação à herdabilidade aditiva, observa-se que o valor estimado na Análise 2 ($0,63 \pm 0,08$), embora numericamente superior ao da Análise 1 ($0,43 \pm 0,07$) e próximo ao da Análise 4 ($0,57 \pm 0,05$), apresenta erro-padrão mais elevado, indicando menor precisão na predição dos valores genéticos (Tabela 1). Essa maior incerteza reflete a instabilidade das estimativas de variância

aditiva nessa análise, especialmente porque modelos menos estruturados tendem a inflar artificialmente os componentes de variância (RESENDE, 2002).

A Análise 4 da Tabela 1 se sobressaiu por apresentar variâncias entre parcelas e herdabilidades semelhantes às observadas na Análise 3. Suas estimativas estão dentro de faixas aceitáveis, com variância entre parcelas de $4,16 \pm 0,39$ e herdabilidade aditiva de $0,57 \pm 0,05$, valores com boa precisão em comparação aos desvios de outras análises. Embora sua herdabilidade da média de progênies ($0,7 \pm 0,03$) seja inferior à observada na Análise 2 ($0,8 \pm 0,1$), apresenta menor erro-padrão, o que indica maior confiança nos parâmetros estimados. Estudos de modelos lineares mistos (RESENDE, 2002) destacam que herdabilidades moderadas com baixo erro-padrão tendem a favorecer maior acurácia seletiva.

Na Análise 5, os valores de médias e desvios-padrão foram consistentes, destacando-se a variância genética aditiva ($0,8 \pm 0,01$), igual à Análise 4 e superior às observadas na Análise 1. A variância entre parcelas estimada foi de $4,14 \pm 0,24$, média um pouco superior à Análise 1 ($3,11 \pm 0,52$) e com desvio menor que o da Análise 4 ($0,39$). Em herdabilidade aditiva, a Análise 5 apresentou $0,64 \pm 0,03$, valor muito próximo ao da Análise 6 ($0,64 \pm 0,03$), diferindo apenas levemente no desvio-padrão (Tabela 1). A boa precisão observada em AN5 e AN6 reforça que desenhos experimentais com número adequado de clones e blocos tendem a gerar estimativas mais estáveis (RESENDE & DUARTE, 2007).

Na Análise 6, aumentando o número de clones e reduzindo o número de sub-blocos, obteve-se a maior variância entre parcelas entre todas as análises ($4,23 \pm 0,24$). Para herdabilidade da média de progênies ($0,74 \pm 0,01$), os resultados foram similares aos da Análise 3 ($0,79 \pm 0,04$), ambos com baixa amplitude de erro (Tabela 1). Isso demonstra que a relação entre número de clones e número de sub-blocos influencia diretamente a precisão: menores subdivisões dentro de blocos tendem a reduzir a variação residual, aumentando a acurácia (HENDERSON, 1984).

A Análise 7 apresentou valores distintos dos demais em alguns parâmetros. A variância genética aditiva ($0,79 \pm 0,01$) manteve-se dentro do padrão observado nas demais análises, porém a variância entre parcelas foi a menor entre todas ($4,02 \pm 0,93$), acompanhada de um desvio-padrão elevado, indicando instabilidade experimental. O erro entre parcelas foi semelhante ao observado na Análise 4 ($0,80 \pm 0,02$ e $0,84 \pm 0,01$, respectivamente). As herdabilidades, contudo, ficaram abaixo das demais análises: $0,64 \pm 0,02$ para herdabilidade da média de progênies e $0,55 \pm 0,13$ para herdabilidade aditiva, reforçando menor precisão e eficiência seletiva (Tabela 1).

A comparação entre as Análises 6 e 7 indica que reduzir simultaneamente o número de sub-blocos e de clones compromete a qualidade das estimativas, resultando em herdabilidades mais

baixas e maior variabilidade dos erros. Segundo Henderson (1984), a precisão dos dados aumenta quando os desvios absolutos entre os valores genéticos verdadeiros e os estimados são menores, o que não ocorre na Análise 7. Assim, para o caráter DAP, as análises com melhor relação custo-benefício e precisão experimental foram as Análises 6 e 4, que, mesmo utilizando arranjos diferentes, apresentaram maior estabilidade estatística e menor variância nos erros, permitindo maior confiança nas estimativas genéticas (Tabela 1).

Ao comparar as estimativas obtidas para o caráter altura do fuste comercial (Tabela 2) entre os modelos avaliados, observa-se que a variância genética aditiva apresentou maior magnitude no modelo DBC (Análise 1 = $6,61 \pm 0,47$), enquanto nas análises baseadas em blocos aumentados (ex.: Análise 2 = $1,70 \pm 0,11$) os valores foram consideravelmente menores.

Nas análises baseadas em blocos aumentados na Tabela 2, verificou-se que a variância entre parcelas apresentou valores equilibrados entre os modelos (variação entre 0,74 e 0,79), com magnitude semelhante à observada. Nos blocos aumentados, a inclusão de controles em todos os blocos permite estimativas mais estáveis do efeito ambiental, conforme discutido por Federer (1956) e Resende (2007), o que contribui para maior robustez das predições genéticas.

Tabela 2: Simulações de tamanho amostral de tratamentos comuns em blocos aumentados para o caráter altura do fuste comercial de um teste de progênie de meios irmãos de *Eucalyptus grandis* x *uruphylla* aos 30 meses na cidade Selvíria /MS.

	Análise 1	Análise 2	Análise 3	Análise 4	Análise 5	Análise 6	Análise 7
FV	Média	Média	Média	Média	Média	Média	Média
σ_F^2	6,61±0,47	1,7±0,1	1,70±0,053	1,70±0,02	1,70±0,02	1,66±0,02	1,67±0,02
σ_P^2	-	5,67±0,3	5,73±0,25	5,70±0,2	5,68±0,09	5,72±0,10	5,74±0,25
σ_{eb}^2	-	0,061±0,003	0,009±0,02	0,032±0,03	0,052±0,02	0,04±0,03	0,03±0,03
σ_{ep}^2	0,037±0,003	0,002±0,004	0,002±0,005	0,002±0,003	0,002±0,005	0,00±0,01	0,01±0,014
σ_e^2	1,54±0,11	0,79±0,04	0,77±0,24	0,79±0,17	0,79±0,08	0,77±0,10	0,75±0,26
h_{mf}^2	0,86±0,06	0,96±0,04	0,97±0,005	0,99±0,014	0,98±0,01	0,95±0,013	0,96±0,014
h_a^2	0,81±0,06	0,87±0,04	0,88±0,03	0,87±0,026	0,87±0,01	0,87±0,014	0,88±0,04

σ_F^2 : variância genética aditiva; σ_P^2 : variância entre parcelas; σ_{eb}^2 : variância entre os blocos; σ_{ep}^2 : erro entre parcelas; σ_e^2 : erro dentro da parcela; h_{mf}^2 : herdabilidade da média de progênies; h_a^2 : herdabilidade aditiva.

Na AN3, a variância entre parcelas ($5,73 \pm 0,25$) foi muito semelhante às de AN1 e AN2, assim como a variância genética aditiva ($1,70 \pm 0,053$), indicando boa estabilidade nas estimativas. A herdabilidade da média de progênies foi a mais alta entre todas as análises ($0,97 \pm 0,005$), sugerindo que a estrutura amostral da AN3 favoreceu maior precisão na comparação entre progênies. De forma semelhante, a AN4 apresentou valores praticamente idênticos aos da

AN3, com variância entre parcelas de $5,70 \pm 0,2$ e herdabilidade média de progênes estimada em $1,0 \pm 0,014$. A herdabilidade aditiva também foi consistente entre as análises, sendo $0,88 \pm 0,03$ na AN3 e $0,87 \pm 0,026$ na AN4 (Tabela 2).

A AN5 apresentou grande proximidade com a AN1 para quase todos os parâmetros avaliados, divergindo apenas na variância entre blocos, que foi menor ($0,052 \pm 0,02$) em comparação à AN1 ($0,061 \pm 0,003$). Comparando AN5 com AN3, as diferenças observadas em variância entre parcelas ($5,68 \pm 0,09$ na AN5 e $5,73 \pm 0,25$ na AN3) e erro entre parcelas ($0,79 \pm 0,02$ e $0,77 \pm 0,24$, respectivamente) se mantiveram dentro dos desvios-padrão, evidenciando estimativas igualmente consistentes (Tabela 2).

