

UNIVERSIDAD NACIONAL
FACULTAD DE CIENCIAS DE LA TIERRA Y EL MAR
ESCUELA DE CIENCIAS AMBIENTALES

**CRECIMIENTO DE CLONES DE MELINA (*Gmelina arborea* ROXB.)
EN CAÑAZA, PACÍFICO SUR DE COSTA RICA**

Tesis con formato artículo científico sometida a consideración del Tribunal Examinador de la Escuela de Ciencias Ambientales de la Universidad Nacional para optar al grado de Licenciatura en Ingeniería en Ciencias Forestales con énfasis en Manejo Forestal.

JEAN CARLO GARRO FUENTES

Heredia, Costa Rica

Julio, 2021

Trabajo de graduación aprobado por el Tribunal Examinador de la Escuela de Ciencias Ambientales de la Universidad Nacional, para optar al grado de Licenciatura en Ingeniería en Ciencias Forestales con énfasis en Manejo Forestal.

MIEMBROS DEL TRIBUNAL EXAMINADOR

.....
M.Sc. Fabio Chaverri Fonseca

Decano a.i. de la Facultad de Ciencias de la Tierra y el Mar

.....
Ph.D. Federico Alice Guier

Representante Dirección EDECA

.....
M.Sc. Rafael Murillo Cruz

Tutor

.....
M.Sc. Carlos Ávila Arias

Lector

.....
Dr. William Fonseca González

Lector

.....
Bach. Jean Carlo Garro Fuentes

Postulante del trabajo

Dedicatoria

El trabajo realizado se lo dedico a **DIOS**, por concederme capacidad, perseverancia y salud para concluir mi título universitario

También, se lo dedico a mi **familia**, en especial, a mi madre María Elena y a mi padre Eduardo Asdrúbal, que siempre me brindaron su apoyo, cariño y amor. A mis hermanos, Karen y Eduardo, porque siempre estuvieron ahí cuando los necesitaba.

Agradecimientos

Al Instituto de Investigación y Servicios Forestales de la Universidad Nacional de Costa Rica (**INISEFOR-UNA**), por la oportunidad que me dieron de hacer mi trabajo final de graduación.

A mi tutor de tesis, **Rafael Murillo Cruz**, por ayudarme, transmitirme sus conocimientos y brindarme el apoyo para llevar a cabo este documento

A mis lectores, **Carlos Ávila Cruz** y **William Fonseca**, por el apoyo en la revisión de este trabajo y por siempre estar dispuestos a ayudarme en los aspectos científicos.

A **Marielos Alfaro**, que siempre creyó en mí y me motivó a salir adelante.

Índice general

Contenido	Páginas
1. RESUMEN GENERAL	6
2. GENERAL ABSTRACT.....	7
3. INTRODUCCIÓN GENERAL.....	8
4. REFERENCIAS.....	9
5. ARTÍCULOS COMPLETOS.....	11
5.1 Comportamiento de clones de <i>Gmelina arborea</i> Roxb. en Cañaza de Puerto Jiménez, pacífico sur de Costa Rica.....	11
Resumen.....	11
Abstract.....	12
Introducción.....	13
Materiales y métodos	14
Descripción del sitio y diseño experimental.....	14
Resultados y discusión	17
Conclusiones.....	29
Referencias	30
5.2. Modelación de variables dasométricas de un conjunto clonal de <i>Gmelina arborea</i> Roxb. en Cañaza, Pacífico sur de Costa Rica.....	33
Resumen.....	33
Abstract.....	34
Introducción.....	34
Materiales y métodos	36
Descripción del sitio y diseño experimental.....	36
Resultados y discusión	43
Conclusiones.....	59
Referencias	60
6. CONCLUSIONES GENERALES	64
7. Anexos	65
Anexo 1	65
Anexo 2	65
Anexo 3	66

Índice de cuadros

Contenido	Páginas
Cuadro 1. Ganancia fenotípica en las variables altura y volumen totales para los clones de <i>G. arborea</i> procedentes de Cañaza, zona sur de Costa Rica a los 53 meses.	17
Cuadro 2. Ganancia fenotípica en las variables diámetro a la altura de pecho y altura dominante para los clones de <i>G. arborea</i> procedentes de Cañaza, zona sur de Costa Rica a los 53 meses.	20
Cuadro 3. Posición con respecto al índice de escogencia en una escala de 0-1, de cada clon de <i>G. arborea</i> procedentes de Cañaza, zona sur de Costa Rica, en los meses 13, 26, 35, 41 y 53.	24
Cuadro 4. Posición con respecto al índice de escogencia en una escala de 0-1, de cada clon de <i>G. arborea</i> procedentes de Cañaza, zona sur de Costa Rica, en las variables Ht, Vt, Hdom y DAP en el mes 53.	26
Cuadro 5. Modelos de regresión ajustados en cada una de las variables (Ht, Hdom, Vt y DAP), para los mejores 5 clones evaluados en la plantación de <i>G. arborea</i> en Cañaza, Puerto Jiménez, Costa Rica.	51
Cuadro 6. Estadísticos EEE, EMA, DW, IF, AIC y PRESS, para los mejores 5 clones evaluados en las variables Hdom, Ht, DAP y Vt, de la plantación de <i>G. arborea</i> en Cañaza, Puerto Jiménez, Costa Rica.	53

Índice de figuras

Contenido	Páginas
Figura 1. Diseño experimental en bloques completos al azar de <i>G. arborea</i>	15
Figura 2. Desempeño de los genotipos de <i>G. arborea</i> en Cañaza, Puerto Jiménez, Costa Rica.	20
Figura 3. Gráfico del modelo ajustado de Hdom ($m arb^{-1}$) para el conjunto completo de <i>G. arborea</i> de Cañaza, zona sur de Costa Rica.	43
Figura 4. Gráfico del modelo ajustado de Ht ($m arb^{-1}$) para el conjunto completo de <i>G. arborea</i> de Cañaza, zona sur de Costa Rica.	45
Figura 5. Gráfico del modelo ajustado de DAP ($cm arb^{-1}$) para el conjunto completo de <i>G. arborea</i> de Cañaza, zona sur de Costa Rica.	47
Figura 6. Gráfico del modelo ajustado de Vt ($m^3 arb^{-1}$) para el conjunto completo de <i>G. arborea</i> de Cañaza, zona sur de Costa Rica.	49
Figura 7. Contrastaste de curva de altura dominante de los mejores 5 clones de <i>G. arborea</i> con curvas de índice de sitio publicadas.	57

Crecimiento de clones de Melina (*Gmelina arborea*) en Cañaza, Pacífico sur de Costa Rica

1. RESUMEN GENERAL

Para reducir los tiempos de cosecha en la producción forestal, es de gran importancia la selección y la evaluación de individuos que posean características deseables, tanto en forma como en crecimiento. El objetivo de esta investigación consiste en evaluar el crecimiento de un conjunto de clones de *G. arborea* ubicada en Cañaza, Pacífico sur de Costa Rica. Se realizó el análisis de varianza (ANDEVA) para datos no balanceados en cada una de las variables, asimismo, se aplicó la prueba de medias de Tuckey ($\alpha = 0,05$), como comparador múltiple que permitió identificar diferencias significativas entre los clones y testigos evaluados. El promedio de cada clon fue categorizado respecto al índice de escogencia en una escala de 0-1 para cada una de las variables evaluadas. Se desarrollaron ecuaciones y curvas para proyectar el crecimiento en diámetro a la altura de pecho (DAP), altura total (Ht), altura dominante (Hdom) y volumen total (Vt) del conjunto clonal completo y de cada uno de los mejores 5 clones, utilizando el programa estadístico Statgraphics Centurion versión XVI. Se encontró hasta un 18% de ganancia fenotípica para volumen total. Se identificó, además, que el 74 % de los genotipos son iguales o superiores a la media poblacional. Se registró para el conjunto clonal completo un Incremento Medio Anual en diámetro a la altura de pecho (DAP) por árbol de (IMA arb⁻¹) de 5,14 cm año⁻¹, en altura total de 5,67 m año⁻¹ y para volumen total de 0,1110 m³ año⁻¹. Los genotipos 7, 9, 4, 12 y 3; fueron los que registraron mejor crecimiento en todas las variables evaluadas con un promedio a los 53 meses de 23,1 cm en DAP, 25,51 m en Ht, 29,10 m en Hdom y 0,4345 m³ árb⁻¹ en Vt. Para el conjunto clonal completo, se desarrollaron modelos que describen la evolución del DAP ($R^2=81,0\%$); Vt ($R^2=85,7\%$); Ht ($R^2=94,6\%$) y la Hdom ($R^2=98,6\%$). Se determinó un DAP de 22,1 cm, Ht de 24,02 m y una Hdom de 27,01 m para el conjunto clonal a los 53 meses de edad. Se registraron diferencias estadísticamente significativas entre clones para el DAP y Vt, pero no para Ht y Hdom. Para el conjunto clonal completo, se identificaron relaciones estadísticamente significativas ($p<0,05$) en función a la edad para las variables altura total, altura dominante, diámetro a la altura de pecho y volumen total. Lo anterior permitió generar modelos que predicen la Hdom, Ht y DAP con errores estándar menores de 0,093.

Palabras clave: categorización de clones, ganancia fenotípica, modelos de regresión, variables dasométricas, *Gmelina arborea* (Roxb.), Pacífico sur, Costa Rica.

Growth of Melina clones (*Gmelina arborea*) in Cañaza, South Pacific of Costa Rica

2. GENERAL ABSTRACT

To increase forest productivity while reducing harvest times, the selection and evaluation of individuals that have desirable characteristics both in shape and growth is of great importance. The objective of this research is to evaluate the growth of a set of *G. arborea* clones located in Cañaza, South Pacific of Costa Rica. The analysis of variance (ANOVA) was performed for unbalanced data in each of the variables, likewise, the Tuckey's mean test ($\alpha = 0.05$) was applied, as a multiple comparator that allowed to identify significant differences between the clones and witnesses evaluated. The average of each clone was categorized with respect to the choice index on a scale of 0-1 for each of the variables evaluated. Equations and curves were developed to project the growth in Dbh, Ht, Hdom and Vt of the complete clonal set and of each of the best 5 clones, using the statistical program Statgraphics Centurion version XVI. Up to 18 % phenotypic gain was found for total volume. It was also identified that 74 % of the genotypes are equal to or greater than the population mean. A Mean Annual Increment per tree of (IMA arb⁻¹) in Dbh of 5.14 cm year⁻¹, in total height of 5.67 m year⁻¹ and for total volume of 0.1110 m³ year⁻¹ was registered for the complete clonal set. Genotypes 7, 9, 4, 12 and 3 registered the best growth in all the variables evaluated with an average at 53 months of 23.1 cm in Dbh, 25.51 m in Ht, 29.10 m in Hdom and 0.4345 m³ tree in Vt. For the complete clonal ensemble, models were developed that describe the evolution of Dbh ($R^2 = 81.0 \%$); Vt ($R^2 = 85.7 \%$); Ht ($R^2 = 94.6 \%$) and Hdom ($R^2 = 98.6 \%$). A Dbh of 22.1 cm, Ht of 24.02 m and a Hdom of 27.01 m were determined for the clonal group at 53 months of age. Statistically significant differences were recorded between clones for Dbh and Vt, while for Ht and Hdom, no statistically significant differences were found. For the complete clonal set, statistically significant relationships ($p < 0.05$) were identified in the variables total height, dominant height, diameter at breast height, and total volume as a function of age. This allowed generating models that predict Hdom, Ht and Dbh with standard errors of less than 0.093.

Keywords: clone categorization, phenotypic gain, regression models, dasometric variables, *Gmelina arborea* (Roxb.), South Pacific, Costa Rica.

3. INTRODUCCIÓN GENERAL

Las plantaciones forestales iniciaron en Costa Rica hace poco más de 35 años con especies como *Tectona grandis* (teca), *Gmelina arborea* (melina), *Cupressus* (ciprés) (cortinas rompevientos) y *Alnus acuminata* (jaúl). Estas abrieron un mercado en el procesamiento y uso de la madera de diámetros menores; y al ser especies de rápido crecimiento, se convirtieron en una alternativa para la producción de madera en turnos de rotación menor. Inicialmente, no se dio el manejo adecuado, ni se utilizó material seleccionado o mejorado y, por esta razón, se cosechó madera de mala calidad, torcida, bifurcada y con nudos muertos; finalmente, no se logró obtener la cantidad ni calidad esperada.

En Costa Rica, las especies que tienen mayor potencial productivo considerando aspectos de mercado y desarrollo tecnológico, son la teca y melina. La teca, por sus excelentes características y durabilidad, hace que el mercado indio sea una opción de venta, además del mercado nacional por su uso en mueblería, construcciones navales, muelles, etc., (Hine, 2011). La melina, por su rápido crecimiento, se ha venido consolidando en el mercado nacional de tarimas para embalaje (Barrantes y Ugalde, 2019).

Las plantaciones de *G. arborea* se han convertido en una solución como fuente de materia prima para la industria, a nivel nacional e internacional (PROECEN, 2002), supliendo las necesidades crecientes de madera para uso industrial (aserrío, construcción en general, tarimas principalmente, leña, vigas, muebles, etc.) (Musálem, 2005). Alfaro (2000) afirma que se encuentra plantada en zonas con precipitaciones de 4500 mm y de 2 meses secos al año, hasta sitios con menos de 1000 mm. Con temperaturas de 18 °C a 38°C y altitudes incluso a los 600 m. La especie se desarrolla favorablemente en sitios con una topografía plana u ondulada (Murillo y Valerio, 1991), además, puede desarrollarse en suelos ligeramente ácidos y lixiviados, alcalinos o calcáreos (Cruz y Garza, 2003).

Torres y Magaña (2001) señalan la importancia de la evaluación de plantaciones forestales mediante la aplicación de métodos para recopilar información de una o varias características de la especie. Ávila, Murillo, Murillo y Sandoval (2015) añaden que es

necesario realizar evaluaciones del crecimiento y forma de los materiales genéticos de melina. En concordancia con estos autores, la investigación debe generar información que aporte a las respuestas de las siguientes preguntas: ¿el sector forestal costarricense está en la capacidad de producir lo que el país necesita?, ¿los clones mejorados de melina pueden sufragar una parte de esta necesidad?, ¿la selección de los mejores clones puede mejorar el desempeño del crecimiento en el sitio? Todas estas interrogantes surgen al ser un tema de interés a nivel país en el ámbito científico y productivo, principalmente en zonas rurales.

El objetivo del presente estudio es evaluar el crecimiento de un conjunto de clones de *Gmelina arborea* en Cañaza, en el Pacífico sur de Costa Rica, para categorizar el desarrollo por medio del diámetro a la altura de pecho (DAP), la altura total (Ht), la altura dominante (Hdom) y volumen total (Vt), en el mes 13, 26, 35, 41 y 53, para determinar los clones superiores a la media. Además, desarrollar ecuaciones de proyección en DAP, Ht, Hdom y Vt, para el conjunto clonal completo y para cada uno de los mejores 5 genotipos.

Los siguientes artículos están elaborados tomando como referencia las normas de publicación de la Revista Forestal Mesoamericana Kurú.

4. REFERENCIAS

- Alfaro, C. (2000). Melina: «la madera del futuro». *Revista Forestal Centroamericana*, 29(1), 34-38.
- Ávila, C., Murillo, R. y Murillo, O. (2015). Selección de clones superiores de dos conjuntos genéticos de *Gmelina arborea* en el Pacífico Sur de Costa Rica. *Revista de Ciencias Ambientales*, 49(1), 17. <https://doi.org/10.15359/rca.49-1.2>
- Barrantes, A. y Ugalde, S. (2019). Informe de usos y aportes de la madera en Costa Rica. Estadísticas del 2014 (ONF). San José, Costa Rica.
- Cruz, M. y Garza, A. (2003). La melina, establecimiento y aprovechamiento *en la Huasteca Potosina* (Primera edición). San Luis Potosí, México, D.F.: INIFAR-CIRNE.

- Hine, A. (2011). Crioconservación de germoplasma de *Hyeronima alchorneoides* (Pilón) y *Tectona grandis*. (Tesis de postgrado). UCR, San José, Costa Rica.
- Murillo, O. y Valerio, J. (1991). Melina (*Gmelina arborea*) especie de árbol de uso múltiple en América Central. Turrialba, CATIE, Costa Rica.
- Musálem, M. (2006). Silvicultura de plantaciones forestales comerciales. Universidad Autónoma Chapingo. Chapingo, México.
- PROECEN. (2002). Importancia de la poda en el manejo de las plantaciones forestales (Vol. 2). Comayagua, Honduras: Centro de Comunicaciones, FHIA.
[http://www.itto.int/files/user/pdf/publications/PD%2022%2099/pd22-99-p1-3%20rev2\(F\)%20s.pdf](http://www.itto.int/files/user/pdf/publications/PD%2022%2099/pd22-99-p1-3%20rev2(F)%20s.pdf)
- Torres, R. y Magaña, T. (2001). Evaluación de Plantaciones Forestales. México, D.F.: Editorial Limusa.