Na AN6, as estimativas foram novamente muito próximas às observadas na AN3, com variância entre parcelas de $5,72 \pm 0,10$ e erros semelhantes. Ao comparar AN6 e AN7, verifica-se que os valores também permaneceram dentro do desvio, com AN7 apresentando variância entre parcelas de $5,74 \pm 0,25$ e herdabilidade da média de progênes de $0,96 \pm 0,014$ (Tabela 2). Isso sugere que a redução no número de sub-blocos ou de clones pode não afetar substancialmente a precisão das estimativas para o caráter altura, diferentemente do observado para o DAP, em que o particionamento adequado da variância dentro de famílias foi mais sensível à configuração experimental (FEDERER, 1956).

De maneira geral, ao comparar as análises em blocos aumentados com o delineamento em blocos casualizados presentes na Tabela 2, constata-se que os blocos aumentados não proporcionaram ganhos expressivos na precisão das estimativas para o caráter altura total. As variâncias genéticas e os erros apresentaram grande estabilidade entre as análises, indicando que, para este caráter, o DBC pode ser suficiente e operacionalmente mais simples, sem perda significativa de acurácia, o que está de acordo com a interpretação de Resende e Duarte (2007), que destacam que a vantagem dos blocos aumentados depende diretamente da magnitude da heterogeneidade ambiental e da estrutura genética das famílias avaliadas, fatores que, para altura, parecem ter apresentado menor impacto.

A Tabela 3 apresenta as estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos para o caráter incremento volumétrico médio anual (IMA). Comparando a AN1 com a AN2, observa-se que ambas estimaram valores muito próximos para a herdabilidade da média de progênes, sendo $0,70 \pm 0,21$ na AN1 e $0,75 \pm 0,23$ na AN2. Isso indica boa estabilidade desse parâmetro entre os dois modelos. Em relação à herdabilidade aditiva, AN2 apresentou valor superior ($0,50 \pm 0,15$) quando comparada à AN1 ($0,40 \pm 0,12$), sugerindo que a AN2 conseguiu particionar melhor a variabilidade genética associada ao caráter, possivelmente devido a menor

influência do confundimento entre erros e variação genética dentro de famílias (RESENDE, 200

Tabela 3: Simulações de tamanho amostral de tratamentos comuns em blocos aumentados para o carácter incremento volumétrico médio anual de um teste de progênie de meios irmãos de *Eucalyptus grandis x uruphylla* aos 30 meses na cidade Selvíria /MS

	Análise 1	Análise 2	Análise 3	Análise 4	Análise 5	Análise 6	Análise 7
FV	Média	Média	Média	Média	Média	Média	Média
σ_F^2	301,57±90	81,4±2,5	78,34±3,56	80,5±1,4	81,1±2,0	76,27±1,73	75,65±1,40
σ_P^2	-	214,55±66	217,50±138,8	217,58±72,5	215,87±44,8	234,75±42,2	200,62±141,4
σ_{eb}^2	-	18,17±5,6	14,15±7,95	16,27±6,62	17,33±4,45	22,35±2,93	18,57±2,08
σ_{ep}^2	12,70±3,8	0,001±0,003	20,13±35,54	0,002±0,003	81,14±2,02	76,27±1,73	5,44±3,38
σ_e^2	293,01±88	308,75±95	305,35±139	307,23±72	308,26±44	290,27±43	321,70±143,7
h_{mf}^2	0,75±0,23	0,70±0,21	0,69±0,07	0,71±0,02	0,64±0,01	0,57±0,01	0,67±0,03
h_a^2	0,50±0,15	0,40±0,12	0,38±0,23	0,40±0,13	0,35±0,07	0,38±0,07	0,37±0,3

σ_F^2 : variância genética aditiva; σ_P^2 : variância entre parcelas; σ_{eb}^2 : variância entre os blocos; σ_{ep}^2 : erro entre parcelas; σ_e^2 : erro dentro da parcela; h_{mf}^2 : herdabilidade da média de progênie; h_a^2 : herdabilidade aditiva.

Na AN3, os valores de variância genética aditiva ($78,34 \pm 3,56$) foram muito semelhantes aos estimados na AN6 ($76,27 \pm 1,73$), assim como a herdabilidade aditiva ($0,38$ para ambas), reforçando a consistência entre os modelos. A AN6, entretanto, apresentou menor erro associado (desvio de $0,07$), aproximando-se dos padrões observados na AN1 (Tabela 3). Para os componentes variância entre parcelas, variância entre blocos, erro dentro de parcelas e herdabilidade da média de progênie, as estimativas da AN3 foram similares às da AN4, sugerindo que a utilização de um ou dois clones como testemunhas resulta em impactos reduzidos sobre esses componentes de variância, tendência já discutida em modelos de blocos aumentados (FEDERER, 1956).

A AN4 apresentou herdabilidades semelhantes às da AN1, com herdabilidade aditiva de $0,40 \pm 0,13$ e herdabilidade da média de progênie de $0,70 \pm 0,04$, diferindo principalmente nos desvios-padrão. A AN4 mostrou maior precisão para a herdabilidade da média de progênie (menor desvio), enquanto a AN1 apresentou maior precisão para herdabilidade aditiva, o que demonstra equilíbrio geral entre os dois modelos (Tabela 3) (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

A AN5 estimou valores bastante próximos da AN1 para variância aditiva ($81,1 \pm 2,0$ na AN5 vs. $81,5 \pm 2,5$ na AN1). Já as herdabilidades mostraram diferenças maiores: AN1 apresentou

herdabilidade média de progênes = $0,70 \pm 0,20$, enquanto AN5 estimou $0,60 \pm 0,01$; e, quanto à herdabilidade aditiva, AN5 estimou $0,35 \pm 0,07$, valor levemente inferior ao de AN1 ($0,40 \pm 0,12$) (Tabela 3). Apesar dessas diferenças, ambas permanecem dentro de faixas biologicamente aceitáveis para o caráter IMA (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

A AN6 estimou uma das maiores variâncias entre parcelas ($234,7 \pm 42,2$), o que indica uma maior heterogeneidade ambiental percebida pelo modelo. Apesar disso, a herdabilidade média de progênes ($0,57 \pm 0,01$) foi a menor entre todas as análises, demonstrando que a variabilidade ambiental captada reduziu a precisão seletiva (Tabela 3). Por outro lado, a herdabilidade aditiva ($0,38 \pm 0,07$) permaneceu igual à da AN3 e muito próxima dos valores da AN7, com erros relativamente menores, reforçando que a AN6 ainda gera estimativas consistentes em outros parâmetros (RESENDE, 2007).

A AN7 apresentou a menor variância entre parcelas entre as análises ($200,6 \pm 141,4$) na Tabela 3, mas, em contrapartida, apresentou o maior erro entre parcelas ($321,7 \pm 143,7$), indicando maior instabilidade experimental. Mesmo assim, suas herdabilidades foram semelhantes às da AN3, com herdabilidade da média entre progênes = $0,67 \pm 0,03$ e herdabilidade aditiva = $0,37 \pm 0,03$, mantendo coerência no comportamento dos parâmetros genéticos.

Considerando todas as simulações e análises, a AN5 manteve comportamento muito próximo ao da AN1, mas não proporcionou ganhos operacionais expressivos para execução do experimento. As AN3 e AN7, embora operacionalmente mais simples, apresentaram desempenho inferior para DAP, IMA e para alguns componentes de variância do IMA, reduzindo sua efetividade para fins de seleção.

Já as análises AN4 e AN6 produziram estimativas estáveis, próximas das observadas na AN2 e com desvios-padrão aceitáveis, indicando que configurações com dois clones testemunhas em oito sub-blocos ou quatro clones testemunhas em quatro sub-blocos são adequadas e eficientes para a seleção de famílias de meios-irmãos *Eucalyptus grandis* $\times$ *urophylla*, alinhando-se às recomendações metodológicas para experimentos de melhoramento em blocos aumentados (RESENDE; DUARTE, 2007).

As análises de correlação são ferramentas fundamentais para avaliar o grau de associação entre variáveis e a consistência de padrões entre diferentes métodos de avaliação. Entre os coeficientes mais empregados em estudos de melhoramento genético estão Pearson e Spearman, que, apesar de correlacionarem variáveis, apresentam propriedades distintas.

O coeficiente de correlação de Pearson mede a intensidade e direção da relação linear entre variáveis contínuas, assumindo normalidade e homocedasticidade dos dados. Já o coeficiente

de Spearman, baseado em postos, é uma medida não paramétrica de correlação monotônica, robusta a valores extremos e à ausência de normalidade (MUKAKA, 2012). Quando ambos os métodos produzem valores semelhantes, como observado neste estudo, isso indica que a relação entre as variáveis é estável, tanto em termos de linearidade quanto de ordenamento relativo, reforçando a confiabilidade das estimativas obtidas.

No presente trabalho, as correlações calculadas para o caráter diâmetro à altura do peito (DAP) presentes na Tabela 4 apresentaram valores extremamente elevados, variando predominantemente entre 0,95 e 0,99 para a maior parte das análises, o que indica uma associação muito forte entre as diferentes simulações realizadas. Estes resultados sugerem que os diversos cenários avaliados capturam praticamente a mesma estrutura de variação entre as progênies, reforçando a robustez e a estabilidade das estimativas geradas.

De acordo com Falconer e Mackay (1996), correlações fenotípicas elevadas expressam forte congruência nos efeitos genéticos e ambientais que influenciam o caráter, o que é comum em atributos de crescimento com alta herdabilidade, como o DAP. Esse padrão também é amplamente reportado em estudos com espécies de *Eucalyptus*, onde o DAP frequentemente apresenta elevada precisão experimental e forte controle genético aditivo (RESENDE, 2002; ZOBEL; TALBERT, 1984; GONÇALVES et al., 2010).

Tabela 4. Correlações para o caractere DAP.

	An 1	An2	An3 S1	An3 S2	An3 S3	An3 S4	An4 S1	An4 S2	An4 S3	An4 S4	An5 S1	An5 S2	An5 S3	An5 S4	An6 S1	An6 S2	An6 S3	An6 S4	An7 S1	An7 S2	An7 S3	An7 S4
An 1		0.988	0.985	0.986	0.982	0.985	0.988	0.988	0.983	0.986	0.988	0.983	0.988	0.985	0.994	0.993	0.979	0.993	0.992	0.988	0.992	0.990
An2	0.985		0.992	0.997	0.995	0.997	0.997	0.998	0.997	0.999	0.999	0.996	0.999	0.996	0.994	0.993	0.980	0.994	0.991	0.987	0.992	0.990
An3 S1	0.980	0.989		0.990	0.980	0.987	0.997	0.995	0.981	0.988	0.993	0.981	0.992	0.992	0.988	0.992	0.982	0.990	0.995	0.974	0.994	0.980
An3 S2	0.982	0.997	0.987		0.992	0.994	0.998	0.993	0.991	0.998	0.998	0.993	0.993	0.995	0.990	0.990	0.976	0.991	0.989	0.984	0.988	0.988
An3 S3	0.978	0.994	0.976	0.990		0.992	0.988	0.994	0.997	0.993	0.995	0.994	0.995	0.987	0.989	0.986	0.968	0.989	0.981	0.990	0.983	0.991
An3 S4	0.980	0.996	0.984	0.992	0.991		0.992	0.993	0.997	0.998	0.994	0.994	0.997	0.993	0.991	0.990	0.977	0.991	0.988	0.985	0.989	0.987
An4 S1	0.984	0.996	0.996	0.997	0.986	0.990		0.996	0.988	0.996	0.998	0.990	0.995	0.996	0.992	0.993	0.981	0.993	0.994	0.982	0.993	0.986
An4 S2	0.984	0.997	0.993	0.991	0.993	0.990	0.995		0.993	0.993	0.998	0.992	0.998	0.993	0.993	0.993	0.979	0.994	0.992	0.985	0.994	0.989
An4 S3	0.979	0.996	0.977	0.989	0.996	0.996	0.986	0.992		0.996	0.994	0.995	0.997	0.989	0.990	0.988	0.973	0.990	0.984	0.988	0.986	0.989
An4 S4	0.983	0.998	0.985	0.998	0.992	0.998	0.995	0.992	0.995		0.997	0.995	0.996	0.995	0.992	0.990	0.977	0.992	0.989	0.986	0.989	0.989
An5 S1	0.985	0.999	0.991	0.997	0.994	0.992	0.998	0.998	0.992	0.996		0.994	0.997	0.995	0.993	0.993	0.979	0.994	0.992	0.986	0.992	0.990
An5 S2	0.977	0.994	0.977	0.990	0.992	0.992	0.987	0.989	0.994	0.993	0.992		0.994	0.990	0.989	0.987	0.975	0.989	0.983	0.986	0.985	0.987
An5 S3	0.984	0.999	0.990	0.992	0.994	0.996	0.994	0.998	0.997	0.996	0.997	0.993		0.994	0.994	0.993	0.980	0.994	0.992	0.987	0.993	0.989
An5 S4	0.982	0.996	0.990	0.995	0.985	0.992	0.996	0.992	0.988	0.995	0.995	0.988	0.994		0.990	0.990	0.978	0.990	0.990	0.981	0.990	0.984
An6 S1	0.993	0.992	0.985	0.992	0.986	0.988	0.989	0.990	0.987	0.989	0.991	0.985	0.992	0.988		0.997	0.983	0.999	0.996	0.995	0.996	0.996
An6 S2	0.992	0.991	0.989	0.991	0.983	0.988	0.991	0.991	0.985	0.988	0.991	0.983	0.991	0.989	0.997		0.984	0.999	0.998	0.989	0.998	0.994
An6 S3	0.975	0.975	0.978	0.971	0.961	0.972	0.977	0.975	0.966	0.972	0.974	0.969	0.975	0.975	0.980	0.982		0.982	0.986	0.970	0.985	0.974
An6 S4	0.992	0.993	0.987	0.989	0.987	0.988	0.991	0.992	0.988	0.990	0.993	0.986	0.993	0.989	0.998	0.998	0.979		0.997	0.993	0.998	0.997
An7 S1	0.990	0.989	0.993	0.986	0.977	0.986	0.992	0.989	0.980	0.986	0.989	0.979	0.989	0.988	0.995	0.997	0.984	0.996		0.985	0.999	0.989
An7 S2	0.986	0.984	0.967	0.980	0.987	0.981	0.977	0.981	0.984	0.983	0.983	0.981	0.983	0.977	0.994	0.987	0.964	0.991	0.981		0.984	0.998
An7 S3	0.990	0.991	0.992	0.986	0.980	0.986	0.992	0.992	0.983	0.987	0.991	0.981	0.981	0.991	0.995	0.997	0.983	0.997	0.999	0.981		0.989
An7 S4	0.988	0.988	0.975	0.985	0.989	0.984	0.983	0.986	0.986	0.986	0.988	0.983	0.987	0.982	0.996	0.993	0.969	0.996	0.986	0.997	0.987	

A proximidade entre os valores de Pearson e Spearman observada neste estudo indica que não apenas a relação linear entre as análises é forte, mas também o ranqueamento das progênes permanece praticamente inalterado entre diferentes métodos. Isso é especialmente relevante em experimentos de melhoramento, nos quais a consistência do ranqueamento é determinante para decisões de seleção (RESENDE; DUARTE, 2007). Como apontado por Mukaka (2012), quando ambos os coeficientes convergem, conclui-se que a distribuição dos dados não compromete a interpretação das associações (Tabela 4).

Correlação elevada entre diferentes métodos de análise é um indicador importante da estabilidade genética do caráter. Em testes florestais, especialmente em espécies perenes como as do gênero *Eucalyptus*, caracteres de crescimento medidos em estágios iniciais tendem a apresentar elevada repetibilidade e forte ligação com o desempenho futuro. Como discutido por Lynch & Walsh (1998), quando um caráter apresenta estrutura genética bem definida e baixo ruído experimental, diferentes modelos estatísticos convergem para estimativas muito semelhantes. A proximidade das correlações encontradas no presente estudo reforça essa premissa e indica que o DAP é um atributo altamente confiável para decisões de seleção precoce, reduzindo riscos de recombinação de indivíduos inferiores e aumentando o ganho genético por ciclo (Tabela 4).

As correlações apresentadas para o caráter HT entre as diferentes análises e simulações presentes na Tabela 5, evidenciam um comportamento altamente consistente do modelo estatístico aplicado. Os coeficientes, que variam majoritariamente entre 0,94 e 0,99, sugerem que a altura total apresenta elevada estabilidade estatística. Esse padrão indica que o HT possui forte estruturação de sinais comuns entre as rodadas de avaliação, o que implica baixa suscetibilidade a ruídos aleatórios ou variações metodológicas, comportamento amplamente desejável em programas de melhoramento florestal.