5. ARTÍCULOS COMPLETOS

5. 1 Comportamiento de clones de *Gmelina arborea* Roxb. en Cañaza de Puerto Jiménez, Pacífico sur de Costa Rica

Behavior of *Gmelina arborea* Roxb. clones in Cañaza de Puerto Jiménez, south Pacific of Costa Rica

Resumen

[Introducción]: En Costa Rica, debido a la variabilidad genética de melina, se han desarrollado proyectos de selección y mejoramiento desde inicio de los años 90. Lo anterior ha permitido la determinación de conjuntos genéticos superiores, de mayor volumen y de mejor calidad del árbol. Actualmente, varias empresas privadas y universidades públicas continúan con el proceso de refinamiento de clones. **[Objetivo]:** Categorizar el desarrollo de un conjunto de clones de melina, por medio de la evaluación del diámetro a la altura de pecho (DAP), altura total (Ht), altura dominante (Hdom) y el volumen total (Vt) a la edad de 13, 26, 35, 41 y 53 meses, para determinar los clones superiores a la media. **[Metodología]:** Para la ganancia fenotípica, se calculó la media poblacional del conjunto genético completo en Ht, Hdom, DAP y Vt, y se comparó con el crecimiento promedio de cada clon. Asimismo, se realizó un análisis de varianza (ANDEVA) en cada una de las variables Ht, Hdom, DAP y Vt, y una prueba de medias de Tuckey ($\alpha = 0,05$). Se utilizó el programa estadístico InfoStat versión 2008. El índice de escogencia para la categorización del desarrollo del conjunto clonal se desarrolló tomando el promedio de cada clon y testigo por variable (Ht, Hdom, DAP y Vt), todos fueron llevados a una misma escala, para que puedan ser comparadas, evaluadas y sumadas. **[Resultados]:** Se encontró que los clones 7, 1 y 2 registraron mayor ganancia (%) con respecto a la media poblacional en Vt (18 %, 16 % y 10 %, respectivamente), en Ht los clones 7, 4 y 2 reportan un aumento de hasta un 3 %. Se identificaron los genotipos 7, 9, 4, 12, 3, 5, 6, 8, 13 y 11 como los mejores candidatos para incluirlos dentro de programas de mejoramiento genético y seguir reproduciéndolos. Los clones seleccionados se encuentran en un rango de crecimiento de 28,21 m a 29,10 m en Hdom y de 22,8cm a 23,6 cm en DAP. **[Conclusiones]:** El desarrollo fenotípico de los clones producidos por el INISEFOR fue superior a los genotipos testigo. Se registraron ganancias fenotípicas superiores al 15%. Los mejores dos clones registraron promedios de hasta 29,10 m de altura dominante.

Palabras clave: categorización de clones, ganancia fenotípica, variables dasométricas, *Gmelina arborea* (ROXB.), Costa Rica.

Abstract

[Introduction]: In Costa Rica, due to the genetic variability of melina, selection and improvement projects have been developed since the beginning of the 90s. This has allowed the determination of superior genetic sets, of greater volume and better quality of the tree. Currently several private companies and public universities continue with the process of refining clones. **[Objective]:** Categorize the development of a set of melina clones, by evaluating the diameter at breast height (Dbh), total height (Ht), dominant height (Hdom) and total volume (Vt) at the age of 13, 26, 35, 41 and 53 months, to determine the clones above the average. **[Methodology]:** For phenotypic gain, the population mean of the complete genetic set in Ht, Hdom Dbh and Vt was calculated and compared with the average growth of each clone. Likewise, an analysis of variance (ANDEVA) was performed in each of the variables Dbh, Ht, Hdom and Vt, and a Tuckey's mean test ($\alpha = 0.05$). The statistical program InfoStat version 2008 was used. The index of choice for the categorization of the development of the clonal group was developed taking the average of each clone and witness per variable (Ht, Dbh, Hdom and Vt), all were taken to the same scale, so that they can be compared, evaluated and added. **[Results]:** It was found that clones 7, 1 and 2 registered greater gain (%) with respect to the population mean in Vt (18%, 16% and 10%, respectively), in Ht, clones 7, 4 and 2 report an increase in up to 3%. Genotypes 7, 9, 4, 12, 3, 5, 6, 8, 13 and 11 were identified as the best candidates to include them in genetic improvement programs and continue to reproduce them. The selected clones are found in a growth range of 28.21 m to 29.10 m in Hdom and from 22.8 cm to 23.6 cm in Dbh. **[Conclusions]:** The phenotypic development of the clones produced by INISEFOR was superior to the witness genotypes. Phenotypic gains of more than 15% were recorded. The best two clones registered averages of up to 29.10 m in dominant height.

Keywords: clone categorization, phenotypic gain, dasometric variables, *Gmelina arborea* (Roxb.), Costa Rica.

Introducción

En Costa Rica, las plantaciones forestales son la fuente principal de materia prima para la industria forestal. Se estima que el 77,6 % de la madera que se consume proviene de esta actividad, y de ahí la importancia de la producción de madera [1]. *G. arborea* es la segunda especie forestal más utilizada en Costa Rica para reforestación con fines comerciales, con 18 235,1 ha, correspondiente al 20 % del área total plantada [2].

Esta especie fue introducida a nuestro país, debido a que existen condiciones edafológicas y climáticas favorables para su desarrollo. Asimismo, por las características que presenta la madera, se ha venido consolidando en el mercado nacional de la construcción, mueblería, tarimas para embalaje, etc., [1]. Posee un alto potencial de rendimiento y se encuentra entre las diez especies forestales de mayor influencia comercial en el país. En parte, debido a los avances en el manejo silvicultural y mejoramiento genético [3].

Los mejores sitios para el establecimiento de plantaciones de *G. arborea* se ubican en las partes bajas de los terrenos, porque, por lo general, tienen mayor disponibilidad de agua y nutrientes [4]. De igual forma, los mejores sitios para el buen desarrollo de la especie en Costa Rica son aquellos en donde la cantidad de arcilla está por debajo del 40 % para permitir que el suelo drene adecuadamente [5].

Algunos autores han reportado el rendimiento y crecimiento de *G. arborea* para diferentes índices de sitio, y todos concuerdan con que una correcta selección de los individuos puede ser clave para el éxito en un programa de silvicultura [6], [7]. Algunos de estos autores, [7] indican que es necesario evaluar tanto variables dasométricas como la calidad de los materiales genéticos de melina que se establecen en el campo con fines comerciales, para aumentar la productividad y generar mejores rendimientos a la hora de la cosecha final.

Es por esta razón que los genetistas forestales recurren a evaluar y seleccionar los mejores árboles, basado en alguna característica de interés económico. Por lo general, se utiliza el volumen comercial, y aunque la selección se realice a una edad temprana, lo que se busca es mejorar la producción de volumen a la edad de rotación [8]. Por su parte

[9], añade que se deben seleccionar los genotipos que registran características físicas deseables dentro de la población.

[10] apunta que, para la selección de una procedencia, es importante partir en función de las características fenotípicas, uniformidad y variables dasométricas, con el propósito de identificar los mejores promedios por procedencia y así determinar individuos fenotípicamente superiores.

Fundamentado en lo anterior, el objetivo de la presente investigación fue evaluar el crecimiento de un conjunto de clones de *G. arborea* en Cañaza, en el Pacífico sur de Costa Rica, con base en el comportamiento del desarrollo diamétrico (DAP), de la altura total (Ht), de la altura dominante (Hdom) y del volumen total (Vt) en los meses 13, 26, 35, 41 y 53. Con esta evaluación se espera determinar los clones superiores a la media del conjunto clonal y así seleccionar los genotipos que registran el mayor desempeño.

Materiales y métodos

Descripción del sitio y diseño experimental

El estudio se llevó a cabo en un ensayo clonal de *G. arborea* establecido por el Instituto de Investigación y Servicios Forestales de la Universidad Nacional de Costa Rica (INISEFOR-UNA). Se encuentra ubicado en la localidad de Monterrey (conocido como Cañaza), distrito Puerto Jiménez, cantón Golfito, provincia Puntarenas, en la zona sur de Costa Rica. El área presenta una precipitación media anual entre 3500 mm a 4000 mm, una temperatura media anual de 24 °C a 28 °C [11] y una altitud de 20 msnm. Presenta suelos inceptisoles de origen aluvial. La región está clasificada como bosque muy húmedo premontano transición a basal [12].

EL ensayo fue establecido con clones que pertenecen a la base genética del INISEFOR-UNA. Se utilizó un diseño experimental de bloques completos al azar (BCA), con 15 clones, 4 testigos y 6 bloques. Dentro de cada bloque, se incluyeron seis individuos de cada clon, ubicados en parejas aleatoriamente (Figura 1).

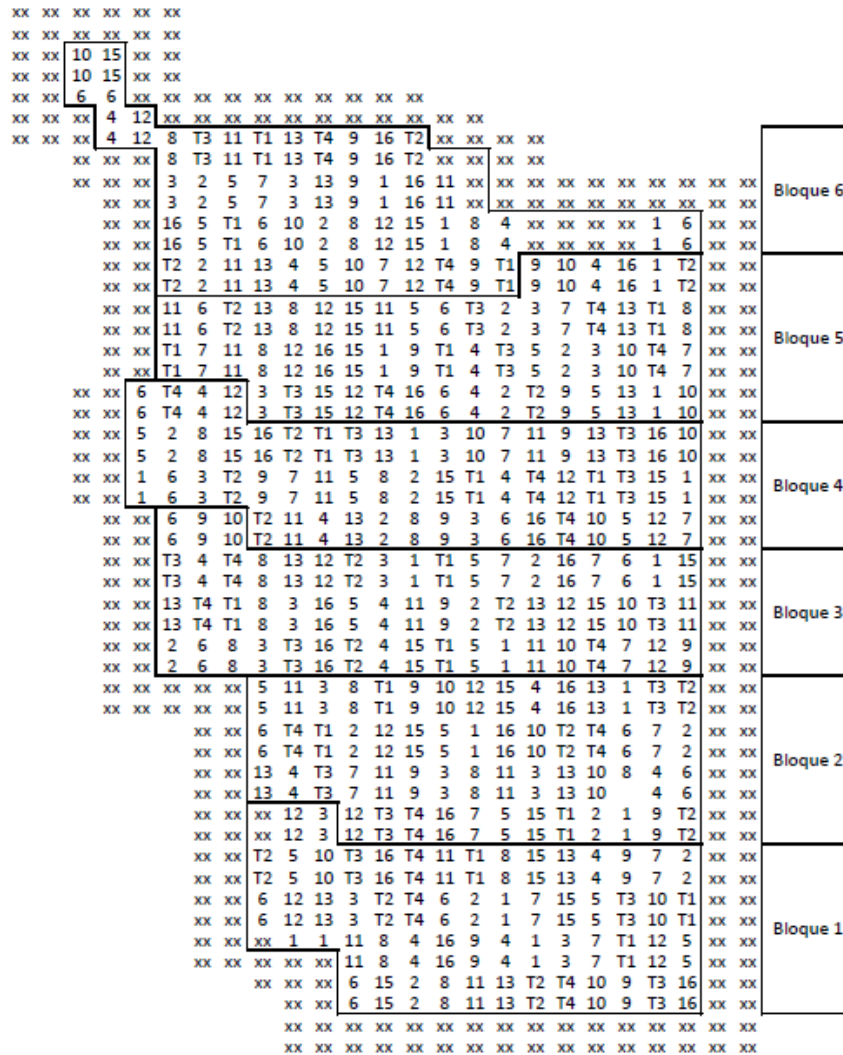


Figura 1. Diseño experimental en bloques completos al azar de *G. arborea*.

Figure 1. Randomized complete block experimental design of *G. arborea*.

Variables evaluadas

Diámetro a la altura de pecho (DAP cm arb⁻¹): medido con una cinta diamétrica de lona a 1,3 m sobre el nivel del suelo.

Altura total (Ht m arb⁻¹): se estimó con un clinómetro Suunto, tomando el ángulo a la base y a la copa a una distancia conocida del árbol. Se calculó mediante la ecuación 1:

$$Ht = (\text{TAN}(\text{ángulo base}) + \text{TAN}(\text{ángulo copa})) * \text{distancia (m)} \quad (1)$$

Volumen total ($V_t \text{ m}^3 \text{ arb}^{-1}$): se estimó con la ecuación 2:

$$V_t = \left(\frac{DAP \text{ (cm)}}{100} \right)^2 * 0,7854 * H_t * 0,403 \quad (2)$$

Donde:

$V_t \text{ (m}^3 \text{ arb}^{-1}\text{)}$: volumen total

$DAP \text{ (cm arb}^{-1}\text{)}$: diámetro a la altura de pecho

$H_t \text{ (m arb}^{-1}\text{)}$: altura total

0,043: factor mórfico

Factor mórfico: se calculó tomando como referencia 50 árboles de melina, se midió el diámetro en la base, luego, a 1,3 m (DAP); la tercera medición a 3 m, la cuarta a 4,5 m y así secuencialmente cada 1,5 m hasta completar la totalidad del árbol.

Ganancia fenotípica de los clones a los 53 meses

Se calculó la media poblacional (conjunto genético de clones, incluyendo los testigos) para H_t , H_{dom} DAP y V_t , y se comparó contra el crecimiento de cada clon. La evaluación de la H_{dom} se realizó con base en el concepto desarrollado por [13]: “es aquella representada por los árboles más altos y más gruesos por hectárea, generalmente el 10 % de los árboles de la plantación”. Además, se aplicó un índice de escogencia basado en el 70 % del aporte de la altura y el 30 % del aporte del diámetro, lo que permite excluir los árboles altos y delgados, así como los bajos y gruesos.

Análisis estadístico

Se realizó un análisis de varianza (ANDEVA) para datos no balanceados en cada una de las variables DAP, H_t , H_{dom} y V_t . Posteriormente, se aplicó la prueba de medias de Tukey ($\alpha = 0,05$), como comparador múltiple que permite identificar diferencias significativas entre los clones y testigos evaluados. Lo anterior, una vez verificado el cumplimiento de los tres enunciados de la estadística paramétrica de los datos.

Posición de los clones con respecto al índice de escogencia en una escala de 0-1, en los meses 13, 26, 35, 41 y 53

El índice de escogencia del conjunto genético establecido en Cañaza de Puerto Jiménez se desarrolló tomando el promedio de cada clon y testigo por variable (Ht, DAP, Hdom y Vt). Al presentar cada una de ellas una distinta escala, todas fueron llevadas a una misma entre 0 – 1, donde 0 es el valor menos deseable y 1 el más deseable [14]. Así pueden ser comparadas, evaluadas y sumadas.

La nueva escala se consiguió comparando (dividiendo) el valor promedio de un genotipo (cada clon y testigos) entre el valor máximo de cualquiera de los genotipos (15 clones y 4 testigos) de cada variable (DAP, Ht, Hdom y Vt). La escala de 0-1 se calcula mediante la ecuación 3.

$$\text{Escala base 0-1} = \frac{\text{Promedio de genotipo por variable} \times 1}{\text{Valor máximo de un genotipo}} \quad (3)$$

Una vez homologadas las variables bajo la misma escala numérica, se realizó la sumatoria que corresponde al **factor de selección**. Este indica cuáles clones presentan el mejor desarrollo por medición en cada variable evaluada y permite identificar los genotipos superiores a la media de la población.

Resultados y discusión

En el Cuadro 1 se presenta el porcentaje de ganancia fenotípica, sobre y bajo la media poblacional para cada uno de los genotipos establecidos en Cañaza, Puerto Jiménez, basado en su desarrollo en relación con la Ht y el Vt.

Cuadro 1. Ganancia fenotípica en las variables altura y volumen totales para los clones de *G. arborea* procedentes de Cañaza, zona sur de Costa Rica a los 53 meses.

Table 1. Phenotypic gain in the variables total height and total volume for *G. arborea* clones from Cañaza, southern Costa Rica at 53 months.

Altura total (m arb ⁻¹)			Volumen total (m ³ arb ⁻¹)		
Clon	Media	Superioridad fenotípica (%)	Clon	Media	Superioridad fenotípica (%)
7	25,82 a	3	7	0,4929 a	18
4	25,76 a	3	1	0,4869 ab	16
5	25,59 a	2	2	0,4620 ab	10
12	25,51 a	2	5	0,4589 ab	9
9	25,50 a	2	3	0,4406 ab	5
2	25,44 a	2	6	0,4372 ab	4
11	25,32 a	1	8	0,4366 ab	4
6	25,16 a	1	4	0,4294 ab	2
1	25,12 a	0	15	0,4212 ab	0
T2	25,11 a	0	13	0,4158 ab	-1
8	25,04 a	0	10	0,4090 ab	-2
T3	25,00 a	0	9	0,4051 ab	-3
3	24,98 a	0	12	0,4045 ab	-4
13	24,91 a	0	16	0,4016 ab	-4
15	24,86 a	-1	T1	0,3966 ab	-5
10	24,82 a	-1	11	0,3820 ab	-9
T1	23,82 a	-5	T3	0,3699 ab	-12
16	23,77 a	-5	T2	0,3696 ab	-12
T4	23,72 a	-5	T4	0,3504 b	-16
Promedio	25,01			0,4195	

Letras iguales representan que no existe diferencia en las medias de las poblaciones evaluadas.

Superioridad fenotípica (%): ganancia con respecto a la media poblacional.

Equal letters represent that there is no difference in the means of the evaluated populations.

Phenotypic Superiority (%): Gain with respect to the population mean.

El Cuadro 1 muestra que en Ht, no existen diferencias estadísticas significativas entre clones y los testigos. Sin embargo, los clones n° 7 y 4 presentan un 3 % más de ganancia fenotípica con respecto a la media poblacional (25,01 m, con una desviación estándar de 0,60 m). Caso contrario, el clon 16 y los testigos 1 y 4 (T1 y T4), presentan un desarrollo inferior (5 %) bajo la media poblacional. Se identificó que el 42 % de los clones fueron superiores al promedio. No hay diferencias significativas en Ht, porque todo el material,

inclusive los testigos, están creciendo bien con un promedio al mes 53 de 25,01m de Ht y con buena calidad genética.

Para Vt los clones 7 y 1 registraron una ganancia fenotípica de 18 % y 16 %, respectivamente, con respecto a la media poblacional ($0,4195 \text{ m}^3 \text{ árb}^{-1}$, con una desviación estándar $0,0412 \text{ m}^3 \text{ árb}^{-1}$). Caso contrario, los testigos 3, 2 y 4 presentaron hasta 16 % menos Vt (Cuadro 1). Fundamentado en el desempeño en Vt de los clones procedentes de Cañaza zona sur, se identificaron los genotipos 7 y 1 como candidatos para mantenerlos en un programa de mejoramiento genético. [15], apunta que el éxito de un programa de mejoramiento genético radica en la selección de individuos genéticamente superiores a la media poblacional [16]. Para proyectos de reforestación se escogieron los clones 7, 1, 2, 5 y 3, que son los únicos que conservan ganancia superior al 4 % respecto a la media poblacional.

Datos similares reporta [17] en su estudio en filipinas con 11 clones de *Gmelina arborea*, del cual identificó dos genotipos que obtuvieron ganancias fenotípicas en Vt superior al 15%. De la misma manera, seleccionaron cinco clones que se ubicaron por encima de la media poblacional, y se consideraron para proyectos de reforestación. Por otra parte, reportaron seis genotipos que se ubicaron por debajo de la media poblacional, y no fueron recomendados para despliegue operativo. Los resultados obtenidos en dicho estudio determinan la eficacia de la selección clonal temprana (9 meses), los cuales se replican hasta los 72 meses con los mismos dos clones seleccionados [17]. Lo anterior comprueba que este tipo de selección a edades tempranas resultan fiables a la hora de establecer un programa de mejoramiento genético [8].

[18], menciona que el mejoramiento genético se ha convertido en la mejor opción para aumentar el rendimiento comercial de las plantaciones y permite, no solo aumentar productividad y calidad, sino también la reducción del tiempo de turno de rotación. Por su parte [8] apunta que la eficiencia de un programa de reproducción forestal está directamente relacionada con el tiempo requerido para obtener ganancias genéticas.

La Figura 2 muestra el desarrollo en volumen total $\text{m}^3 \text{ arb}^{-1}$, al mes 53 del conjunto clonal y testigos. La línea paralela a eje "x" simboliza la media poblacional.

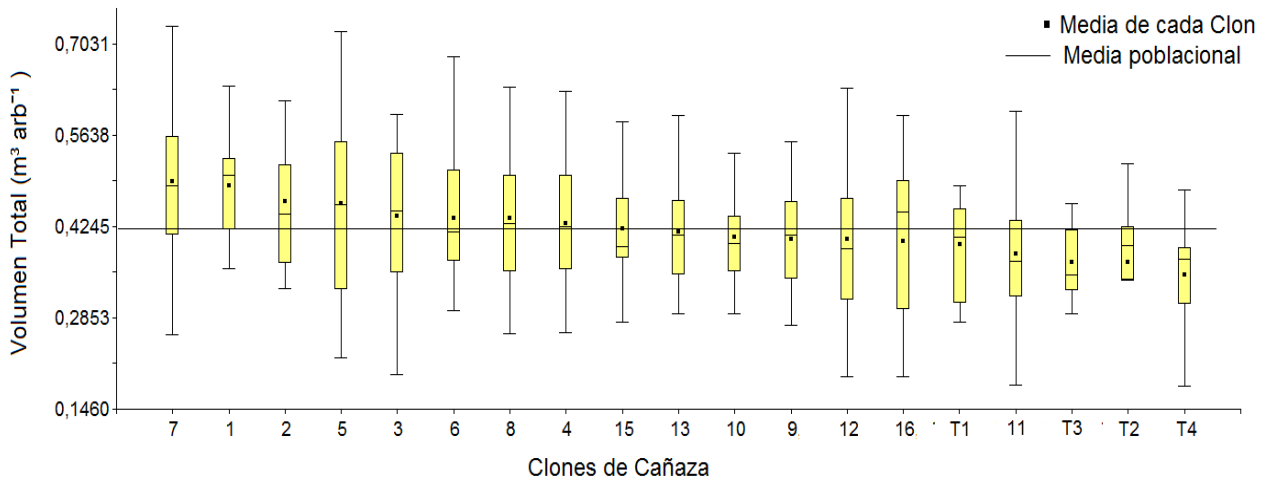


Figura 2. Desempeño de los genotipos de *G. arborea* en Cañaza, Puerto Jiménez, Costa Rica.

Figure 2. Performance of *G. arborea* genotypes in Cañaza, Puerto Jiménez, Costa Rica.

Los clones 7, 1, 2, 5, 3, 6, 8 y 4 se posicionaron por encima de la media poblacional y los testigos por debajo del promedio. Sin embargo, los testigos presentan datos en crecimiento que coinciden con algunos de los obtenidos en el mejor clon y viceversa. Hay cifras de crecimiento del mejor genotipo (7) dentro del rango de datos de los testigos. Lo anterior significa, en primer lugar, que las características de suelo y genética podrían ser de buena calidad y, en segundo, que la variable genética es muy afectada por condiciones de micro-sitio [19]. Por tanto, la preparación del terreno debe ser lo más homogénea posible para expresar el potencial genético de una manera uniforme.

En el Cuadro 2, se presenta el porcentaje de ganancia fenotípica, sobre y bajo la media poblacional para cada uno de los genotipos establecidos en Cañaza, Puerto Jiménez, basado en su desarrollo en relación con el DAP y la Hdom.

Cuadro 2. Ganancia fenotípica en las variables diámetro a la altura de pecho y altura dominante para los clones de *G. arborea* procedentes de Cañaza, zona sur de Costa Rica a los 53 meses.

Table 2. Phenotypic gain in the variables diameter at breast height and dominant height for *G. arborea* clones from Cañaza, southern Costa Rica at 53 months

Diámetro (cm arb ⁻¹)			Altura dominante (m arb ⁻¹)		
Clon	Media	Superioridad fenotípica (%)	Clon	Media	Superioridad fenotípica (%)
2	24,5 a	8	4	30,08 a	8
10	23,6 ab	4	5	29,46 a	6
9	23,6 ab	4	12	29,40 a	6
7	23,6 ab	4	7	29,05 a	5
1	23,6 ab	4	9	28,69 a	3
6	23,2 ab	2	3	28,30 a	2
8	23,2 ab	2	11	28,22 a	2
12	23,0 abc	1	13	27,90 a	1
4	22,9 abc	1	8	27,87 a	0
11	22,8 abc	0	2	27,85 a	0
T3	22,7 abc	0	6	27,85 a	0
5	22,7 abc	0	16	27,43 a	-1
15	22,7 abc	0	10	27,29 a	-2
16	22,7 abc	0	T2	26,62 a	-4
13	22,6 abc	-1	15	26,55 a	-4
3	22,3 abc	-2	T3	26,39 a	-5
T2	21,2 bc	-7	T4	26,25 a	-5
T1	20,9 bc	-8	T1	26,25 a	-5
T4	20,2 c	-11	1	26,01 a	-6
Promedio	22,7			27,76	

Letras iguales representan que no existe diferencia en las medias de las poblaciones evaluadas.
Superioridad fenotípica (%): Ganancia con respecto a la media poblacional.
DAP (cm): Diámetro a la altura de pecho.

Equal letters represent that there is no difference in the means of the evaluated populations.
Phenotypic Superiority (%): Gain with respect to the population mean
Dbh (cm): Diameter at chest height.

El DAP mostró diferencias estadísticamente significativas entre el clon 2 y los testigos 2, 1 y 4 (Cuadro 2). El genotipo 2 tiene un 8 % sobre la media poblacional (22,7 cm con una desviación estándar de 1,1 cm), seguido de los clones n°10, 9, 7 y 1, que registraron un 4 % mayor a la media. Por el contrario, los testigos 2, 1 y 4 son inferiores hasta en un 11 %. El 47 % de los genotipos fue superior al promedio.

En el DAP se obtuvieron valores promedios desde 20,2 cm hasta los 24,5 cm, en la altura total se encontraron crecimientos de 23,72 m hasta 25,82 m y el volumen total varió desde

0,3504 m³ árb⁻¹ hasta 0,4929 m³ árb⁻¹. El conjunto clonal completo de este estudio registró los siguientes valores de IMA arb⁻¹ (Incremento Medio Anual por árbol): DAP de 5,14 cm año⁻¹, altura total de 5,67 m año⁻¹ y volumen total de 0,1110 m³ año⁻¹. [17] reporta valores, en melina, del IMA en DAP de 4,1 cm año⁻¹ y en altura total de 3,60 m año⁻¹; comparando los resultados de [17] con los encontrados en el estudio de Cañaza, resultaron ser hasta 24 % y 55 % inferior en DAP y Ht respectivamente. A pesar de que en ambos estudios se utilizaron clones, las diferencias en crecimiento podrían estar determinadas por una buena selección de individuos que realizó el INISEFOR para el establecimiento de la plantación, así como por las buenas condiciones edáficas que presenta el sector Cañaza (Anexo 1 y 2).

Mientras tanto [9], en una plantación de melina de tres años en México, reportó un IMA en DAP de 3,5 cm año⁻¹, en altura total de 2,40 m año⁻¹ y en volumen total de 0,0116 m³ año⁻¹; siendo estos resultados muy inferiores a los reportados en el estudio de Cañaza. Estas diferencias se deben al material genético con que se estableció la plantación (semilla procedente de Costa Rica). Además, las condiciones edafoclimáticas del sitio también contribuyen en este resultado, al presentarse suelos vertisoles pélicos, arcillosos, color negro y un promedio de precipitación anual de 1 500 mm [9]; condiciones que son inferiores a lo encontrado en la zona de Cañaza (Anexo 4).

Por su parte [8], con un ensayo clonal de melina en Cariari de Pococí, provincia de Limón, reportó un DAP promedio de 21 cm a los 2,8 años, mostrando así, un IMA de 7,5 cm año⁻¹ en DAP; siendo este resultado superior a lo obtenido en el estudio de Cañaza. Las diferencias podrían estar determinadas por las condiciones del sitio (topografía plana, pendientes menores al 5%), material genético (clones), preparación del terreno (mecánica), fertilización (10-30-10, 50 g por planta) al momento de la siembra, precipitación (entre 4000mm – 5000 mm), entre otros.

[16], menciona que el DAP es altamente influenciada por el efecto ambiental y no tanto por valores hereditarios, sin embargo, no se debe dejar de lado individuos con diámetros superiores. [20], apunta que considerar el DAP a edades tempranas podría ser aconsejable para lograr maximizar la ganancia genética. El desempeño de los árboles tanto en DAP como en altura, es altamente influenciado por la densidad, preparación del

suelo, establecimiento de los árboles, así como del manejo de la plantación; estas acciones causan importantes cambios en el desarrollo de los árboles, básicamente cuando existen agentes externos que pueden afectar el crecimiento de los individuos [7].

Según [16] la altura dominante es mejor criterio de selección en árboles jóvenes, ya que se ven bajamente influenciados por la competencia en la plantación. Por tanto, un buen indicador de superioridad en volumen y crecimiento del individuo [16]. En Hdom (Cuadro 2), no se encontraron diferencias estadísticamente significativas. A pesar de ello, el genotipo 4 presenta mayor ganancia fenotípica (8 %) con respecto a la media poblacional (27,76 m, con una desviación estándar de 1,23 m). Seguido por el clon 5 y 12, ambos con 6 % más en Hdom. Caso contrario, el testigo 3, 4, 1 y el clon 1; resultaron ser hasta con 6 % menos en Hdom.

El comportamiento de los clones está estrechamente relacionado a varios mecanismos que pueden intervenir en el desempeño. Además de los antes mencionados, se puede aludir a la heredabilidad-control genético, que se refiere a las características deseables que se transmiten desde los paternos a la descendencia [21].

En el Cuadro 3, se muestra el factor de selección respecto al índice de escogencia en una escala de 0-1 y la posición que presenta cada clon procedente de Cañaza, zona sur de Costa Rica, desde el mes 13 hasta el 53.

Cuadro 3. Posición con respecto al índice de escogencia en una escala de 0-1, de cada clon de *Gmelina arborea* procedentes de Cañaza, zona sur de Costa Rica, en los meses 13, 26, 35, 41 y 53

Table 3. Position with respect to the selection index on a scale of 0-1, of each clone of *Gmelina arborea* from Cañaza, southern Costa Rica, in months 13, 26, 35, 41 and 53

Factor de selección					Clon
Mes 13	Mes 26	Mes 35	Mes 41	Mes 53	
5,0 (2)	4,8 (2)	4,8 (11)	4,8 (9)	4,8 (7)	7
4,8 (16)	4,7 (10)	4,8 (2)	4,7 (5)	4,7 (9)	9
4,7 (12) == == == >	4,7 (12) == == == >	4,8 (9)	4,7 (4) == == == >	4,6 (4) == == == >	4
4,7 (10)	4,6 (9)	4,7 (7)	4,7 (11)	4,6 (12) == == == >	12
4,7 (5)	4,6 (4) == == == >	4,7 (4)	4,7 (12) == == == >	4,6 (3)	3
4,6 (8)	4,6 (5) == == == >	4,7 (5)	4,7 (7)	4,6 (5) == == == >	5
4,6 (3)	4,6 (7)	4,6 (12) == == == >	4,7 (2)	4,6 (6)	6
4,6 (11)	4,6 (13) == == == >	4,6 (13) == == == >	4,7 (13) == == == >	4,5 (8)	8
4,6 (4)	4,6 (11)	4,6 (8)	4,6 (3)	4,5 (13) == == == >	13
4,6 (7)	4,6 (16)	4,6 (16)	4,6 (8)	4,4 (11)	11
4,6 (9)	4,6 (8)	4,6 (3)	4,6 (16)	4,3 (2)	2
4,6 (13)	4,5 (3)	4,5 (10)	4,5 (6)	4,2 (16)	16
4,5 (15)	4,5 (6)	4,5 (6)	4,5 (10)	4,2 (1)	1
4,5 (1)	4,4 (1)	4,2 (15)	4,1 (1)	4,1 (10)	10
4,5 (6)	4,3 (15)	4,2 (1)	4,1 (15)	4,0 (15)	15
3,9 (T1)	4,1 (T1)	4,0 (T1)	4,1 (T1)	3,9 (T1)	T1
3,8 (T2)	4,0 (T2)	4,0 (T2)	4,0 (T3)	3,8 (T2)	T2
3,8 (T3)	4,0 (T3)	4,0 (T3)	4,0 (T2)	3,8 (T3)	T3
3,7 (T4)	3,9 (T4)	4,0 (T4)	3,9 (T4)	3,7 (T4)	T4
4,5	4,5	4,5	4,5	4,30	Media

En el Cuadro 3, se observa que al mes 13, 12 genotipos (el 63 %) se encuentran por encima de la media poblacional (4,5 de factor de selección), con un promedio de 11,2 cm en DAP, 8,2 m en Ht, 0,034 m³ arb⁻¹ en Vt y 8,8 m en Hdom. También, se determinó que los genotipos superiores a la media resultaron un 23 % mayor al promedio de los testigos. El genotipo 2 fue el mejor, con un factor de selección de 5,0, un DAP de 12,3 cm, 8,40 m de Ht, un Vt de 0,041 m³ arb⁻¹ y 9,12 m de Hdom. Fue seguido por el clon 16 con un factor de selección de 4,8, un DAP de 11,4 cm, 8,20 m de Ht, un Vt de 0,035 m³ arb⁻¹ y una Hdom de 9,01 m.