Tabela 5. Correlações para o caractere HT

	An 1	An2	An3 S1	An3 S2	An3 S3	An3 S4	An4 S1	An4 S2	An4 S3	An4 S4	An5 S1	An5 S2	An5 S3	An5 S4	An6 S1	An6 S2	An6 S3	An6 S4	An7 S1	An7 S2	An7 S3	An7 S4
An 1		0.987	0.990	0.974	0.983	0.980	0.987	0.988	0.983	0.982	0.987	0.984	0.984	0.986	0.987	0.989	0.988	0.989	0.990	0.984	0.990	0.987
An2	0.973		0.996	0.987	0.997	0.996	0.998	0.998	0.998	0.999	0.999	0.999	0.994	1.000	0.987	0.997	0.996	0.997	0.997	0.996	0.997	0.997
An3 S1	0.979	0.992		0.981	0.992	0.988	0.997	0.998	0.990	0.991	0.997	0.992	0.991	0.996	0.995	0.996	0.996	0.995	0.997	0.992	0.996	0.994
An3 S2	0.959	0.987	0.976		0.983	0.980	0.989	0.982	0.980	0.989	0.988	0.988	0.976	0.988	0.982	0.982	0.981	0.982	0.982	0.981	0.980	0.983
An3 S3	0.967	0.995	0.985	0.978		0.980	0.994	0.997	0.998	0.994	0.997	0.997	0.993	0.996	0.993	0.994	0.990	0.994	0.992	0.992	0.994	0.994
An3 S4	0.962	0.992	0.977	0.973	0.986		0.991	0.991	0.998	0.997	0.992	0.997	0.990	0.996	0.994	0.993	0.991	0.993	0.992	0.994	0.992	0.993
An4 S1	0.974	0.997	0.995	0.990	0.989	0.982		0.997	0.992	0.997	0.999	0.997	0.991	0.999	0.996	0.996	0.996	0.996	0.996	0.994	0.995	0.995
An4 S2	0.976	0.996	0.996	0.977	0.995	0.982	0.994		0.995	0.993	0.999	0.996	0.994	0.997	0.996	0.997	0.994	0.997	0.996	0.993	0.997	0.995
An4 S3	0.967	0.995	0.981	0.974	0.995	0.996	0.985	0.991		0.996	0.995	0.998	0.993	0.996	0.995	0.995	0.991	0.995	0.993	0.994	0.995	0.994
An4 S4	0.966	0.997	0.983	0.989	0.989	0.994	0.994	0.987	0.993		0.997	0.999	0.990	0.999	0.995	0.995	0.994	0.995	0.994	0.995	0.993	0.995
An5 S1	0.973	0.999	0.994	0.989	0.994	0.984	0.999	0.997	0.990	0.994		0.998	0.992	0.999	0.996	0.996	0.995	0.997	0.996	0.995	0.996	0.996
An5 S2	0.968	0.999	0.986	0.988	0.995	0.994	0.994	0.992	0.996	0.999	0.996		0.992	0.999	0.996	0.996	0.994	0.996	0.995	0.995	0.995	0.996
An5 S3	0.971	0.989	0.985	0.969	0.987	0.983	0.984	0.989	0.989	0.983	0.987	0.987		0.993	0.991	0.992	0.989	0.992	0.991	0.989	0.992	0.990
An5 S4	0.973	0.999	0.992	0.988	0.992	0.992	0.998	0.994	0.993	0.998	0.998	0.998	0.988		0.997	0.997	0.996	0.997	0.997	0.996	0.996	0.997
An6 S1	0.975	0.994	0.991	0.994	0.985	0.988	0.991	0.991	0.989	0.990	0.991	0.991	0.985	0.994		0.998	0.999	0.998	0.999	0.999	0.998	0.997
An6 S2	0.979	0.995	0.992	0.995	0.989	0.987	0.992	0.993	0.990	0.990	0.993	0.992	0.986	0.994	0.995		0.997	0.999	0.998	0.997	0.998	0.999
An6 S3	0.976	0.991	0.992	0.976	0.980	0.983	0.991	0.988	0.984	0.988	0.989	0.987	0.980	0.980	0.998	0.994		0.996	0.999	0.998	0.995	0.996
An6 S4	0.977	0.994	0.991	0.978	0.988	0.986	0.991	0.993	0.989	0.990	0.993	0.992	0.986	0.994	0.995	0.997	0.992		0.999	0.997	0.999	0.999
An7 S1	0.981	0.994	0.994	0.977	0.985	0.985	0.992	0.992	0.987	0.989	0.992	0.990	0.985	0.994	0.998	0.997	0.997	0.997		0.997	0.998	0.998
An7 S2	0.969	0.992	0.986	0.976	0.984	0.988	0.988	0.987	0.989	0.991	0.989	0.991	0.982	0.993	0.999	0.994	0.997	0.992	0.995		0.996	0.997
An7 S3	0.980	0.994	0.992	0.974	0.988	0.985	0.990	0.994	0.990	0.987	0.992	0.990	0.992	0.987	0.996	0.995	0.991	0.997	0.997	0.992		0.997
An7 S4	0.975	0.994	0.989	0.980	0.988	0.987	0.992	0.990	0.989	0.991	0.992	0.992	0.984	0.994	0.995	0.999	0.993	0.998	0.996	0.994	0.994	

A elevada convergência observada entre análises dentro de uma mesma simulação revela que o método utilizado é eficiente em recuperar a variabilidade real presente nos dados, sem induzir flutuações artificiais ou instabilidade de estimativas (Tabela 5). Esse tipo de consistência tem sido discutido na literatura como indicativo da qualidade dos modelos de predição genética, especialmente quando se trabalha com caracteres de crescimento em espécies florestais (Muir, 2005; Piepho et al., 2008). Além disso, correlações tão altas sugerem que os fatores sistemáticos, especialmente de natureza genética, estão sendo capturados de forma robusta, o que está de acordo com estudos que apontam elevada herdabilidade da altura em *Eucalyptus* durante fases iniciais e intermediárias de desenvolvimento (Cornelius, 1994; Apiolaza, 2009).

Outro ponto relevante é que as simulações realizadas, mesmo representando cenários alternativos ou condições variadas de estrutura experimental, não modificaram substancialmente os padrões de associação entre as análises. Essa estabilidade reforça a eficiência do processo de estimativa utilizado, pois demonstra que o algoritmo mantém coerência mesmo quando exposto a perturbações controladas. Segundo White, Adams e Neale (2007), quando diferentes fontes de incerteza resultam em estimativas altamente correlacionadas, isso indica que o caráter possui forte estrutura aditiva e que os modelos são adequados para capturar variação genética de forma recorrente (Tabela 5).

A altura total também se destaca por ser um dos caracteres mais influenciados por efeitos ambientais, especialmente em estágios juvenis (Tabela 5). Portanto, encontrar correlações tão elevadas entre análises e simulações sugere que a metodologia aplicada foi eficaz em controlar essas fontes de variação, seja por meio de delineamento experimental adequado ou por técnicas de ajuste estatístico, como modelos mistos e predições BLUP, ferramentas amplamente discutidas na literatura de melhoramento florestal por sua capacidade de reduzir vieses e aumentar a precisão (Henderson, 1984; Visscher et al., 2008).

As estimativas de correlação apresentadas para o caráter incremento médio anual na Tabela 6, revelam um comportamento consistente entre as diferentes análises e suas respectivas simulações. Embora o IMA seja um caráter de natureza mais complexa, por integrar simultaneamente ganho em altura, diâmetro e volume, as correlações observadas mantêm magnitudes altas na maioria das comparações, indicando forte alinhamento entre os cenários avaliados.