Los testigos, al mes 26, son 13,2 % inferiores a la media del factor de selección del conjunto genético. Además, se identificó que 11 genotipos son superiores a la media poblacional (58 %) (Cuadro 3), con un promedio de 17,6 cm de DAP, 16,81 m de Ht, 0,1685 m³ arb⁻¹ de Vt y 18,10 m de Hdom, los cuales son 17 % mayor que los testigos.

Al mes 26, el clon 2 registró el factor de selección más alto (4,8) (Cuadro 3), un DAP de 19,5 cm, una Ht de 16,83 m, un Vt de 0,2051 m³ arb⁻¹ y 18,31 m de Hdom; seguido por el genotipo 10 con un factor de selección de 4,7; 18,8 cm de DAP, 17,02 m de Ht, 0,1938 m³ arb⁻¹ de Vt y 18,32 m de Hdom. Para *G. arbórea* en la India, [22] reportó un crecimiento de DAP y Ht a los 24 meses de edad de 7,2 cm y 5,17 m, respectivamente. Al comparar los resultados obtenidos, los genotipos de la india reflejan diferencias hasta 69 % inferior, en comparación a los clones evaluados en Cañaza. En el estudio realizado por [22], se evaluó en una etapa relativamente temprana (24 meses), cuando el potencial genético no se ha evidenciado. Estas diferencias podrían estar determinadas por el material genético utilizado o a la edad de la plantación.

Al mes 35, el clon 2 (Cuadro 3) se ubica en el segundo puesto, con un DAP de 21,5 cm, una Ht de 18,90 m, un Vt de 0,2798 m³ arb⁻¹ y una Hdom de 21,80 m. Los clones 4, 7, 9, 11 y 13 muestran una tendencia ascendente desde el mes 26 al 35, mientras que los n° 10 y 12 presentan una disminución. Además, de los 19 genotipos en estudio, 11 se posicionan por encima de la media del factor de selección (4,5), con un promedio de 19,4 cm en DAP, 19,31 m de Ht, 21,91 m de Hdom y 0,2359 m³ arb⁻¹ en Vt. Para *G. arborea* en Domingodó y Quiparadó en Chocó, Colombia, [4] evaluaron la Ht, la Hdom y el DAP, a los 31 meses, y se determinó que la plantación alcanzó un promedio de 12,50 m de Ht, 13,22 m de Hdom y 12,2 cm de DAP. Dichos promedios fueron inferiores a los obtenidos por el conjunto genético del INISEFOR (18,91 m, 21,80 m, 21,5 cm en Ht, Hdom y DAP, respectivamente). La

fertilidad natural del suelo, de la mayor parte de las fincas evaluadas por [4] (Anexo 3), es regular con una CICE de 7,96 cmol (+)/L, pH o Reacción de 5,57 y una textura arcillosa; y es inferior a la fertilidad natural de la finca en Cañaza, con una CICE de 22 cmol (+)/L, pH o Reacción de 5,3 y una textura Franco arcilloso (Anexo 1 y Anexo 2). El mejor desarrollo de la melina en Cañaza, Puerto Jiménez, podría ser explicado por un mejor manejo silvicultural, fertilidad natural del suelo y mayor calidad genética.

[23], apuntan que un manejo silvicultural que incorpore raleos y podas de los árboles, una buena preparación del suelo, y una correcta selección de genotipos superiores [16], incrementa los efectos genéticos de la especie y mejora su desempeño en campo [7]. El conjunto genético de Cañaza tiene una mayor calidad genética porque fue seleccionado de plantaciones establecidas con material de alta calidad, producido dentro del programa de mejoramiento genético de melina de la desaparecida Ston Forestal.

Al mes 41, el clon con el factor de selección mayor (4,8) es el 9 (Cuadro 3), con un DAP de 20,8 cm, una Ht de 21,50 m, una Hdom de 24,21 m y 0,3012 m³ arb⁻¹ de Vt. Los clones 3, 4, 5 y 12 mostraron una tendencia ascendente desde el mes 35 hasta el 41, mientras que los n° 2, 11, 7, 8 y 16 disminuyeron. La media del factor de selección del conjunto genético en estudio fue 14,8 % superior a los testigos. De los 19 genotipos, 11 (58 %) son superiores a la media poblacional.

El comportamiento de los clones en estudio, donde la tendencia de algunos clones a subir y otros a descender de posiciones a lo largo del periodo de evaluación según [8], es producto de la expresión genética que van mostrando los individuos conforme aumenta la edad. Esto permite dar una mejor fiabilidad a la hora de realizar la selección.

En el Cuadro 4, se muestra la posición de cada clon al mes 53, con respecto al índice de escogencia en una escala de 0-1, para la Ht, Hdom, DAP y Vt.

Cuadro 4. Posición con respecto al índice de escogencia en una escala de 0-1, de cada clon de *Gmelina arborea* procedentes de Cañaza, zona sur de Costa Rica, en las variables Ht, Vt, Hdom y DAP en el mes 53.

Table 4. Position with respect to the selection index on a scale of 0-1, of each clone of *Gmelina arborea* from Cañaza, southern Costa Rica, in the variables Ht, Vt, Hdom and Dbh in month 53.

Clon	DAP (cm arb ⁻¹)	Ht (m arb ⁻¹)	Hdom (m arb ⁻¹)	Vt (m ³ arb ⁻¹)	Factor de selección
7	23,6	25,81	29,1	0,4929	4,8
9	23,6	25,52	28,73	0,4051	4,7
4	22,9	25,8	30,12	0,4294	4,6
12	23	25,52	29,43	0,4045	4,6
3	22,3	25,01	28,3	0,4406	4,6
5	22,7	25,64	29,5	0,4589	4,6
6	23,2	25,22	27,94	0,4372	4,6
8	23,2	25,11	27,92	0,4366	4,5
13	22,6	24,93	27,91	0,4158	4,5
11	22,8	25,31	28,23	0,382	4,4
2	24,5	25,42	27,9	0,462	4,3
16	22,7	23,83	27,43	0,4016	4,2
1	23,6	25,1	26,02	0,4869	4,2
10	23,6	24,82	27,33	0,409	4,1
15	22,7	24,91	26,61	0,4212	4
T1	20,9	23,82	26,3	0,3966	3,9
T2	21,2	25,13	26,62	0,3696	3,8
T3	22,7	25	26,43	0,3699	3,8
T4	20,2	23,72	26,31	0,3504	3,7
\bar{X} Total	22,7	25,03	27,80	0,4195	4,3
\bar{X} Test	21,3	24,42	26,42	0,3716	3,8
\bar{X} SM	23	25,39	28,72	0,4303	4,6
\bar{X} M5C	23,08	25,53	29,14	0,4345	4,66
\bar{X} M2C	23,6	25,67	28,92	0,449	4,75

\bar{X} test= promedio de los testigos, \bar{X} SM= promedio de los clones superiores a la media, \bar{X} M5C= promedio de los mejores 5 clones, \bar{X} M2C= promedio de los mejores 2 clones

En el conjunto clonal completo a la edad de 53 meses, se identificó un promedio de 22,7 cm en DAP, mientras que para Ht fue de 25,03 m. Por su parte, [17] en su estudio con clones de la misma edad, reporta 16,10 m en Ht y 18,3 cm de DAP. Siendo estos hasta un 55 % y 24 % inferiores en Ht y DAP, respectivamente a lo encontrado en Cañaza. Además, [17], reportó que los clones posicionados por encima de la media poblacional resultaron ser 1,8 % y 14 % superior en las variables Ht y DAP, respectivamente, al promedio de los clones posicionados por debajo de la media poblacional. Por su parte, en Cañaza se encontró que los clones del INISEFOR fueron 3,8 % y 8 % superiores a los testigos; cabe destacar que el crecimiento de los genotipos evaluados en este estudio (Cañaza), es bueno, incluyendo los testigos. [24], en la localidad de Oluwa en el noreste de Nigeria, con material genético de

semilla, determinaron una media de 16,40 m de Ht y 22,1 cm de DAP a la misma edad (53 meses), siendo los clones del INISEFOR 3 % y 52 % superior en las variables DAP y Ht, respectivamente.

El crecimiento en las variables antes citadas por ambos autores, podría estar determinado por las características físicas y químicas del suelo (Anexo 4), manejo silvicultural, material genético, así como la variación fenotípica de una especie. Según [15] la variación fenotípica es la suma de la variación genética más la variación ambiental, aunque es esta última una de las causas más importantes de variabilidad fenotípica de una especie. Principalmente en algunas características relacionadas con el crecimiento, donde las condiciones edafoclimáticas [8] influyen directamente en la evaluación a temprana edad [25].

Además, se debe toma en cuenta que la comparación entre los estudios [17], [24]; versus los resultados obtenidos en este (Cañaza), no es completamente valida desde el punto de vista genético, puesto que son materiales diferentes, creciendo en condiciones de sitio diferentes, además las condiciones de sitio para Costa Rica son de calidad I y las de los otros sitios son de inferior calidad, por lo tanto no hay mayor inferencia en la parte genética a la hora de realizar las comparaciones.

El genotipo 7 (Cuadro 4) registró mejor desarrollo en todas las variables, seguido por el 9, con un factor de selección de 4,8 y 4,7, respectivamente. Los dos mejores clones alcanzaron un promedio de 23,6 cm en DAP, una Ht de de 25,67 m, una Hdom de 28,92 m y un Vt de $0,4490 \text{ m}^3 \text{ arb}^{-1}$. Asimismo, cabe destacar el comportamiento del clon 2 que se mantuvo en los meses anteriores en los primeros lugares, pero al mes 53 quedó por fuera de los genotipos superiores a la media.

Se obtuvo un promedio en el factor de selección de 4,3 para el conjunto completo y 10 clones (el 53%) están por encima de la media. El conjunto genético al mes 53 fue 17 % superior a la media del factor de selección de los testigos y estos siempre ocuparon las últimas posiciones de la tabla (Cuadro 4). Se identificaron los clones 7, 9, 4, 12, 3, 5, 6, 8, 13 y 11, para mantenerlos en proyectos de mejoramiento genético, así como para proyectos de reforestación y seguir reproduciéndolos con fines comerciales.

En esta evaluación (Cuadro 4), no solo se tomó en cuenta el volumen total, si no que todas las variables fueron determinantes para mostrar el desempeño de los clones. Donde los

factores ambientales, genéticos y edáficos pudieron afectar positiva o negativamente el desarrollo de los individuos. Es por esta razón, que, para el éxito de un proyecto de reforestación comercial con estos clones, es necesario tomar en cuenta todas las especificaciones propuestas en este estudio, con el fin de garantizar a los pequeños y medianos productores de la zona sur y alrededores o donde las condiciones edafoclimáticas sean similares, clones de alta calidad genética que van a disminuir los turnos de rotación y así generar ingresos a los productores en tiempos reducidos. Todo esto, con el propósito de incentivar y aumentar significativamente la reforestación en la zona.

Conclusiones

Se identificaron los genotipos 7, 9, 4, 12, 3, 5, 6, 8, 13 y 11 como los mejores candidatos para mantenerlos dentro de programas de mejoramiento genético y seguir reproduciéndolos a mediana escala, con el objetivo de favorecer a pequeños y medianos productores de la zona y alrededores, o donde las condiciones de sitio sean similares.

Se registraron diferencias estadísticamente significativas para la procedencia de Cañaza para el DAP (entre el clon 2 y los testigos 2, 1 y 4) y en Vt (entre el clon 7 y el testigo 4). Caso contrario se presentó para Ht y Hdom. Sumado a lo anterior, los mejores clones presentaron una ganancia fenotípica de hasta 3 %, 8 %, 8 % y 18 %, en las variables Ht, DAP, Hdom y Vt, respectivamente.

El desarrollo fenotípico de los clones producidos por el INISEFOR fue superior a los genotipos testigo y al material genético reportados por distintos autores. Estos resultados podrían estar determinados por un mejor manejo, calidad genética del material reproducido y por la calidad de sitio.

Referencias

- [1] A. Barrantes y S. Ugalde, Informe de usos y aportes de la madera en Costa Rica. Estadísticas del 2019. ONF, San José, Costa Rica.
- [2] INEC (Instituto Nacional de Estadística y Censos), VI Censo Nacional Agropecuario. INEC, San José, Costa Rica, 2015.
- [3] A. Tunjano, “Modelado de la competencia intraespecífica en rodales de *Gmelina arborea* Roxb. en el departamento del Tolima”. Ibagué, Tolima, 2016.
- [4] J. Florez y O. Florez, “Estudio del crecimiento de *Gmelina arborea* en los consejos comunitarios de Quiparadó y Domingodó, Chocó – Colombia”, 2013.
- [5] M. Arguedas, M. Rodríguez, R. Moya y A. Berrocal, “*Gmelina arborea* death disease in fast-growth plantations: Effects of soil and climatic conditions on severity and incidence and its implications for wood quality”, *Revista Forest Systems*, vol.27, no.1, pp. 1-12, 2018.
- [6] R. Sotolongo, G. Geada y M. Cobas, *Mejoramiento Genético Forestal*. (Primera edición). FAO, 2008. Disponible en: http://www.fao.org/fileadmin/user_upload/training_material/docs/Mejoramiento%20Genetico%20Forestal.pdf
- [7] C. Ávila, R. Murillo, O. Murillo y C. Sandoval, “Desarrollo juvenil de clones de *Gmelina arborea* Roxb. de dos procedencias, en sitios planos del Pacífico Sur de Costa Rica”, *Revista Forestal Mesoamericana Kurú*, vol.12, no.28, pp. 23–35, 2015.
- [8] W. Hernández, O. Murillo y Y. Badilla, “Selección temprana en ensayos clonales de melina (*Gmelina arborea* Robx.) en Costa Rica”, *Agronomía Mesoamericana*, vol.32, no.1, pp. 93-106, 2021.
- [9] H. Balcorta y J. Vargas, “Variación fenotípica y selección de árboles en una plantación de melina (*Gmelina arborea* Linn., Roxb.) de tres años de edad”, *Revista Chapingo*, vol.10 no.1, pp.13-19, 2004.
- [10] B. Raudales, “Diseño de un programa de mejoramiento genético para *Gmelina arborea* en Zamorano”, Tesis, Zamorano, Honduras, 2009. Disponible en: <https://bdigital.zamorano.edu/bitstream/11036/392/1/T2823.pdf>

- [11] I. Kappelle, H. Acevedo, M. Castro, L. González y H. Monge, Ecosistemas del Área de Conservación Osa [ACOSA]. InBio, 1 ed. Heredia, CR, 2003.
- [12] L. Holdridge, Life Zone Ecology, Tropical Science Center. San José, Costa Rica, 1967.
- [13] D. Alder, “Estimación del volumen forestal y predicción del rendimiento”, Montes, vol.2, no.22, pp.70-110, 1980.
- [14] K. Barrantes, “Despiece comercial potencial de Teca (*Tectona grandis* L.f) clonal a la edad de 10 años en diferentes calidades de sitio, en zona norte de Costa Rica”, Tesis, Universidad Nacional, Heredia, Costa Rica, 2020.
- [15] L. Llanos, “Selección de progenies superiores de *Tectona grandis* L.f. en el norte del Tolima”, Tesis, Ibagué-Tolima, 2017.
- [16] J. Vallejos, Y. Badilla, F. Picado y O. Murillo, “Metodología para la selección e incorporación de árboles plus en programas de mejoramiento genético forestal”. Agronomía Costarricense, vol.34, no.1, pp.105-119, 2010.
- [17] F. Padua, “Juvenile selection of *Gmelina arborea* clones in the Philippines”, New Forest, 28 (1), 195-200, 2004. Disponible en: <http://doi.org/10.1023/B:NEFO.0000040946.46722.1cR>
- [18] S. Solórzano, “Evaluación a los 4 años de edad de variables dasométricas, calidad del fuste y propiedades de la madera en clones de *Tectona grandis*”, 2010.
- [19] R. Murillo, “Evaluación de algunos factores ambientales que afectan la calidad de sitio a nivel de micro-sitio para melina (*Gmelina arborea* Roxb) plantada en suelos planos en la zona sur de Costa Rica”, Tesis, Universidad Nacional, Heredia, Costa Rica, 1996.
- [20] B. Xiang, B. Li, and F. Isik, “Time trend of genetic parameters in growth traits of *Pinus taeda* L”, Silvae Genetica, vol.52, no.3–4, pp.114–121, 2003.
- [21] M. Espitia, O. Murillo y C. Castillo, “Ganancia genética esperada en melina (*Gmelina arborea* roxb.) en Córdoba (Colombia)”, Revista Árvore, vol.40, no.1, pp.71-80, 2015.
- [22] A. Kumar, “Growth performance and variability in different clones of *Gmelina arborea* (Roxb.)”, Silvae Genética, vol.56, no.1, pp.32-36, 2007.

[23] B. Pavlotzky y O. Murillo, “Ganancia genética esperada en *Acacia mangium* en San Carlos, Zona Norte de Costa Rica”, *Revista Forestal Mesoamericana Kurú*, vol.10, no.24, pp.14-22, 2013. Disponible en: <https://doi.org/10.18845/rfmk.v10i24.1320>

[24] J. Onyekwelu, “Choosing appropriate index age for estimating site index of *Gmelina arborea* timber plantations in Oluwa forest reserve”, *Revisit Food, Agriculture & Environment*, vol.1, no.3, pp.286-290, 2003.

[25] I. Pastrana, M. Espitia y O. Murillo, (2012). “Evaluación del potencial de mejoramiento genético en el crecimiento en altura de *Acacia mangium* Willd”, *Agronómica*, vol.61, no.2, pp.143-150, 2012.

5.2. Modelación de variables dasométricas de un conjunto clonal de *Gmelina arborea* (Roxb.) en Cañaza, Pacífico sur de Costa Rica

Modeling dasometric variables of a clonal set of *Gmelina arborea* (Roxb.) in Cañaza, south Pacific of Costa Rica

Resumen

[Introducción]: En Costa Rica, las condiciones ambientales han favorecido el desarrollo de *Gmelina arborea*. La especie posee rápido crecimiento y ocupa el segundo lugar en proyectos de reforestación de pequeña y mediana escala en zonas rurales. **[Objetivo]:** Generar modelos para predecir el crecimiento en altura dominante (Hdom), altura total (Ht), diámetro a la altura de pecho (DAP) y volumen total (Vt) para un conjunto clonal y de sus 5 mejores genotipos, hasta los 53 meses de edad. **[Metodología]:** Se modeló el crecimiento de las variables dasométricas en función de la edad del conjunto clonal completo y de cada uno de los mejores 5 genotipos. Para la escogencia de los mejores modelos se utilizó el R², error estándar de la estimación, error absoluto medio, Durbin- Watson, error cuadrado medio, diferencia absoluta, Índice de Furnival, Criterio de Información de Akaike, error porcentual y la suma de cuadrados de los errores de predicción. **[Resultados]:** Se determinó un DAP de 22,0 cm, Ht de 24,01 m y una Hdom de 27,03 m para el conjunto clonal a los 53 meses de edad. Los modelos que describen el DAP para cada uno de los mejores 5 clones presentaron un R² entre 83,2 % y 89,7 %. El desarrollo del Vt es determinado con modelos cuyo R² varía entre 85,2 % y 91,4 %. Los mejores modelos describen la Ht y Hdom, presentando coeficientes de determinación superiores al 95 %. La Hdom promedio de los mejores 5 clones fue de 29,10 m a los 53 meses y superó en 13,8 %, 16,0 %, 69,0 % y 82,0 % lo reportado en la bibliografía. Las anteriores variaciones podrían explicarse por la alta calidad genética del material en estudio y por las condiciones ambientales. **[Conclusiones]:** Para el conjunto clonal completo, los mejores modelos presentan precisiones de R² de hasta 98,6%, con errores de estimación bajos que no superan el 0,093. El índice de Furnival (IF) para los mejores 5 clones presentó valores menores a 1, de 0,01 a 0,69, mostrando que los modelos evaluados fueron suficientemente precisos.

Palabras clave: altura dominante, altura total, clones, diámetro, modelos de regresión, volumen.

Abstract

[Introduction]: In Costa Rica, environmental conditions have favored the development of *Gmelina arborea*. The species is fast growing and ranks second in small and medium-scale reforestation projects in rural areas. **[Objective]:** Generate models to predict growth in dominant height (Hdom), total height (Ht), diameter at breast height (Dbh) and total volume (Vt) for a clonal group and its 5 best genotypes, up to 53 months of age. **[Methodology]:** The growth of the dasometric variables was modeled as a function of the age of the complete clonal set and of each of the best 5 genotypes. For the choice of the best models, the R², standard error of the estimate, mean absolute error, Durbin-Watson, mean square error, absolute difference, Furnival Index, Akaike Information Criterion, percentage error and the sum of squares of the prediction errors. **[Results]:** A Dbh of 22.0 cm, Ht of 24.01 m and a Hdom of 27.03 m were determined for the clonal group at 53 months of age. The models that describe the Dbh for each of the best 5 clones presented an R² between 83.2 % and 89.7 %. The development of Vt is determined with models whose R² varies between 85.2 % and 91.4 %. The best models describe Ht and Hdom, presenting determination coefficients greater than 95 %. The average Hdom of the best 5 clones was 29.10 m at 53 months and was 13.8 %, 16.0 %, 69.0 % and 82.0 % higher than those reported in the literature. These differences could be explained by the high genetic quality of the material under study and by environmental conditions. **[Conclusions]:** For the complete clonal set, the best models have R² accuracies of up to 98.6 %, with low estimation errors that do not exceed 0.093. The Furnival index (IF) for the best 5 clones presented values lower than 1, from 0.01 to 0.69, showing that the evaluated models were sufficiently precise.

Keywords: dominant height, total height, clones, diameter, regression models, volume.

Introducción

Gmelina arborea Roxb. (melina) es originaria de la zona tropical húmeda de los bosques de Asia, se introdujo con éxito tanto en África ecuatorial como en América Central y del Sur [1]. Esta especie es reconocida por su rápida tasa de crecimiento, tolerancia a enfermedades, incendios, sequías y por la calidad de su madera. Es adecuada para diferentes usos, como pulpa de papel, madera contrachapada o partículas [1].

En Costa Rica, la madera de melina sigue posicionada en el mercado local por su versatilidad, pero es utilizada principalmente para la fabricación de material de embalaje [2]. Se estima que en el 2018 se procesaron 427 344 m³ de madera de plantaciones forestales, principalmente de melina, para un total de 5 397 796 de tarimas, lo que representa un 1,5 % más que lo reportado en el 2017. Asimismo, se reporta su uso en la industria de la construcción, ebanistería y en la fabricación de muebles [2].

En los últimos años se han buscado alternativas para mejorar el rendimiento de las plantaciones forestales mediante el manejo silvicultural, mejoramiento genético, así como identificar la mejor calidad del sitio, estas han incrementado el desempeño de los individuos en el campo. Según [3], la calidad de sitio, se puede estimar mediante modelos matemáticos que predicen el crecimiento a una edad determinada. Estos modelos o ecuaciones son herramientas de decisión para optimizar la edad de turno de la cosecha, así como predecir el desarrollo y rendimiento de los árboles. Sin embargo, estas son útiles solo en sitios específicos o donde condiciones edafoclimáticas de la zona y genéticas de los individuos sean similares al estudio efectuado.

[4], señala que es necesario que se implementen este tipo de herramienta a los avances de la silvicultura y en programas de mejoramiento genético para que los productores obtengan valores precisos del desarrollo de los árboles y de sus plantaciones. Diversos estudios han evaluado la calidad e índice de sitio con modelos para estimar la producción de las plantaciones forestales [3], [4], [5]-[11], [12]-[16] y [17]; a edades determinadas con el propósito de proyectar el desarrollo en crecimiento de la especie en el sitio.

A partir de lo anterior, el objetivo de la presente investigación fue modelar el crecimiento de un conjunto de clones de *Gmelina arborea* Roxb., ubicado en Cañaza, Pacífico sur de Costa Rica, mediante la evaluación del diámetro a la altura de pecho (DAP), la altura total (Ht), altura dominante (Hdom) y el volumen total (Vt) a los 13, 26, 35, 41 y 53 meses, tanto para el conjunto clonal completo como para los mejores 5 clones. Con ello, se pretenden ofrecer los mejores genotipos a

productores forestales y agroforestales de la zona sur de Costa Rica y condiciones de sitio similares.

Materiales y métodos

Descripción del sitio y diseño experimental

La presente investigación se desarrolló en un ensayo clonal de *Gmelina arborea* Roxb. del Instituto de Investigación y Servicios Forestales de la Universidad Nacional (INISEFOR-UNA). Se encuentra ubicado en la localidad Monterrey de Cañaza, distrito Puerto Jiménez, cantón Golfito, provincia Puntarenas, en la zona sur de Costa Rica.

El clima es cálido, de húmedo a muy húmedo y la convergencia de los vientos alisios del suroeste y los del noroeste, provoca precipitación superior a los 3 000 mm anuales y una época seca que va de enero a marzo [18]. Posee una humedad relativa que oscila entre 79 % y 90 % [19]. El sitio presenta una temperatura máxima de 28 °C, una mínima de 24 °C. Las máximas temperaturas se registran en el mes de marzo, coincidiendo con la época de menor precipitación en la zona y las temperaturas más bajas con el periodo de mayor precipitación [20].

EL ensayo fue establecido con clones que pertenecen a la base genética del INISEFOR-UNA, mediante un diseño experimental de bloques completos al azar (BCA) con 15 clones y 4 testigos representados por 6 individuos de cada genotipo ubicados en parejas colocadas aleatoriamente en cada uno de los seis bloques que conforman el ensayo total.

Variables evaluadas

Díámetro a la altura de pecho (DAP cm arb⁻¹): medido con una cinta diamétrica de lona a 1,3 m sobre el nivel del suelo.

Altura total (Ht m arb⁻¹): se estimó utilizando un clinómetro marca Suunto, al tomar el ángulo a la base y copa, a partir de una distancia del árbol conocida, se calculó mediante la ecuación 1.

$$Ht = (\text{TAN}(\text{ángulo base}) + \text{TAN}(\text{ángulo copa})) * \text{distancia} \quad (1)$$

Donde:

Ht (m arb⁻¹) = altura total

TAN = función trigonométrica tangente

Volumen total (Vt m³ arb⁻¹): se estimó mediante la ecuación 2:

$$Vt = \left(\frac{DAP (cm)}{100} \right)^2 * 0,7854 * Ht * 0,403 \quad (2)$$

Donde:

Vt (m³ árb⁻¹) = volumen total

DAP (cm arb⁻¹) = diámetro a la altura de pecho

Ht (m arb⁻¹) = altura total

Factor mórfico = 0,403

Factor mórfico: se calculó tomando como referencia 50 árboles de melina, se midió el diámetro en la base, luego, a 1,3 m (DAP); la tercera medición a 3 m, la cuarta a 4,5 m y así secuencialmente cada 1,5 m hasta completar la totalidad del árbol.

Modelación de las variables Hdom (m arb⁻¹), Ht (m árb⁻¹), DAP (cm arb⁻¹) y Vt (m³ arb⁻¹) de conjunto clonal completo y de los mejores 5 clones

Para modelar el crecimiento de las variables dasométricas en función de la edad del conjunto clonal completo y de los mejores 5 genotipos, se utilizó el programa estadístico Statgraphics Centurion versión XVI. El análisis se realizó con un nivel de confianza de 95 %. Se tomaron los datos de las 5 mediciones realizadas (13, 26, 35, 41 y 53 meses de edad) por variable (Hdom, Ht, DAP y Vt) y se generaron 10 modelos por variable para el conjunto clonal completo y 10 modelos por variable por clon (de los mejores 5 genotipos). Para un total de 240 modelos evaluados, de ellos se eligieron 24 que fueron los que presentaron los mejores ajustes en todos los criterios estadísticos.

Para la escogencia de los mejores modelos, se utilizó la metodología utilizada por [21], donde se evaluaron los siguientes criterios estadísticos: coeficiente de

determinación (R^2), error estándar de la estimación (EEE), error absoluto medio (EMA), Durbin- Watson (DW), error cuadrado medio (ECM), sobrevivencia (n), diferencia absoluta (DA), Índice de Furnival (IF), Criterio de Información de Akaike (AIC), error porcentual (E%) y la suma de cuadrados de los errores de predicción (PRESS). Estos fueron pasados a una escala de 0-1 para poder sumarlos y escoger la mejor ecuación como aquella que tenga la sumatoria más alta.

La escala de 0-1 puede calcularse mediante las siguientes ecuaciones

Error estándar de la estimación

$$\text{Escala base 0-1} = 1 - \left(\text{ABS}(\text{EEE}) * \frac{1}{\text{MAX EEE}} \right) \quad (3)$$

Donde:

ABS= valor absoluto

EEE= error estándar de la estimación del modelo

MAX EEE= el mayor valor de error estándar de la estimación de los diez modelos

Error absoluto medio

$$\text{Escala base 0-1} = 1 - \left(\text{ABS}(\text{EMA}) * \frac{1}{\text{MAX EMA}} \right) \quad (4)$$

Donde:

ABS= valor absoluto

EMA= error absoluto medio del modelo

MAX EMA= el mayor valor de error absoluto medio de los diez modelos

Durbin- Watson

$$\text{Escala base 0-1} = 1 * \frac{DW}{4} \quad (5)$$

Donde:

DW= Durbin- Watson del modelo

Error cuadrado medio

$$Escala\ base\ 0-1 = 1 - \left(ABS\ (ECM) * \frac{1}{MAX\ ECM} \right) \quad (6)$$

Donde:

ABS= valor absoluto

ECM= error cuadrado medio

MAX PRESS= el mayor valor del error cuadrado medio de los diez modelos

Diferencia absoluta (DA)

$$Escala\ base\ 0-1 = 1 - \left(\frac{ABS(DA)*1}{ABS(MAX\ DA)} \right) \quad (7)$$

Donde:

ABS= valor absoluto

DA= diferencia absoluta del modelo

MAX PRESS= la mayor diferencia absoluta de los diez modelos

Índice de Furnival

$$Escala\ base\ 0-1 = 1 - \left(IF * \frac{1}{MAX\ IF} \right) \quad (8)$$

Donde:

IF= índice de Furnival del modelo

MAX IF= el mayor valor de Índice de Furnival de los diez modelos

Criterio de Información de Akaike

$$Escala\ base\ 0-1 = 1 - \left(\frac{ABS(VM\ AIC) + AIC}{RV\ AIC} \right) \quad (9)$$

Donde:

ABS= valor absoluto

AIC= criterio de Información de Akaike del modelo

VM AIC= valor mínimo de AIC de los diez modelos

RV AIC= rango de valores de AIC entre el valor máximo y mínimo de los diez modelos

Error porcentual

$$Escala\ base\ 0-1 = 1 - \left(\frac{E\ \% * 1}{MAX\ E\ \%} \right) \quad (10)$$

Donde:

E %= error porcentual

MAX E %= el mayor valor de error porcentual de los diez modelos

Suma de cuadrados de los errores de predicción

$$Escala\ base\ 0-1 = 1 - \left(\frac{ABS(PRESS) * 1}{ABS(MAX\ PRESS)} \right) \quad (11)$$

Donde:

ABS= valor absoluto

PRESS= suma de cuadrados de los errores de predicción del modelo

MAX PRESS= el mayor valor de suma de cuadrados de los errores de predicción de los diez modelos

Durbin Watson (DW): es una prueba de autocorrelación en los residuos de un análisis de regresión estadística, siempre tendrá un valor entre 0 y 4 (valores 0-2 indica autocorrelación positiva y valores 2-4 indica autocorrelación negativa) [22].

Furnival (IF): Es el recíproco de la derivada en la transformación de la variable dependiente, este coincide con la desviación estándar (la ecuación que mejor se ajusta será la que tiene el menor índice) [5].

Coefficiente de determinación (R²): Según [23] cuanto mayor sea R² (cercano a 100 %), más preciso será el cálculo de predicción.

Criterio de Información de Akaike (AIC): Según [24], es penalizar la cantidad de parámetros de cada uno de los modelos, basándose en el principio de parsimonia (entre dos hipótesis, la que tiene menor número de supuestos suele ser la correcta). El mejor modelo será el que tenga el menor AIC [25].

Suma de Cuadrados de los Errores de Predicción (PRESS): Es la suma de cuadrados de los errores de predicción de las variables (desviación al cuadrado entre el valor observado y el estimado) [26]. El mejor modelo es el que tenga menor valor [27].

Contraste del desarrollo de la altura dominante de los mejores 5 clones con curvas de índice de sitio publicadas

Para contrastar la curva de Hdom del material genético del INISEFOR con las curvas de índice de sitio publicadas, se realizó una revisión de material publicado para buscar las mejores curvas aplicables en Costa Rica, ya sea que fueran realizadas con material de semilla o con clones.

- a- Se escogió el mejor modelo de Hdom del presente estudio, con base en los procedimientos expuestos anteriormente. Se hizo una revisión bibliográfica y se seleccionaron modelos de melina desarrollados en zonas tropicales
- b- Los modelos encontrados en la bibliografía y lo obtenido en el presente estudio se graficaron en Microsoft Excel.