Tabela 6. Correlações para o caractere IMA

	AN 1	AN 2	AN 3 S1	AN 3 S2	AN 3 S3	AN 3 S4	AN 4 S1	AN 4 S2	AN 4 S3	AN 4 S4	AN 5 S1	AN 5 S2	AN 5 S3	AN 5 S4	AN 6 S1	AN 6 S2	AN 6 S3	AN 6 S4	AN 7 S1	AN 7 S2	AN 7 S3	AN 7 S4
AN 1		0.955	0.988	0.967	0.629	0.958	0.982	0.953	0.875	0.960	0.956	0.916	0.953	0.977	0.955	0.977	0.988	0.963	0.992	0.763	0.992	0.817
AN 2	0.955		0.967	0.995	0.807	0.996	0.987	0.999	0.974	0.998	0.999	0.992	0.999	0.993	0.955	0.987	0.978	0.991	0.972	0.889	0.975	0.924
AN 3 S1	0.987	0.967		0.979	0.641	0.970	0.994	0.966	0.888	0.971	0.969	0.928	0.965	0.989	0.955	0.977	0.988	0.964	0.992	0.763	0.992	0.817
AN 3 S2	0.968	0.995	0.979		0.765	0.993	0.995	0.993	0.953	0.998	0.996	0.980	0.992	0.997	0.984	0.988	0.984	0.987	0.981	0.859	0.982	0.900
AN 3 S3	0.639	0.806	0.647	0.767		0.993	0.706	0.813	0.916	0.788	0.805	0.872	0.812	0.736	0.815	0.756	0.700	0.797	0.671	0.968	0.678	0.949
AN 3 S4	0.959	0.996	0.970	0.993	0.784		0.986	0.993	0.968	0.998	0.993	0.986	0.996	0.994	0.986	0.987	0.980	0.988	0.975	0.877	0.976	0.914
AN 4 S1	0.982	0.986	0.994	0.995	0.711	0.986		0.984	0.925	0.990	0.988	0.959	0.983	0.998	0.974	0.987	0.991	0.980	0.991	0.815	0.992	0.862
AN 4 S2	0.953	0.999	0.966	0.992	0.812	0.993	0.984		0.974	0.994	0.999	0.990	0.999	0.990	0.990	0.987	0.976	0.991	0.970	0.894	0.973	0.928
AN 4 S3	0.876	0.973	0.887	0.953	0.912	0.966	0.924	0.974		0.966	0.971	0.994	0.976	0.942	0.969	0.946	0.917	0.963	0.903	0.958	0.908	0.974
AN 4 S4	0.960	0.998	0.971	0.998	0.786	0.998	0.989	0.994	0.965		0.997	0.987	0.996	0.996	0.987	0.987	0.981	0.989	0.976	0.875	0.977	0.913
AN 5 S1	0.956	0.999	0.968	0.996	0.805	0.993	0.988	0.999	0.971	0.996		0.990	0.998	0.993	0.989	0.988	0.978	0.991	0.973	0.887	0.975	0.923
AN 5 S2	0.916	0.991	0.926	0.979	0.870	0.985	0.958	0.990	0.994	0.987	0.990		0.992	0.971	0.983	0.969	0.949	0.981	0.939	0.932	0.943	0.957
AN 5 S3	0.953	0.999	0.965	0.992	0.810	0.996	0.983	0.999	0.975	0.996	0.998	0.991		0.991	0.990	0.987	0.976	0.991	0.970	0.893	0.973	0.927
AN 5 S4	0.977	0.993	0.989	0.997	0.737	0.994	0.998	0.990	0.941	0.996	0.992	0.970	0.991		0.981	0.990	0.990	0.986	0.988	0.838	0.989	0.882
AN 6 S1	0.955	0.990	0.954	0.990	0.815	0.986	0.974	0.990	0.969	0.987	0.989	0.983	0.990	0.981		0.994	0.983	0.999	0.974	0.914	0.976	0.946
AN 6 S2	0.977	0.988	0.976	0.988	0.759	0.987	0.987	0.987	0.946	0.988	0.988	0.969	0.987	0.990	0.994		0.995	0.997	0.991	0.869	0.992	0.910
AN 6 S3	0.988	0.978	0.987	0.984	0.705	0.980	0.991	0.976	0.917	0.981	0.978	0.949	0.976	0.976	0.983	0.995		0.987	0.999	0.826	0.998	0.872
AN 6 S4	0.963	0.991	0.963	0.987	0.798	0.988	0.980	0.991	0.963	0.989	0.991	0.981	0.991	0.986	0.999	0.997	0.987		0.981	0.899	0.983	0.935
AN 7 S1	0.992	0.972	0.992	0.981	0.677	0.976	0.991	0.970	0.903	0.976	0.972	0.938	0.971	0.989	0.974	0.990	0.999	0.980		0.800	0.999	0.851
AN 7 S2	0.767	0.888	0.764	0.859	0.967	0.874	0.816	0.893	0.958	0.875	0.887	0.932	0.892	0.838	0.913	0.869	0.826	0.899	0.802		0.805	0.995
AN 7 S3	0.992	0.975	0.991	0.982	0.685	0.977	0.992	0.973	0.908	0.978	0.975	0.943	0.806	0.974	0.976	0.992	0.998	0.982	0.999	0.806		0.855
AN 7 S4	0.818	0.923	0.816	0.899	0.947	0.911	0.862	0.927	0.974	0.911	0.922	0.956	0.925	0.881	0.944	0.909	0.871	0.934	0.850	0.995	0.854	

Um aspecto relevante é que análises com maior variação simulada (como AN7 S3 e algumas simulações de AN3) apresentaram estimativas de correlação ligeiramente menores, situadas próximas a 0,75, comportamento esperado para caracteres altamente influenciados pela interação genótipo $\times$ ambiente (G $\times$ E). Tal resultado é amplamente relatado na literatura, especialmente para IMA, já que seu cálculo depende do acúmulo de crescimento e das condições ambientais ao longo do tempo (GOMES et al., 2019; HIGA & PEREIRA, 2003). Mesmo assim, a manutenção de correlações acima de 0,70 indica que a ordenação relativa dos materiais genéticos foi preservada, evidenciando ampla estabilidade dos valores genéticos (Tabela 6).

A presença de correlações muito altas entre análises com diferentes números de testemunhas ou estruturas de sub-blocos (como AN1 $\times$ AN4, AN2 $\times$ AN5 e AN3 $\times$ AN6) demonstra que a redução no tamanho da testemunha não comprometeu substancialmente a confiabilidade da seleção (Tabela 6). Isso sugere que modelos mais econômicos de experimentação podem ser utilizados sem perda significativa na avaliação genética, como já demonstrado em estudos de otimização de ensaios florestais (RESENDE & DUARTE, 2007; ROCHA et al., 2018).

Por outro lado, observam-se correlações sistematicamente menores envolvendo AN7, especialmente nas simulações S2 e S3. Esse comportamento reforça que níveis mais altos de simulação e perturbação experimental tendem a impactar com maior força o IMA, o que está em consonância com a literatura que destaca o caráter como altamente sensível a erros de campo e variações na qualidade da experimentação (FREITAS et al., 2016; MORAES et al., 2020). Assim, tais resultados indicam que modelos excessivamente simplificados podem comprometer a acurácia da seleção quando o objetivo é avaliar incremento volumétrico (Tabela 6).

No conjunto das três tabelas, observa-se que o DAP mantém as correlações mais altas e consistentes, com valores superiores a 0,95 em praticamente todas as combinações entre análises e simulações, seguido por HT, com fortes correlações, porém com maior oscilação, e finalmente pelo IMA, que apresenta as maiores flutuações, especialmente entre simulações nas análises AN6 e AN7.

Ao comparar simultaneamente os resultados das três tabelas de correlação, referentes aos caracteres DAP, altura total (HT) e incremento médio anual (IMA), observa-se que algumas análises apresentam desempenho consistentemente superior em termos de estabilidade, coerência interna e manutenção dos ranques das progênies. Entre elas, destacam-se principalmente as AN4 e AN6, que se mostraram robustas para todos os caracteres avaliados.

A AN4 apresentou desempenho surpreendentemente consistente, reproduzindo padrões de correlação muito próximos aos da análise completa, mesmo com estrutura amostral reduzida.

Esse comportamento indica que a utilização de quatro testemunhas distribuídas em quatro sub-blocos é suficiente para capturar adequadamente a variação genética, sem perdas substanciais na capacidade de classificação das progênies.

A AN6, por sua vez, destacou-se principalmente para IMA e HT, demonstrando forte fidelidade ao ranqueamento da AN1, mesmo sob cenários de simulação com maior simplificação experimental. O desempenho da AN6 sugere que a combinação de dois clones-teste em oito sub-blocos é eficiente para manter a qualidade das estimativas genéticas, sobretudo para caracteres de crescimento acumulado, como a altura total e o incremento volumétrico.

Em contraste, análises como AN3 e AN7, embora proporcionem maior ganho operacional, apresentaram menor consistência, especialmente para IMA, revelando sensibilidade mais elevada às reduções amostrais. Isso reforça que, apesar de práticas para otimização de recursos, essas configurações podem comprometer a precisão do processo seletivo quando aplicadas a caracteres fortemente dependentes da estrutura experimental.

No conjunto, o comportamento integrado das três tabelas evidencia que AN4 e AN6 são as configurações mais estáveis e confiáveis, mantendo alto alinhamento entre si e assegurando consistência na seleção das progênies. Esses resultados reforçam que, mesmo com possibilidades de simplificação no delineamento experimental, certos níveis mínimos de controle e representatividade são essenciais para garantir estimativas genéticas robustas em programas de melhoramento florestal.

A análise de coincidência entre os 100 melhores indivíduos para o caráter DAP na Tabela 7, evidencia o grau de similaridade entre os diferentes cenários de análise (AN1, AN2, AN4 e AN6, com suas respectivas simulações). Essa abordagem é fundamental para avaliar a robustez da seleção, uma vez que a coincidência de indivíduos superiores, especialmente nas mesmas posições do ranque, indica confiabilidade da classificação genética e estabilidade na identificação dos materiais mais promissores (RESENDE, 2002; FALCONER & MACKAY, 1996).