Para la especie *Gmelina arborea*, algunas de las ecuaciones que se utilizan para calcular el índice de sitio se observan a continuación:

El índice de sitio, según [6], puede calcularse mediante la ecuación 12:

$$\text{LN (Hdom)} = 3,4246 - 1,5640 * \frac{1}{E^{0,6649}} \quad (12)$$

Donde:

LN= Logaritmo natural o neperiano

Hdom= altura dominante (m arb⁻¹)

E= edad (años).

El índice de sitio, de acuerdo con [8], puede calcularse mediante la ecuación 13:

$$LN(IS) = 4,4277 + (LN(Hdom) - 4,4277) * \left(\frac{E}{E_{base}}\right)^{0,3277} \quad (13)$$

Donde:

LN= Logaritmo natural o neperiano

Hdom= altura dominante (m arb⁻¹)

E= edad (años)

E base= edad Base (años)

El índice de sitio, según [14], puede calcularse mediante la ecuación 14:

$$IS = EXP(LN(Hdom) + 4,589766 \times \left(\frac{1}{E} - 0,1\right)) \quad (14)$$

Donde:

IS= índice de sitio

LN= Logaritmo natural o neperiano

Hdom= altura dominante (m arb⁻¹)

E= edad (años)

El índice de sitio, de acuerdo con [15], puede calcularse mediante la ecuación 15:

$$IS = 24,49 \times Hdom \times \left(0,2739 + \frac{E^{1,5978}}{29,486}\right) / E^{1,5978} \quad (15)$$

Donde:

IS= índice de sitio

Hdom= altura dominante (m arb⁻¹)

E= edad (años)

Resultados y discusión

Se ajustaron modelos de regresión para las variables Hdom, Ht, DAP y Vt, para el conjunto clonal completo. La ecuación de cada modelo se utiliza para estimar el desarrollo a edades tempranas, en condiciones de sitio y material clonal, similar a la plantación estudiada en Cañaza de Puerto Jiménez.

Modelo de altura dominante (Hdom)

La ecuación para Hdom se ajustó a partir del modelo de regresión Curva-S, que registró una relación estadísticamente significativa entre la Hdom y la edad ($p < 0,05$), con un nivel de confianza del 95 %. Dicho modelo presentó un R^2 de 98,6 % con un error estándar de 0,04 m. La Hdom puede calcularse mediante la ecuación 16:

$$Hdom = \exp(3,67113 - 20,0997/E) \quad (16)$$

Donde:

Hdom= altura dominante (m arb⁻¹)

E= edad de la plantación (meses)

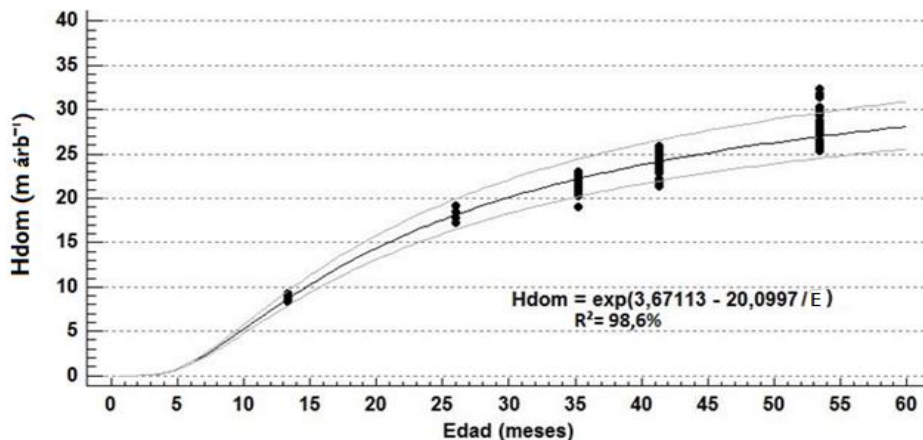


Figura 3. Gráfico del modelo ajustado de Hdom (m) para el conjunto completo de *G. arborea* de Cañaza, zona sur de Costa Rica.

Figure 3. Graph of the adjusted model of Hdom (m) for the complete set of *G. arborea* de Cañaza, southern zone of Costa Rica.

En la Figura 3 se observa el modelo que mejor se ajustó a los datos, así como los límites de predicción (95 % de confianza). A la edad de 13 y 53 meses, los límites

inferior y superior para Hdom son de 7,91 m, 9,57 m y 24,52 m, 29,66 m, respectivamente

[9], con la especie melina en la reserva forestal de Oluwa en Nigeria, desarrolló un modelo de regresión simple para altura dominante que explica un 83 % de la variabilidad de los datos (R^2). Además, el modelo presentó un error estándar de 0,05 m. Probablemente el modelo explica solo el 83 % de la variabilidad debido a una mayor heterogeneidad de los datos. Lo anterior podría ser causado por que los datos de crecimiento reflejan el mal desarrollo y mayor variabilidad de la melina de semilla, sobre suelos rojos, erosionados y con una baja fertilidad natural. Contrario a lo anterior, en este estudio (modelos de Cañaza) los datos provienen de clones de melina creciendo sobre suelos de buena fertilidad natural, todos de un buen valor genético producto de un proyecto de selección avanzado. Por lo tanto, hay menor variabilidad en el crecimiento y es por eso que el modelo explica la mayoría de la variabilidad.

Mientras tanto, [10], con la especie melina en la localidad de la provincia de Leyte, Filipinas, también desarrollaron un modelo de predicción para altura dominante y reportan un R^2 de 93,0 %, con un error estándar de 0,13 m, por su parte en el estudio de Cañaza, se encontró un modelo que reportó un R^2 de 98,6 % (Figura 3), siendo este último más preciso que lo reportado en Leyte, Filipinas. Nuevamente, las diferencias con respecto al presente estudio podrían estar determinadas por el material genético utilizado para dicha evaluación (semilla). A pesar de esto, el modelo desarrollado por [10], es bastante preciso, donde explica un 93,0 % de la variabilidad.

Por su parte, [16], en el estado de Jalingo Taraba, Nigeria, con la especie melina crearon modelos para altura dominante en el que obtuvieron una precisión de R^2 ajustado de 84,0 %. En el modelo determinado para Cañaza con respecto a la Hdom, se obtuvo un R^2 de 98,6 %, siendo este último más preciso a lo reportado en Nigeria. Las diferencias con este estudio (Cañaza) podrían deberse a que el material utilizado fue semilla, por lo que el crecimiento de la plantación es más heterogéneo, además el autor reporta suelos ligeramente ácidos y bajas precipitaciones (1250

mm), los cuales son factores limitantes para el crecimiento de melina, todos estos factores pueden aumentar la variabilidad en los datos, por ende, afectar la precisión del modelo.

Modelo de crecimiento de altura total (Ht)

Para la Ht, el modelo que se ajustó adecuadamente a los datos fue el de Curva-S ($R^2= 94,6 \%$), el cual reportó una mejor precisión en los parámetros y estadísticos de validación (EEE, EMA, DW, IF, AIC, E % y PRESS). Los resultados demuestran que $p<0,05$, por lo que se registra una relación estadísticamente significativa entre la Ht y edad, con un error estándar de 0,09 m. El modelo se muestra en la ecuación 17:

$$Ht = \exp(3,52609 - 19,0486/E) \quad (17)$$

Donde:

Ht= altura total (m arb⁻¹)

E= edad de la plantación (meses)

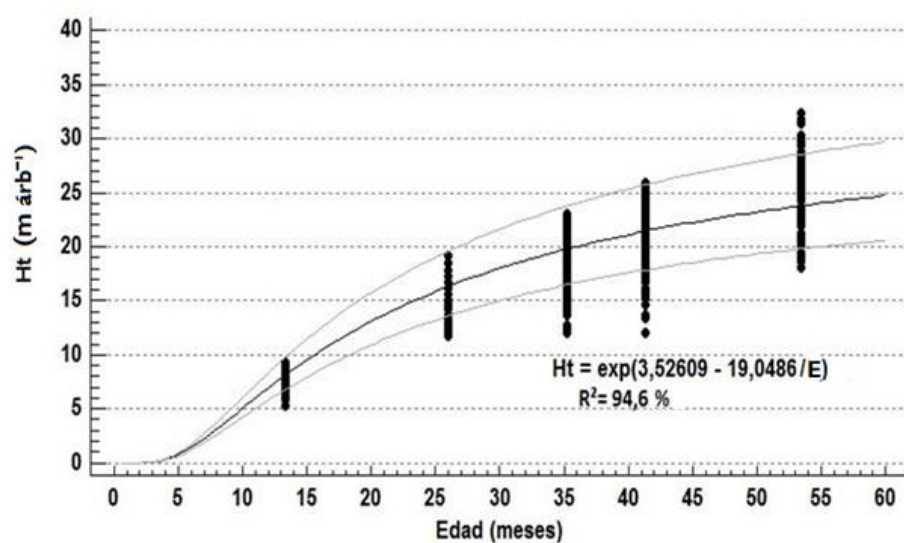


Figura 4. Gráfico del modelo ajustado de Ht (m) para el conjunto completo de *G. arborea* de Cañaza, zona sur de Costa Rica.

Figure 4. Graph of the adjusted model of Ht (m) for the complete set of *G. arborea* de Cañaza, southern zone of Costa Rica.

[3], en su estudio realizado en el estado de Veracruz con varias especies comerciales, entre ellas *G. arborea*, reportó un modelo para Ht que alcanzó un R² de 90 %, el cual estima 24,10 m a la edad de 53 meses. El modelo seleccionado por Salazar resultó menos preciso a lo reportado en este estudio (Cañaza, R²= 94,6 %); además de que la estimación para altura fue 12 % menor en comparación a lo encontrado en el modelo de Cañaza. Dichas diferencias podrían estar determinadas por la variabilidad de sitios de donde se obtuvo las mediciones, puesto que, según el autor, se realizaron muestreos en 151 sitios con plantaciones de melina en todo el estado de Veracruz y no se conoce a ciencia cierta el origen del material genético. Estos factores pudieron haber afectado la precisión del modelo expuesto por Salazar.

También [17], en Pital de San Carlos, Costa Rica, eligieron el mejor modelo para altura total, con un R² de 91,0 %. Mientras tanto para Cañaza el mejor modelo encontrado presentó un R² de 94,6 % (Figura 4), siendo este último más preciso a lo reportado en San Carlos. En este caso los resultados obtenidos por [17], pudieron verse afectados por la variabilidad de los datos, y ésta también se explica por la escala del estudio.

Modelo de crecimiento del diámetro a la altura de pecho (DAP)

El modelo que se ajustó adecuadamente a los datos en la variable DAP fue el sigmoïdal (Curva-S). El análisis de varianza (ANDEVA) indica que existe relación estadística significativa entre las variables DAP y edad (valor p<0,05). Además, registró un error estándar de 0,01 cm y un R² de 81,0 %. El modelo de Curva-S para DAP puede calcularse mediante la ecuación 18:

$$\text{DAP (cm)} = \exp (3,31955 - 12,2291/E) \quad (18)$$

Donde:

DAP= diámetro a la altura de pecho (cm arb⁻¹)

E= edad de la plantación (meses)

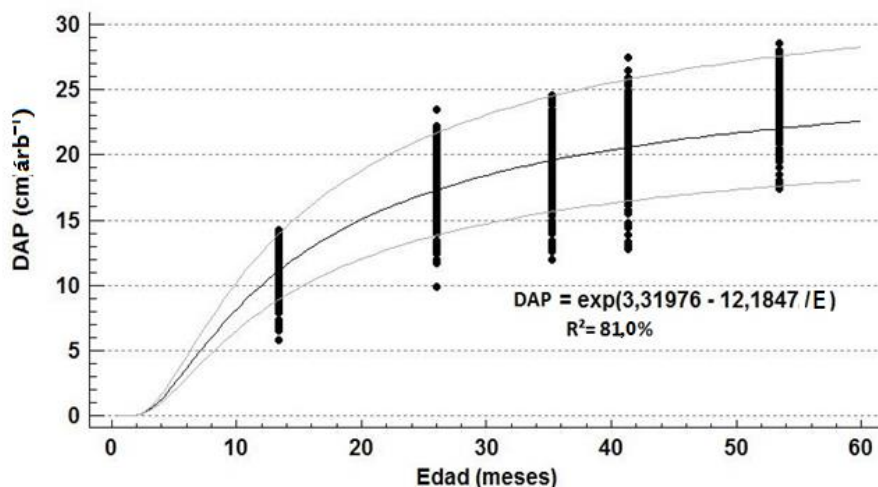


Figura 5. Gráfico del modelo ajustado de DAP (cm) para el conjunto completo de *G. arborea* de Cañaza, zona sur de Costa Rica.

Figure 5. Graph of the adjusted Dbh model (cm) for the complete set of *G. arborea* de Cañaza, southern zone of Costa Rica.

El modelo basado en el DAP ($R^2=81,0\%$) en el estudio de Cañaza, resultó menor a los modelos de Ht y Hdom ($R^2= 94,6\%$ y $98,6\%$). Este comportamiento donde la altura registra más homogeneidad y el DAP es más variable. Puede deberse a que los datos utilizados para la elaboración del modelo, presenta una mayor variabilidad diamétrica, con una desviación estándar de $10,9\%$, mientras que para altura total un $8,5\%$; por lo que resultó una mayor dispersión de los datos en DAP que en altura. La precisión del modelo también puede ser explicada por la densidad, ya que, el efecto de esta se ve más influenciada en la variable DAP que en la altura. Del mismo modo un retraso en el raleo o manejo, va afectar más al diámetro que en altura. Se encontró, además, variabilidad del DAP en un mismo clon, este comportamiento se debe especialmente a condiciones de micro-sitio o talvez de manejo [28]. Todos estos aspectos influyen directamente en el crecimiento del diámetro de la plantación y por ende la variación en la precisión del modelo.

Lo mismo encontró [4], en Limón, Costa Rica, con plantaciones de melina, quien identificó para la variable DAP un modelo que alcanzó una precisión relativamente baja con un R^2 de 64,5 % y errores estándar de hasta 0,60 cm, y para la variable altura modelos que alcanzaron un R^2 de hasta 90,0 %. Dichos ajustes pudieron verse determinados, por la alta dispersión de los datos utilizados para la generación de los modelos, lo que causó una desviación estándar mayor, explicada posiblemente por la mezcla de datos utilizados para la generación de las ecuaciones, ya que, estos fueron provenientes de plantaciones clonales y plantaciones a partir de semilla [4].

Modelo de crecimiento del volumen total (Vt)

El modelo que se ajustó adecuadamente a la variable volumen total (Vt) fue el de Raíz Cuadrada-Y Log-X, con una relación estadísticamente significativa ($p < 0,05$) entre Vt y edad (E) (nivel de confianza del 95 %). El modelo registra un error estándar de la estimación del $0,062 \text{ m}^3 \text{ árb}^{-1}$ y un R^2 de 85,7 %.

Al realizar la comparación de los modelos, los resultados mostraron que la Curva-S presentó el valor más alto de R^2 con 89,2 % en Vt (3,4 % mayor que Raíz Cuadrada-Y log-X). No obstante, el modelo seleccionado para el conjunto clonal completo en la variable Vt se adecúa más a los parámetros y criterios estadísticos de validación antes mencionados (EEE, EMA, DW, IF, AIC, E %, DA y PRESS). El volumen total se calcula mediante la ecuación 19:

$$Vt = (-0,655149 + 0,321779 * \text{LN}(E))^2 \quad (19)$$

Donde:

Vt= Volumen total ($\text{m}^3 \text{ árb}^{-1}$)

E= edad de la plantación (meses)

LN= Logaritmo natural o neperiano

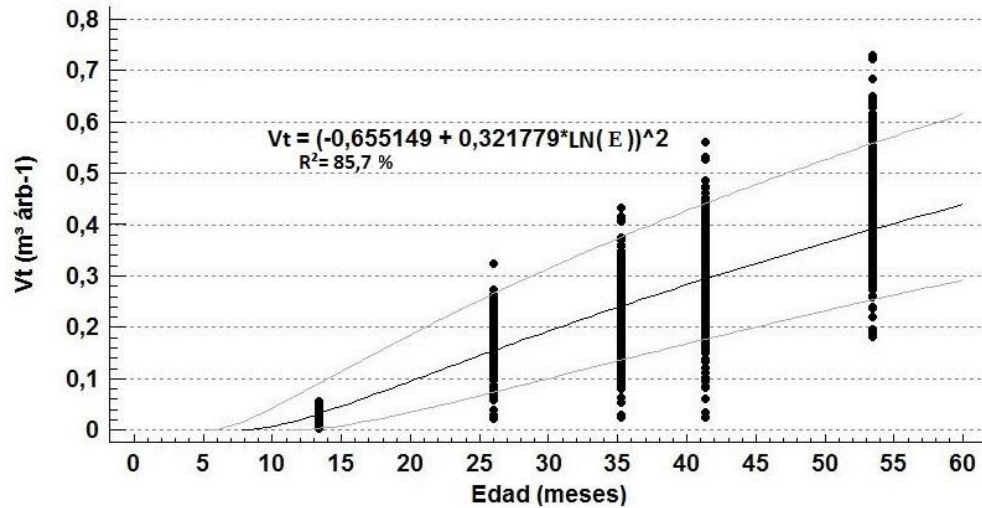


Figura 6. Gráfico del modelo ajustado de V_t ($\text{m}^3 \text{árb}^{-1}$) para el conjunto completo de *Gmelina arborea* de Cañaza, zona sur de Costa Rica.

Figure 6. Graph of the adjusted model of V_t ($\text{m}^3 \text{tree}^{-1}$) for the complete set of *Gmelina arborea* de Cañaza, southern zone of Costa Rica.

Datos similares a este estudio (Cañaza) reporta [12] y [4] para la variable volumen total. En el caso de la evaluación presentada por [12], con la especie melina, en tres plantaciones de la empresa REYBANPAC CA. en la provincia de los Ríos, Ecuador. Donde reportó un modelo para volumen total con una precisión de $R^2 = 85,11\%$. Por su parte, [4], en Limón, reporta dos modelos para V_t de 80 % y 85 % de R^2 ; con errores estándar de $0,2020 \text{ m}^3 \text{árb}^{-1}$ y $0,1760 \text{ m}^3 \text{árb}^{-1}$, respectivamente. Además, el mismo autor [4] muestra otros modelos de volumen total, pero relacionado con DAP, estos alcanzan precisiones de R^2 de hasta el 89,0 %; con un error estándar de $0,0352 \text{ m}^3 \text{árb}^{-1}$.

Los resultados de estos estudios, incluido el de Cañaza, se deben a que, al ser volumen total calculado con relación al DAP y la altura; y al ser el DAP la variable más afectada por el manejo de la plantación, así como el espaciamiento inicial, control de maleza, fertilidad natural del suelo, calidad de sitio, entre otros. De este depende la precisión en R^2 de los modelos para V_t .

En resumen, el modelo de crecimiento de la Curva-S es útil para predecir crecimiento en H_{dom} , H_t y diámetro (conjunto clonal completo). Sin embargo, modelos como Doble inverso (H_t) presentan hasta 0,2 % superior en R^2 , no así en

los demás parámetros y criterios estadísticos. En el caso de V_t , se logró identificar el modelo Raíz Cuadrada-Y Log-X como buen predictor de crecimiento de la plantación evaluada en Cañaza de Puerto Jiménez y para el material genético clonal del INISEFOR.

Modelos de regresión ajustados en cada una de las variables (Ht, Hdom, V_t y DAP) para los mejores 5 clones

En el Cuadro 5, se presentan los modelos de regresión y las ecuaciones que mejor se ajustaron a los parámetros y criterios estadísticos establecidos para su selección, en las variables Ht, Hdom, DAP y V_t , para los mejores 5 clones.

Cuadro 5. Modelos de regresión ajustados en cada una de las variables (Ht, Hdom, Vt y DAP), para los mejores 5 clones evaluados en la plantación de *Gmelina arborea* en Cañaza, Puerto Jiménez, Costa Rica.

Table 5. Regression models adjusted in each of the variables (Ht, Hdom, Vt and Dbh), for the best five clones evaluated in the plantation of *Gmelina arborea* in Cañaza Puerto Jiménez, Costa Rica.

Genotipo	Modelo	Ecuación	R ²
	Curva-S	Hdom = $\exp^{(3,71104 - 20,7659/E)}$	98,8 %
7	Curva-S	Ht = $\exp^{(3,55007 - 19,1873/E)}$	96,0 %
	Multiplicativa	DAP = $\exp^{(1,00113 + 0,547689*\ln(E))}$	89,7 %
	Raíz Cuadrada Doble	Vt = $(-0,294951 + 0,131691*\text{Raíz}(E))^2$	91,4 %
9	Raíz Cuadrada-Y Log-X	Hdom = $(-1,48233 + 1,72661*\ln(E))^2$	98,6 %
	Curva-S	Ht = $\exp^{(3,55184 - 19,5048/E)}$	95,9 %
	Curva-S	DAP = $\exp^{(3,36548 - 13,1793/E)}$	84,0 %
	Raíz Cuadrada-Y Log-X	Vt = $(-0,714499 + 0,341874*\ln(E))^2$	88,5 %
4	Raíz Cuadrada-Y Log-X	Hdom = $(-1,60049 + 1,77567*\ln(E))^2$	99,1 %
	Doble Inverso	Ht = $1/(0,00903143 + 1,48509/E)$	95,1 %
	Curva-S	DAP = $\exp^{(3,31953 - 12,4544/E)}$	85,2 %
12	Raíz Cuadrada-Y Log-X	Vt = $(-0,674072 + 0,327238*\ln(E))^2$	86,4 %
	Raíz Cuadrada-Y Log-X	Hdom = $(-1,53208 + 1,73803*\ln(E))^2$	98,3 %

3	Curva-S	$Ht = \exp^{(3,54276 - 18,894/E)}$	96,7 %
	Curva-S	$DAP = \exp^{(3,30547 - 11,7843/E)}$	86,1 %
	Raíz Cuadrada Doble	$Vt = (-0,260539 + 0,125176 * Raíz(E))^2$	88,4 %
	Curva-S	$Hdom = \exp^{(3,66618 - 19,8682/E)}$	98,4 %
	Curva-S	$Ht = \exp^{(3,52492 - 18,9371/E)}$	94,9 %
	Curva-S	$DAP = \exp^{(3,2784 - 12,0469/E)}$	83,2 %
	Raíz Cuadrada Doble	$Vt = (-0,256874 + 0,121309 * Raíz(E))^2$	85,2 %

Hdom= altura dominante (m arb⁻¹), Ht = altura total (m arb⁻¹), DAP = diámetro a la altura de pecho (cm arb⁻¹), Vt= volumen total (m³ arb⁻¹); E= Edad de la plantación (meses); ln= Logaritmo natural o neperiano

Los resultados obtenidos, en cuanto al R^2 para la variable Hdom (Cuadro 5), son muy similares en los 5 genotipos, con un promedio de 98,6 %. Por su parte, los modelos Curva-S ($R^2= 96,7 \%$) y Multiplicativa ($R^2= 89,7 \%$) fueron los que mejor ajustaron los datos para Ht (clon 12) y DAP (clon 7), respectivamente. Por último, en Vt los resultados mostraron datos semejantes en los cinco genotipos (modelo Raíz Cuadrada Doble) con un coeficiente de determinación promedio de 88,0 %.

El Cuadro 6 presenta los estadísticos utilizados para la validación de las ecuaciones y selección de los mejores modelos para cada uno de los cinco mejores clones, en las variables Ht, Hdom, DAP y Vt.

Cuadro 6. Estadísticos EEE, EMA, DW, IF, AIC y PRESS, para los mejores 5 clones evaluados en las variables Hdom, Ht, DAP y Vt, de la plantación de *Gmelina arborea* en Cañaza, Puerto Jiménez, Costa Rica.

Table 6. Statistics EEE, EMA, DW, IF, AIC and PRESS, for the best five clones evaluated in the variables Hdom, Ht, Dbh and Vt, of the *Gmelina arborea* Plantation in Cañaza Puerto Jiménez, Costa Rica.

Genotipo	Modelo	Variable	EEE	EMA	DW	IF	AIC	PRESS
7	Curva S	Hdom	0,05	0,03	1,51	0,05	0,32	26,31
	Curva S	Ht	0,08	0,06	1,18	0,08	0,50	421,92
	Multiplicativa	DAP	0,09	0,07	1,69	0,09	0,46	384,49
	Raíz Cuadrada Doble	Vt	0,05	0,04	1,64	0,05	-2,86	0,42
9	Raíz Cuadrada-Y Log-X	Hdom	0,10	0,07	1,67	0,62	0,18	19,45
	Curva S	Ht	0,08	0,07	1,11	0,08	0,53	474,30
	Curva S	DAP	0,12	0,08	1,44	0,12	0,71	682,06
	Raíz Cuadrada-Y Log-X	Vt	0,06	0,04	1,47	0,03	-2,69	0,66
4	Raíz Cuadrada-Y Log-X	Hdom	0,09	0,06	1,71	0,53	-0,04	12,01
	Doble Inverso	Ht	0,01	0,01	0,92	0,01	0,76	730,43
	Curva S	DAP	0,11	0,07	1,63	0,11	0,58	499,46
	Raíz Cuadrada-Y Log-X	Vt	0,06	0,04	1,38	0,03	-2,61	0,74
12	Raíz Cuadrada-Y Log-X	Hdom	0,11	0,09	1,47	0,69	0,22	21,51
	Curva S	Ht	0,07	0,05	1,24	0,07	0,41	364,87
	Curva S	DAP	0,10	0,08	1,33	0,10	0,59	521,15
	Raíz Cuadrada Doble	Vt	0,05	0,04	1,30	0,05	-2,74	0,57
3	Curva S	Hdom	0,05	0,03	1,36	0,05	0,45	35,62
	Curva S	Ht	0,09	0,07	1,26	0,09	0,56	492,91
	Curva S	DAP	0,11	0,08	1,71	0,11	0,66	609,02
	Raíz Cuadrada Doble	Vt	0,06	0,05	1,70	0,06	-2,67	0,67

Los modelos seleccionados y sus respectivos estadísticos para cada uno de los genotipos, se muestran en el Cuadro 6. Estos fueron los que mejor se ajustaron a los datos reales en cada una de las variables. Se encontró, además, una relación estadísticamente significativa ($p < 0,05$) entre las variables en estudio y edad (T) con un nivel de confianza del 95 %.

El EEE y EMA presentan resultados muy similares para todas las variables evaluadas y relativamente bajos para todos los modelos. La prueba de Durbin Watson (DW) indica que no existe autocorrelación entre los residuos. El índice de Furnival (IF) presentó valores menores a 1, desde 0,01 a 0,69, mostrando que las estimaciones de las variables (Ht, Hdom, DAP y Vt), así como los modelos evaluados fueron suficientemente precisos. Este índice permite comparar modelos cuando la variable dependiente ha sido transformada.

Utilizando el Índice de Furnival (IF) con la variable Hdom, se identificó el modelo Curva-S, que mejor ajustó a los datos reales. El modelo Doble Inverso, Multiplicativa y Raíz Cuadrada-Y Log-X fueron los mejores predictores para Ht (IF= 0,01), DAP (IF= 0,09) y Vt (IF= 0,03), de los clones 4, 7 y 9 respectivamente.

Estos ajustes mediante el índice de Furnival, en conjunto con el coeficiente de determinación muestran la precisión de los modelos elegidos. Según [7], el mejor modelo es el que presente el menor índice de IF y el mayor R^2 , por lo que en su estudio eligió el modelo que presentó un IF de 0,031 y con un $R^2 = 99,1$ %. Las estimaciones de estos modelos son las que se ajustan mejor al crecimiento real de los individuos en el sitio.

Para la selección con base en el Criterio de Información de Akaike (AIC) (aquel que tenga menor valor, es el que podría tener mayor precisión), los mejores modelos obtenidos resultaron ser Raíz Cuadrada-Y Log-X y Curva S (Hdom y DAP), respectivamente. Por su parte, para altura total se encontraron valores menores a 1, con un rango de 0,41 a 0,76 (Curva-S y Doble inverso, respectivamente). Todos los modelos para Vt presentaron un AIC por debajo de 0,76. Por lo tanto, las estimaciones para dicha variable (Vt), son las que representan mayor fidelidad a la hora de proyectar el desarrollo de los clones a una edad determinada.

Contrastaste de la evolución de la altura dominante de los mejores 5 clones con curvas de índice de sitio publicadas.

Se ajustó el modelo de regresión para la variable altura dominante de Cañaza, utilizando los mejores 5 clones, a la edad de 53 meses (4,4 años). Gráficamente se realizó una comparación del crecimiento obtenido en este estudio en Hdom vs las curvas de índice de sitio publicadas.

La Hdom del conjunto genético de Cañaza, zona sur, puede calcularse mediante la ecuación 20:

$$Hdom = (2,81713 + 1,72769*LN(E))^2 \quad (20)$$

Donde:

Hdom= altura dominante (m arb⁻¹)

E= edad de la plantación (años)

La Figura 7 presenta la curva de Hdom promedio del conjunto conformado por los 5 mejores clones estudiados y las generadas por distintos autores para otros materiales genéticos de melina [6], [8], [14] y [15], todas a la misma edad base (53 meses o 4,4 años). Se aprecia una marcada diferencia, principalmente a partir del año 2, entre los clones producidos por el INISEFOR y los obtenidos por los distintos autores (para la proyección y modelación de cada curva, se utilizó el reporte del mejor índice de sitio en cada estudio).

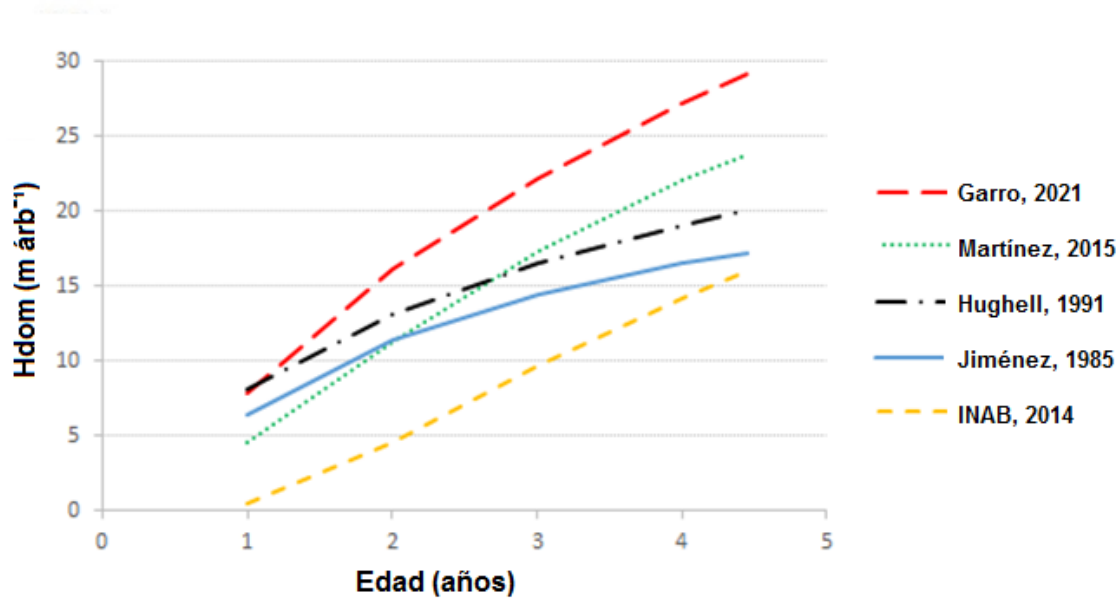


Figura 7. Contrastaste de curva de altura dominante de los mejores 5 clones de *Gmelina arborea* con curvas de índice de sitio publicadas.

Figure 7. Contrast of site index curve of the best 5 clones of *Gmelina arborea* with published site index curves

[8], para todo América Central desarrolló un modelo preliminar que estimó 20,01 m de altura dominante (Figura 7), a la edad de 4,4 años (53 meses). Si comparamos el crecimiento reportado por el autor, con lo encontrado en el estudio de Cañaza (Hdom= 29,10 m), el de [8] es 16 % inferior. Estas diferencias podrían estar determinadas por condiciones específicas de los diferentes sitios y aspectos edafoclimáticos tan variadas de donde el autor recopiló la información, además del material genético utilizado (semilla).

[14], en Guatemala, en los municipios de San Francisco, La Libertad y Dolores, con la especie melina a la edad de 4,4 años, reportaron una altura dominante de 16,02 m. Dichos resultados fueron 82,0 % inferiores a lo reportado en este estudio (Cañaza). Estas diferencias podrían deberse a que las plantaciones evaluadas fueron establecidas con material genético de semilla y la variabilidad genética es mayor (plantaciones más heterogéneas). Así como la variabilidad de sitios donde se tomaron los datos, ya que según el autor se evaluaron muestras de 46 municipios en toda la república de Guatemala, por lo que las condiciones edafoclimáticas son

muy variadas. Todos estos factores pudieron afectar el crecimiento de los árboles a edades tempranas.