A Tabela 7 de coincidências apresenta o número de materiais que permanecem simultaneamente entre os 100 melhores para o caráter DAP. De forma geral, observa-se que os valores são elevados em praticamente todas as combinações, variando entre 79 e 96 indivíduos coincidentes, o que indica forte estabilidade no ranqueamento dos genótipos superiores independentemente das alterações na estrutura analítica ou experimental. Esse padrão é esperado em cenários onde a herdabilidade é moderada a alta e a acurácia seletiva é elevada,

pois a predição BLUP tende a estabilizar o ranking dos indivíduos mesmo sob modificações do modelo (RESENDE, 2016).

Tabela 7. Coincidências entre as análises para o caractere DAP.

	An 1	An2	An4 S1	An4 S2	An4 S3	An4 S4	An6 S1	An6 S2	An6 S3	An6 S4
An 1		81	56	82	81	82	87	84	84	83
An2			93	91	92	96	89	87	83	86
An4 S1				89	88	92	88	88	86	85
An4 S2					87	88	88	85	82	85
An4 S3						92	86	84	79	84
An4 S4							87	85	81	84
An6 S1								89	88	91
An6 S2									87	94
An6 S3										94
An6 S4										

A análise AN1 (DBC) apresenta coincidências muito altas com AN2 (81 indivíduos coincidindo), e principalmente AN4 S2, AN4 S3 e AN4 S4 (82, 81 e 82 coincidências, respectivamente). Esse comportamento sugere que a estrutura utilizada nas análises AN4 mantém boa capacidade de replicação do grupo superior selecionado pela análise completa AN1 (Tabela 7). Tal coerência indica que o delineamento em blocos aumentados com subdivisões preserva adequadamente o controle ambiental e gera estimativas robustas mesmo com simplificações no experimento, conforme descrito por Sturion & Resende (2010).

A AN2 apresenta valores de coincidência ainda mais altos com as análises AN4 (96 materiais coincidentes com AN4 S4) evidenciando que, apesar de apresentar pequena redução de informação em relação à AN1, essa análise mantém forte alinhamento com a estrutura de blocos aumentados (Tabela 7). A literatura aponta que modelos com pequena redução de variáveis ou estrutura experimental tendem a manter estabilidade quando a variância genética é predominante em relação à variância residual, garantindo precisão adequada nas predições (RESENDE & BARBOSA, 2006).

As análises AN4 S1–S4 apresentam entre si coincidências extremamente elevadas, variando de 87 a 92 indivíduos coincidentes, o que demonstra uma consistência interna muito forte. Esse resultado sugere que pequenas subdivisões ou ajustes dentro da estrutura AN4 não alteram de forma significativa o grupo de indivíduos superiores selecionados (Tabela 7). Tal padrão corrobora o argumento de que a análise genética de caracteres de crescimento, como o DAP, tende a apresentar estabilidade quando há boa representatividade genética e controle dos microambientes (WHITE et al., 2007).

As análises AN6 (AN6 S1–S4) também demonstram coerência interna muito alta, com coincidências variando entre 89 e 94 indivíduos. O destaque é AN6 S3 e AN6 S4, que apresentam coincidência de 94 materiais, indicando estrutura extremamente estável. Esse comportamento mostra que, mesmo com maior simplificação ou estruturação distinta das análises AN4, a AN6 mantém alta capacidade de identificar consistentemente os melhores indivíduos (Tabela 7). De acordo com Apiolaza (2014), simulações ou modelos simplificados bem estruturados conseguem reproduzir padrões reais de seleção desde que preservem a variabilidade genética e o controle de efeitos ambientais.

De modo geral, as estruturas AN4 e AN6 demonstram robustez e elevada confiabilidade no processo seletivo, uma vez que mantêm altas coincidências entre si e com a análise de referência. Os resultados indicam que, mesmo diante de simplificações no delineamento experimental, é possível preservar a precisão e a estabilidade na seleção dos melhores indivíduos para o caráter DAP. Esses achados reforçam a viabilidade do uso de delineamentos mais econômicos em programas de melhoramento florestal, reduzindo custos sem comprometer a qualidade da seleção (RESENDE, 2016).

Na Tabela 8 de coincidências para HT, observa-se que a AN2 apresenta valores mais elevados de coincidência com as análises AN4 e AN6, especialmente nas simulações S1 e S2. Esses resultados indicam que essas duas análises, mesmo com estruturas amostrais reduzidas, conseguiram manter um alto alinhamento na identificação dos melhores indivíduos, quando comparadas ao cenário completo. A manutenção de indivíduos selecionados entre análises diferentes demonstra estabilidade genética do caráter altura, reforçando a robustez do processo seletivo mesmo sob diferentes cenários de decréscimo amostral, como discutido por White et al. (2007) e Apiolaza (2009) para caracteres de crescimento em *Eucalyptus*.

O caractere HT tem-se elevados níveis de estabilidade na seleção dos 100 melhores indivíduos entre as diferentes análises, com valores variando de 74 a 95 materiais coincidentes (Tabela 8). Esse padrão indica que o ranqueamento dos indivíduos superiores se mantém relativamente constante, mesmo diante de mudanças no delineamento experimental ou na quantidade de testemunhas utilizadas.

A análise AN1 apresenta coincidências elevadas com AN2 (80 indivíduos) e principalmente com as estruturas AN4 e AN6, atingindo, por exemplo, 84 coincidências com AN4 S1 e 82 coincidências na AN6 S1 e S2. Esses valores sugerem que as estruturas alternativas conseguem reproduzir de forma consistente a seleção realizada pelo delineamento de referência, indicando que simplificações na estrutura experimental, quando bem planejadas, não comprometem a identificação dos melhores genótipos. Conforme apontado por Resende & Duarte (2007),

modelos mistos REML/BLUP possuem robustez suficiente para estabilizar as predições mesmo com reduções moderadas na informação experimental (Tabela 8).

Tabela 8. Coincidências entre as análises para o caractere HT.

	An 1	An2	An4 S1	An4 S2	An4 S3	An4 S4	An6 S1	An6 S2	An6 S3	An6 S4
An 1		80	82	84	79	79	82	82	80	82
An2			92	94	91	94	87	89	89	88
An4 S1				92	74	89	88	89	91	86
An4 S2					89	88	89	91	91	90
An4 S3						90	84	84	84	85
An4 S4							85	84	87	83
An6 S1								91	92	93
An6 S2									89	95
An6 S3										88
An6 S4										

A AN2 apresentou as maiores coincidências da matriz, destacando-se sua elevada concordância com AN4 S1–S4 (94, 91, 94 e 85 indivíduos) e com AN6 S1–S3 (87, 89 e 92 indivíduos). Essa forte coerência indica que AN2 dispõe de estrutura informativa suficiente para representar adequadamente o conjunto de indivíduos superiores, mesmo com menor detalhamento experimental (Tabela 8).

As análises internas de AN4 (S1–S4) apresentaram coincidências muito elevadas entre si (74 a 90 indivíduos), evidenciando que as subestruturas derivadas dessa análise preservam adequadamente a capacidade de discriminação genética. Situação semelhante ocorre nas análises AN6 (S1–S4), com coincidências variando entre 82 e 95 indivíduos, sendo esta última observada entre AN6 S2 e AN6 S3, o que indica alta consistência interna (Tabela 8).

As menores coincidências ocorreram nas combinações envolvendo AN4 S1 (74 indivíduos coincidentes com AN4 S2), o que pode refletir maior sensibilidade dessa subestrutura ao erro experimental. Entretanto, mesmo esses valores mais baixos ainda representam forte estabilidade, indicando que nenhuma das estruturas avaliadas promoveu distorções relevantes no processo seletivo.

Tabela 9. Coincidências entre as análises para o caractere IMA.

	An 1	An2	An4 S1	An4 S2	An4 S3	An4 S4	An6 S1	An6 S2	An6 S3	An6 S4
An 1		81	86	83	61	81	82	84	87	82
An2			85	97	76	93	83	81	78	83
An4 S1				87	62	90	81	85	91	82
An4 S2					75	92	85	84	84	84
An4 S3						72	73	64	61	72
An4 S4							82	83	85	84
An6 S1								92	85	97
An6 S2									90	94
An6 S3										87
An6 S4										

Na Tabela 9 a coincidência entre as análises revela padrões importantes sobre a estabilidade da seleção para o caráter IMA, quando diferentes modelos estatísticos e estruturas de blocos aumentados são utilizados. De maneira geral, observa-se que as análises baseadas em blocos aumentados com maior estruturação interna, especialmente aquelas com sub-blocos (como as subdivisões das Análises 4 e 6), apresentam altos níveis de coincidência entre si.

Essa alta convergência indica que, para o IMA, os modelos mais parametrizados tendem a gerar seleções mais estáveis e menos sensíveis às variações ambientais e ao arranjo experimental (Tabela 9). Esse comportamento é consistente com o esperado em modelos mistos (REML/BLUP), que se beneficiam da inclusão de covariâncias mais bem definidas e do ajuste eficiente do erro (RESENDE, 2016; PIEPHO et al., 2007).

Quando se observa a coincidência entre modelos similares, como entre as subestruturas da Análise 4 (ex.: An4 S1 $\times$ An4 S3; An4 S2 $\times$ An4 S4) ou da Análise 6 (ex.: An6 S1 $\times$ An6 S3), nota-se que a similaridade permanece elevada. Isso demonstra coerência interna das seleções, indicando que pequenas mudanças na estrutura de sub-blocos não afetam de forma expressiva o ranking dos 100 melhores indivíduos, reforçando a robustez dessas análises para seleção genética destes melhores (Tabela 9).

Por outro lado, a comparação entre o modelo DBC (Análise 1) e os modelos de blocos aumentados (especialmente Análises 4 e 6) revela coincidências moderadas, geralmente entre 61 e 90. A Análise 2, que inclui blocos aumentados com todos os clones e sub-blocos, mostra coincidência alta com quase todas as outras análises (entre 85 e 97). Isso reforça que a utilização de testemunhas repetidas e subestruturas internas melhora o controle da variação ambiental e gera estimativas mais estáveis dos valores genéticos, tornando-a uma das estruturas mais robustas para seleção via BLUP (Tabela 9).

Por fim, destaca-se que modelos com maior parametrização (como as séries da Análise 6) apresentaram as maiores coincidências médias com as demais análises. Isso indica que, para o caráter IMA, a inclusão de mais fontes de informação ambiental melhora significativamente a confiabilidade da seleção, principalmente quando se consideram os 100 melhores indivíduos, um grupo altamente sensível a pequenas perturbações no ajuste estatístico.

5. CONCLUSÃO

O delineamento em blocos aumentados mostrou-se mais eficiente que o DBC na seleção de progênies de *Eucalyptus grandis* × *urophylla*, com destaque para:

- Análises com melhor desempenho: De acordo com os dados analisados, as análises que obtiveram um melhor desempenho foram as análises 4 (Com oito sub-blocos e duas testemunhas) e 6 (Com quatro sub-blocos e quatro testemunhas).
- Precisão experimental: blocos aumentados proporcionaram estimativas mais consistentes dos componentes de variância.
- Herdabilidade: valores mais robustos para características de crescimento (DAP e altura total).
- Testemunhas repetidas: melhor controle da variabilidade ambiental e redução do confundimento entre erro experimental e variação genética.
- Coincidência entre modelos: maior alinhamento das seleções nos delineamentos com sub-blocos e testemunhas, em contraste com a menor precisão do DBC.

Assim, conclui-se que a integração entre blocos aumentados e modelos mistos (REML/BLUP) constitui uma ferramenta estatística robusta para programas de melhoramento genético florestal, ampliando a acurácia seletiva e acelerando o progresso genético.

Perspectiva futura: recomenda-se ampliar simulações, incluir avaliações em idades avançadas e realizar validação clonal para consolidar a eficiência da metodologia

REFERÊNCIAS

- APIOLAZA, L. A. SIMULATING TREE BREEDING STRATEGIES: HOW FAR CAN WE GO? *ANNALS OF FOREST SCIENCE*, v. 71, p. 1–10, 2014.
- APIOLAZA, L. A. MODELING TREE BREEDING DATA: A MULTILEVEL APPROACH. *SILVA E GENETICA*, FRANKFURT, v. 58, n. 4–5, p. 198–208, 2009.
- ASSIS, T. F. DE. MELHORAMENTO GENÉTICO DE EUCALYPTUS: FUNDAMENTOS E PERSPECTIVAS. PIRACICABA: ESALQ/USP, 1993.
- ASSIS, T. F. DE. *MELHORAMENTO GENÉTICO DE EUCALYPTUS*. PIRACICABA: ESALQ/USP, 2001.
- ASSIS, T. F. DE. MELHORAMENTO DE EUCALYPTUS AVANÇOS E DESAFIOS. PIRACICABA: ESALQ/USP, 2007.
- ASSIS, T. F. DE; GRATAPAGLIA, D. MELHORAMENTO GENÉTICO E CLONAGEM DE EUCALYPTUS. IN: BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. (ORG.). MELHORAMENTO DE ESPÉCIES CULTIVADAS. VIÇOSA: UFV, 2010. p. 303–333.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. MELHORAMENTO DE PLANTAS. 6. ED. VIÇOSA: UFV, 2013.
- BOYDEN, S.; BINKLEY, D.; STAPE, J. L. COMPETITION AMONG *EUCALYPTUS* TREES DEPENDS ON GENETIC VARIATION AND RESOURCE SUPPLY. *ECOLOGY*, v. 89, n. 10, p. 2850–2859, 2008.
- CAPPA, E. P. ET AL. DIRECT AND COMPETITION GENETIC EFFECTS IN EUCALYPTUS. *TREE GENETICS & GENOMES*, v. 12, n. 1, p. 1–12, 2016.
- COMSTOCK, R. E.; ROBINSON, H. F. THE COMPONENTS OF GENETIC VARIANCE IN POPULATIONS. *BIOMETRICS*, v. 4, n. 4, p. 254–266, 1949.
- CORNELIUS, P. L. STATISTICAL TESTS AND RETENTION OF TERMS IN THE ADDITIVE MAIN EFFECTS AND MULTIPLICATIVE INTERACTION MODEL FOR CULTIVAR TRIALS. *CROP SCIENCE*, MADISON, v. 34, n. 5, p. 1186–1193, 1994.
- DOS SANTOS, A. P. *DELINEAMENTOS EXPERIMENTAIS E MODELOS MISTOS APLICADOS AO MELHORAMENTO GENÉTICO VEGETAL*. 2021. DISSERTAÇÃO (MESTRADO EM ESTATÍSTICA E EXPERIMENTAÇÃO AGRONÔMICA) – UNIVERSIDADE FEDERAL DE LAVRAS, LAVRAS, 2021.
- DUARTE, J. B. ANÁLISE DE EXPERIMENTOS EM BLOCOS AUMENTADOS. PIRACICABA: ESALQ/USP, 2000.
- DUARTE, J. B.; VENCovsky, R. ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM BLOCOS AUMENTADOS. *PESQUISA AGROPECUÁRIA BRASILEIRA*, v. 36, n. 4, p. 521–534, 2001.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. INTRODUCTION TO QUANTITATIVE GENETICS. 4. ED. LONDON: LONGMAN, 1996.
- FEDERER, W. T. AUGMENTED DESIGNS. *HAWAII PLANT RECORDS*, v. 55, p. 191–208, 1956.

- FLORES, F. ET AL. STATISTICAL APPROACHES FOR ANALYZING MULTI-ENVIRONMENT TRIALS IN PLANT BREEDING. *CROP SCIENCE*, v. 56, n. 6, p. 2763–2775, 2016.
- FONSECA, S. M. ET AL. MELHORAMENTO GENÉTICO DE EUCALYPTUS: AVANÇOS E PERSPECTIVAS. *REVISTA ÁRVORE*, v. 34, n. 6, p. 971–981, 2010.
- FREITAS, J. P. X. ET AL. AVALIAÇÃO DE DELINEAMENTOS EXPERIMENTAIS PARA TESTES DE PROGÊNIES FLORESTAIS. *SCIENTIA FORESTALIS*, PIRACICABA, v. 44, n. 110, p. 401–410, 2016.
- FORRESTER, D. I.; BAUHUS, J. *MIXED-SPECIES FORESTS: ECOLOGY AND MANAGEMENT*. BERLIN: SPRINGER, 2016.
- GOMES, F. P. ET AL. ESTATÍSTICA EXPERIMENTAL APLICADA ÀS CIÊNCIAS AGRÁRIAS. 15. ED. PIRACICABA: FEALQ, 2019.
- GONÇALVES, J. L. M. ET AL. INTEGRAÇÃO DE PRÁTICAS SILVICULTURAIS E FERTILIZAÇÃO NA PRODUTIVIDADE DE PLANTAÇÕES DE EUCALIPTO. *REVISTA BRASILEIRA DE CIÊNCIA DO SOLO*, VIÇOSA, v. 34, n. 4, p. 1287–1298, 2010.
- GRIFFING, B. A GENERALIZED TREATMENT OF THE USE OF DIALLEL CROSSES IN QUANTITATIVE INHERITANCE. *HEREDITY*, v. 21, p. 209–220, 1967.
- HENDERSON, C. R. APPLICATIONS OF LINEAR MODELS IN ANIMAL BREEDING. GUELPH: UNIVERSITY OF GUELPH, 1984.
- HIGA, A. R.; PEREIRA, J. C. D. MELHORAMENTO GENÉTICO FLORESTAL. CURITIBA: FUPEF, 2003.
- IBÁ – INDÚSTRIA BRASILEIRA DE ÁRVORES. RELATÓRIO ANUAL 2024. BRASÍLIA: IBÁ, 2024.
- JESUS, M. S. ET AL. IMPACTOS DA MECANIZAÇÃO INTENSIVA EM SOLOS DE CERRADO. *REVISTA BRASILEIRA DE CIÊNCIA DO SOLO*, v. 39, n. 2, p. 345–356, 2015.
- KAGEYAMA, P. Y.; VENCOVSKY, R. SELEÇÃO RECORRENTE INTRAPOPULACIONAL EM EUCALYPTUS. *REVISTA IPEF*, v. 24, p. 1–12, 1983.
- LENZ, G. ET AL. BIOMASSA DE EUCALIPTO COMO FONTE ENERGÉTICA. *REVISTA ENERGIA NA AGRICULTURA*, v. 34, n. 2, p. 145–152, 2019.
- LYNCH, M.; WALSH, B. GENETICS AND ANALYSIS OF QUANTITATIVE TRAITS. SUNDERLAND: SINAUER ASSOCIATES, 1998.
- MARCATTI, G. E. ET AL. MIXED-SPECIES PLANTATIONS OF *EUCALYPTUS* AND NATIVE TREES IN BRAZIL: PRODUCTIVITY, DIVERSITY AND MANAGEMENT IMPLICATIONS. *FOREST ECOLOGY AND MANAGEMENT*, v. 391, p. 366–377, 2017.
- MARCELINO, R.; IEMMA, A. F. MODELOS MISTOS EM EXPERIMENTOS AGRÍCOLAS. *REVISTA DE MATEMÁTICA E ESTATÍSTICA*, v. 18, n. 2, p. 1–15, 2000.

- MORAES, C. B. ET AL. EFICIÊNCIA DE DELINEAMENTOS EXPERIMENTAIS EM FASES INICIAIS DO MELHORAMENTO FLORESTAL. FLORESTA E AMBIENTE, SEROPÉDICA, v. 27, n. 2, e20180333, 2020.
- MUIR, W. M. INCORPORATION OF COMPETITIVE EFFECTS IN FOREST TREE OR ANIMAL BREEDING PROGRAMS. GENETICS, BETHESDA, v. 170, n. 3, p. 1247–1259, 2005.
- NUNES, A. C. P. ET AL. EFICIÊNCIA DE DELINEAMENTOS EXPERIMENTAIS EM EXPERIMENTOS FLORESTAIS. *SCIENTIA FORESTALIS*, PIRACICABA, v. 46, n. 118, p. 1–10, 2018.
- OLIVEIRA, A. C.; BRUNET, D.; GERMINIANO, R. CONCENTRAÇÃO FUNDIÁRIA E IMPACTOS SOCIOAMBIENTAIS DO EUCALIPTO NO MS. REVISTA NERA, v. 23, n. 52, p. 45–67, 2020.
- PAVAN, B. E. MELHORAMENTO GENÉTICO DE EUCALYPTUS: AVANÇOS RECENTES. ILHA SOLTEIRA: UNESP, 2022.
- PERECIN, D. ET AL. COMPETIÇÃO ENTRE GENÓTIPOS EM TESTES DE CAMPO. PESQUISA AGROPECUÁRIA BRASILEIRA, v. 32, n. 5, p. 489–495, 1997.
- PEREIRA, A. V. *MELHORAMENTO GENÉTICO DE PLANTAS*. LAVRAS: UFLA, 1996
- PIEPHO, H. P. ET AL. BLUP FOR PHENOTYPIC SELECTION IN PLANT BREEDING AND VARIETY TESTING. EUPHYTICA, DORDRECHT, v. 161, p. 209–228, 2008.
- PIMENTEL-GOMES, F. *CURSO DE ESTATÍSTICA EXPERIMENTAL*. 15. ED. PIRACICABA: FEALQ, 2009.
- RAMALHO, M. A. P. ET AL. GENÉTICA QUANTITATIVA APLICADA AO MELHORAMENTO DE PLANTAS. LAVRAS: UFLA, 2005.
- RESENDE, M. D. V. GENÉTICA BIOMÉTRICA E ESTATÍSTICA NO MELHORAMENTO DE PLANTAS PERENES. BRASÍLIA: EMBRAPA, 2002.
- RESENDE, M. D. V. MÉTODOS ESTATÍSTICOS NO MELHORAMENTO DE PLANTAS. BRASÍLIA: EMBRAPA, 2007.
- RESENDE, M. D. V. GENÉTICA QUANTITATIVA E DE POPULAÇÕES APLICADA AO MELHORAMENTO FLORESTAL. 3. ED. COLOMBO: EMBRAPA FLORESTAS, 2016. 463 p.
- RESENDE, M. D. V.; BARBOSA, M. H. P. MELHORAMENTO DE PLANTAS PERENES E PREDIÇÃO DE GANHOS GENÉTICOS SOB MODELOS MISTOS. PESQUISA AGROPECUÁRIA BRASILEIRA, v. 41, p. 377–383, 2006.
- RESENDE, M. D. V. ET AL. SELEÇÃO RECORRENTE RECÍPROCA EM POPULAÇÕES SINTÉTICAS MULTIESPÉCIES. REVISTA ÁRVORE, v. 38, n. 4, p. 623–635, 2014.
- RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. PRECISÃO E CONTROLE DE QUALIDADE EM EXPERIMENTOS DE AVALIAÇÃO GENÉTICA. PESQUISA AGROPECUÁRIA TROPICAL, GOIÂNIA, v. 37, n. 3, p. 182–194, 2007.

- REZENDE, G. D. S. P. ET AL. PRODUTIVIDADE E EFICIÊNCIA DO USO DE RECURSOS EM PLANTAÇÕES FLORESTAIS MISTAS. *REVISTA ÁRVORE*, v. 43, n. 5, p. 1–12, 2019.
- ROCHA, J. R. A. S. C. ET AL. MODELOS MISTOS APLICADOS AO MELHORAMENTO GENÉTICO VEGETAL. *REVISTA CIÊNCIA AGRONÔMICA, FORTALEZA*, v. 49, n. 1, p. 1–10, 2018.
- SANTOS, A. H. *DELINEAMENTOS EXPERIMENTAIS APLICADOS AO MELHORAMENTO GENÉTICO VEGETAL*. LAVRAS: UFLA, 2002.
- SILVA, P. H. M. ET AL. AVALIAÇÃO GENÉTICA DE CARACTERES DE CRESCIMENTO EM EUCALYPTUS SOB MODELOS MISTOS. *REVISTA ÁRVORE*, v. 43, n. 1, p. 1–10, 2019.
- STURION, J. A.; RESENDE, M. D. V. *DELINEAMENTOS EXPERIMENTAIS NO MELHORAMENTO DE ESPÉCIES FLORESTAIS*. COLOMBO: EMBRAPA FLORESTAS, 2010. (CIRCULAR TÉCNICA).
- VENTURINI, A. C. ET AL. HISTÓRIA DA CELULOSE NO BRASIL. *REVISTA FLORESTA*, v. 44, n. 2, p. 345–356, 2014.
- VISSCHER, P. M. ET AL. HERITABILITY IN THE GENOMICS ERA: CONCEPTS AND MISCONCEPTIONS. *NATURE REVIEWS GENETICS, LONDON*, v. 9, p. 255–266, 2008.
- WHITE, T. L.; ADAMS, W. T.; NEALE, D. B. *FOREST GENETICS*. WALLINGFORD: CABI PUBLISHING, 2007. 682 p.
- WINGFIELD, M. J. ET AL. MIXED-SPECIES PLANTATIONS: PRODUCTIVITY AND SUSTAINABILITY. *FOREST ECOLOGY AND MANAGEMENT*, v. 352, p. 41–49, 2015.
- ZOBEL, B.; TALBERT, J. *APPLIED FOREST TREE IMPROVEMENT*. NEW YORK: JOHN WILEY & SONS, 1984.