[6] en la zona de Guanacaste, Costa Rica, reportó una Hdom a los 53 meses (4,4 años) de 17,21 m (Figura 7); siendo este 69,2 % inferior a lo reportado en este estudio (Cañaza). Estas diferencias pueden deberse al manejo de las plantaciones, además, que el material genético utilizado fue semilla. Por lo que claramente se esperaría un mejor rendimiento del material genético de Cañaza. Aunado a esto, el aspecto climatológico y las características de la zona, que, según el autor, en periodo seco se presenta una alta evapotranspiración potencial y una baja humedad relativa, por lo que se presenta un déficit de humedad en el suelo, causando que los árboles puedan entrar en un periodo de latencia, esto provocando bajos crecimientos en periodos prolongados.

Por su parte en Tabasco, México, para *G. arborea*, [15] reportó una Hdom de 23,81 m (Figura 7) a una edad de 4,4 años (53 meses). Comparado con los resultados obtenidos en el estudio de Cañaza, a la misma edad, se encontró que la Hdom de Cañaza supera en 13,8 %, a las estimaciones de la ecuación propuesta por [15]. Estas diferencias podrían estar determinadas por el material genético, puesto que, en México, se establecieron las plantaciones utilizando semilla de huerto clonal, y en Cañaza se utilizó clones; por lo que claramente existe una mayor posibilidad de que los genotipos de Cañaza sean más altos. Se debe tener en cuenta que los clones utilizados en Cañaza son parte de una selección superior de un proyecto de mejoramiento genético.

Además, podría estar determinado por el suelo, puesto que en el estudio de [15] reporta una gran variedad de suelos (gleysoles, vertisoles, fluvisoles y luvisoles). Los suelos vertisoles están compuestos por arcillas expandibles, lo que puede provocar en época lluviosa encharcamiento y en época seca fisuras. Por el contrario, en Cañaza se encuentran suelos inceptisoles de origen aluvial, franco arcilloso; estos suelos generalmente presentan mayor cantidad de bases disponibles, además son profundos y de topografía plana.

Conclusiones

Se identificaron relaciones estadísticamente significativas ($p < 0,05$) en las variables altura total, altura dominante, diámetro a la altura de pecho y volumen total en función a la edad.

Para el conjunto clonal completo, Curva-S es el modelo que describe la forma de crecimiento de altura dominante, altura total y diámetro a la altura de pecho. En el caso de volumen total, el que mejor ajustó a los datos fue el modelo Raíz Cuadrada-Y Log-X.

En altura dominante, el mejor modelo corresponde a Raíz Cuadrada-Y Log-X para los mejores 5 clones, este fue superior a los modelos del desarrollo del índice de sitio expuesto por los distintos autores encontrados en bibliografía, con una altura dominante de hasta 29,10 m, a los 53 meses.

En general, para los mejores 5 clones, se lograron identificar coeficientes de determinación que van desde 84,0 % a 98,8 %, con error estándar de la estimación máximos de 0,11 en todos los modelos. Además, los resultados fueron muy similares en el error absoluto medio con un promedio de 0,056.

Referencias

- [1] C. Rosero, X. Argout and M. Ruiz, "Teran, A drought stress transcriptome profiling as the first genomic resource for white teak - Gamhar - (*Gmelina arborea* Roxb) and related species", BMC Proceedings, vol.5, no.7, pp.178, 2011.
- [2] A. Barrantes y S. Ugalde, Informe de Usos y Aportes de la Madera en Costa Rica. Estadísticas del 2019. ONF, San José, Costa Rica.
- [3] J. Salazar, O. Santiago, V. Sánchez, C. Monroy y E. Couttolenc, "Modelo para determinar calidad de sitio a edades tempranas de cuatro especies tropicales", Rev. Mexicana de Ciencias Forestales, vol.3, no.11, 2012.
- [4] S. Quirós, "Modelos de volumen comercial, perfil de fuste y crecimiento para plantaciones clonales de *Gmelina arborea* Roxb. ex Sm. en Costa Rica", Tesis, Instituto Tecnológico de Costa Rica, Cartago, Costa Rica, 2015.
- [5] D. Alder, "Estimación del volumen forestal y predicción del rendimiento con referencia especial a los trópicos", Roma: Organización de las Naciones Unidas para la agricultura y la alimentación, 1980.
- [6] S. Jiménez, "Tablas preliminares de crecimiento para *Gmelina arborea* Roxb. Aplicables al pacífico seco de Costa Rica", Tesis, Universidad Nacional de Costa Rica. Heredia, CR, 1985.
- [7] M. Cuadrado, "Tabla de volumen para *Gmelina arborea* Roxb. en Florencia Norte de Turrialba, Costa Rica", CATIE, Turrialba, Costa Rica, (1985).
- [8] D. Hughell, "Modelo preliminar para la predicción del rendimiento de *Gmelina arborea* Roxb. en América Central", Silvoenergía, CATIE. Turrialba, CR, 1991.
- [9] J. Onyekwelu, "Choosing appropriate index age for estimating site index of *Gmelina arborea* timber plantations in Oluwa forest reserve", Revisit Food, Agriculture & Environment, vol.1, no.3, pp. 286-290, 2003.
- [10] J. Vanclay, J. Baynes, and E. Cedamon, "Site Index Equation for Smallholder Plantations of *Gmelina arborea* in Leyte Province, the Philippine", Scale Forestry, vol.7, no.1, pp.87-93, 2008.

- [11] O. Corella, “Valoración de la base forestal de las plantaciones forestales y su contribución al abastecimiento de madera en la zona del Atlántico Norte de Costa Rica”, M.S. Tesis, CATIE, Turrialba, CR, 2009.
- [12] D. Guzmán, “Construcción de tablas volumétricas y cálculo de factor de forma (ff.) para dos especies, teca (*Tectona grandis*) y melina (*Gmelina arborea*) en tres plantaciones de la empresa REYBANPAC CA. en la provincia de Los Ríos”, Tesis, Escuela superior politécnica de Chimborazo, Riobamba, Ecuador, 2013.
- [13] L. Escobar, “Relación de parámetros de fertilidad del suelo con el índice de sitio determinado para plantaciones forestales de melina (*Gmelina arborea*) y ceiba (*Pachira quinata*) en Zambrano-Bolivar”, M.S. Tesis, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, Colombia, 2013.
- [14] INAB (Instituto Nacional de Bosques), Dinámica de crecimiento y productividad de 28 especies en plantaciones forestales de Guatemala. Departamento de investigación forestal. Serie técnica DT-006, 2015.
- [15] P. Martínez, M. Domínguez, A. Juárez, L. López, V. De-la-Cruz y J. Álvarez, “Índice de sitio y producción maderable en plantaciones forestales de *Gmelina arborea* en Tabasco, México”, Fitotec. Mexicana, vol.38, no.4, 2015.
- [16] D. David, J. Yani, and J. Wahedi, “Soil Properties and Site Index in an Age Sequence of *Gmelina arborea* in Jalingo Taraba State, Nigeria”, Sciencedomain international, vol.7, no.5, pp.336-342, 2015.
- [17] E. Esquivel, E. Jiménez, J. Gutiérrez, S. Benavides y S. Solano, “Crecimiento de árboles de Melina (*Gmelina arborea*) en diferentes tipos de suelo”, 2018. Disponible en: https://rstudio-pubs-static.s3.amazonaws.com/436121_81ca2bc6eb8e45edbbb6c2a632f411c4.html
- [18] M. Kappelle, H. Acevedo, M. Castro, L. González y H. Monge, Ecosistemas del Área de Conservación Osa (ACOSA). 1 ed. Heredia CR, InBio, (2003).

- [19] L. Berrocal, "Educación ambiental como herramienta para la conservación de las tortugas marinas en la Península de Osa", Tesis, Universidad Nacional de Costa Rica, Heredia, CR, 2013.
- [20] M. Zumbado, "Determinación y variación de la concentración foliar de nutrimentos de *Gmelina arborea* Roxb. En Osa, Golfito y Corredores", Tesis, Universidad Nacional de Costa Rica, Heredia, CR, 2012.
- [21] K. Barrantes, "Despiece comercial potencial de Teca (*Tectona grandis* L.f) clonal a la edad de 10 años en diferentes calidades de sitio, en zona norte de Costa Rica", Tesis, Universidad Nacional, Heredia, Costa Rica, 2020.
- [22] W. Kenton, Durbin Watson Statistic Definition, 2019. Disponible en: <https://www.investopedia.com/terms/d/durbin-watson-statistic.asp>
- [23] E. Ortiz, "Crecimiento y rendimiento forestal", Instituto Tecnológico de Costa Rica, Cartago, CR, 2011.
- [24] A. Guzmán, E. Morales y E. Balart, "Estimación del crecimiento individual en elasmobranquios: la inferencia con modelos múltiples", *Hidrobiológica*, vol.24, no.2, pp.137-150, 2014.
- [25] J. Faraway, "Linear Models with R, Chapman & Hall. University of Toronto", 2004. Disponible en: [http://www.utstat.toronto.edu/~brunner/books/LinearModelsWithR .pdf](http://www.utstat.toronto.edu/~brunner/books/LinearModelsWithR.pdf)
- [26] J. Valencia y F. Díaz, "Regresión PLS en las ciencias experimentales", Editorial Complutense, S.A., España, 2003.
- [27] Minitab, "Interpretación de estadísticos con curvas de regresión para los mejores subconjuntos", 2019. Disponible en: <https://support.minitab.com/es-mx/minitab/18/help-and-how-to/modeling-statistics/regression/how-to/best-subsets-regression/interpret-the-results/all-statistics/>
- [28] R. Murillo, "Evaluación de algunos factores ambientales que afectan la calidad de sitio a nivel de micro-sitio para melina (*Gmelina arborea* Robx) plantada en

suelos planos en la zona sur de Costa Rica”, Tesis, Universidad Nacional, Heredia, Costa Rica,1996.

6. CONCLUSIONES GENERALES

No se encontraron diferencias significativas ($\alpha= 0,05$) entre clones, en las variables altura total, altura dominante, sin embargo, en diámetro a la altura de pecho y volumen total, se identificaron diferencias estadísticamente significativas. En la variable que presentó una mayor ganancia o superioridad fenotípica en el conjunto completo, corresponde al volumen total registrando un 18 %, 16 % y 10 % en los genotipos 7, 1 y 2, respectivamente.

Se identificó el desarrollo superior en crecimiento dasométrico que reportó los clones producidos por el INISEFOR versus genotipos testigos, dichos genotipos siempre ocuparon las últimas posiciones, debido a que el material genético utilizado por el INISEFOR es de muy buena calidad. Además, se encontró mejor crecimiento de los clones de Cañaza versus a lo publicado en bibliografía, debido, principalmente al material genético y las condiciones de sitio dentro las plantaciones evaluadas. Se encontraron los genotipos 7, 9, 4, 12, 3, 5, 6, 8, 13 y 11, como los mejores candidatos para mantenerlos dentro de programas de mejoramiento genético y seguir reproduciéndolos de mediana a gran escala.

El modelo de crecimiento de Curva-S, es útil para predecir crecimiento en altura dominante, altura total y diámetro (conjunto clonal completo). En relación con los mejores 5 genotipos, se obtuvo un coeficiente de determinación de 98,6 %, 96,7 %, 89,7 % y 88,0 % para los modelos generados en las variables Hdom, Ht, DAP y Vt, respectivamente. Se identificaron relaciones estadísticamente significativas ($p<0,05$) en las variables altura total, altura dominante, diámetro a la altura de pecho y volumen total en función a la edad.

En lo que respecta al estadístico error estándar de la estimación (EEE), se identificó que los clones evaluados se situaron por debajo del 11 % con un promedio de 8 % en la variable altura dominante; por su parte, se reportó hasta un 5,4 % en el volumen total (Raíz Cuadrada Doble y Raíz Cuadrada-Y Log-X fueron los mejores predictores). Los modelos que mejor ajustaron en el Criterio de Información de Akaike fueron Raíz Cuadrada-Y Log-X, Curva-S, Multiplicativa y Raíz Cuadrada Doble (Hdom, Ht, DAP y Vt, respectivamente).

7. Anexos

Anexo 1. Análisis de textura de la finca en Cañaza, Puerto Jiménez, Costa Rica.

Nº muestra	Textura			Nombre
	% Arcilla	% Arena	% Limo	
IS-3538-11	35,6	45	19,4	Franco arcilloso
IS-3539-11	33,6	47,6	18,8	Franco arcillo arenoso
IS-3540-11	37,6	41	21,4	Franco arcilloso
Promedio	35,6	44,5	19,9	

Anexo 2. Análisis completo del suelo de la finca Cañaza, Puerto Jiménez, Costa Rica.

Nº muestra	pH H ₂ O	Acidez	Ca	Mg	K
		cmol (+) / L			
IS-3538-11	5,34	1,00	15,43	3,6	1,50
IS-3539-11	5,46	0,85	17,28	3,6	1,16
IS-3540-11	5,02	1,50	14,40	3,5	1,51
Nivel medio	5,6-6,5	0,5-1,5	4,0-20	1,0-5	0,2-0,6
Promedio	5,27	1,12	15,70	3,57	1,39

Nº muestra	P	Cu	Zn	Mn	Fe	SA (%)
	µg / ml					
IS-3538-11	4,0	3	0,6	16	101	4,64
IS-3539-11	3,0	3	0,1	11	68	3,71
IS-3540-11	3,5	3	0,8	18	103	7,17
Nivel medio	1,0-20	3,0-20	2,0-10	6,0-50	11-100	
Promedio	3,50	3,00	0,50	15,00	90,67	5,18

Nº muestra	CICE	Ca/Mg	Ca/K	Mg/K	Ca+Mg/K
IS-3538-11	21,53	4,29	10,3	2,40	17,83
IS-3539-11	22,89	4,80	14,9	3,10	20,38
IS-3540-11	20,91	4,11	9,5	2,32	16,72
	5,0-25	2,0-5	5,0-25	2,5-15	10,0-40
	21,78				

Anexo 3. Análisis completo del suelo del consejo comunitario de Quiparadó y Domingodó.

Variable determinada	M-1	M-2	M-3	M-4	M-5	M-6	M-7	M-8
Textura	Ar	Ar	Ar	Ar	Ar	Ar	Ar.Ag	Ar.Ag
pH o Reacción	6.24	6.15	5.33	5.72	6.28	5.83	4.4	4.62
Potasio (k) me/100 g	0.26	0.27	0.27	0.26	0.31	0.3	0.22	0.23
Calcio (Ca) me/100 g	5.48	5.51	4.86	4.96	5.47	5.19	3.47	3.41
Magnesio (Mg) me/100 g	2.08	2.19	2.10	2.07	2.17	2.31	1.76	1.86
Sodio (Na) me/100 g	0.09	0.11	0.08	0.09	0.11	0.10	0.05	0.05
Aluminio (Al) me/100 g	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Fósforo (P) p.p.m	30.12	26.50	28.50	25.20	25.90	30.10	19.53	20.14
Carbón Orgánico %	1.64	1.67	1.62	0.52	1.57	1.79	0.55	0.46
Materia Orgánica %	2.82	2.87	2.79	0.89	2.7	3.08	0.94	0.79
N - Total %	0.1415	0.152	0.14	0.0458	0.1385	0.16	0.0511	0.0411
N - Asimilable %	0.0029	0.0029	0.00	0.0008	0.0029	0.0033	0.0009	0.0008
Suma de Bases me/100 g	7.91	8.08	7.31	7.38	8.06	7.90	5.50	5.55
C.I.C me/100 g	23.10	22.98	22.10	23.10	23.21	22.93	22.20	21.40
P.S.I.	0.38	0.47	0.36	0.38	0.47	0.43	0.22	0.23
C.E. mmhos/cm	0.89	0.93	0.81	0.80	0.92	0.82	0.75	0.76
Boro (B) p.p.m	0.42	0.54	0.48	0.44	0.55	0.62	0.50	0.56
Cobre (Cu) p.p.m	2.11	2.10	2.08	1.96	2.86	2.55	2.11	2.44
Hierro (Fe) p.p.m	78.25	75.20	78.80	172.20	124.50	157.10	166.50	168.25
Zinc (Zn) p.p.m	1.69	1.88	2.14	1.68	2.11	2.00	1.39	1.45
Manganeso (Mn) p.p.m	0.41	0.55	0.48	0.47	0.39	0.42	0.40	0.39
Azufre (S) p.p.m	10.25	10.1	9.63	5.20	12.2	14.10	5.20	5.10
Densidad aparente g/cc	1.25	1.25	1.25	1.25	1.25	1.25	1.25	1.25

Fuente: Florez y Florez, 2013 [4].

Anexo 4. Desarrollo en altura total, diámetro a la altura de pecho, precipitación y suelo de diferentes estudios con la especie *G. arborea*, al mes 53.

	Ht (m)	DAP (cm)	Rangos de precipitación	Media de precipitación	Suelos
Padua [17]	16,1	18,3	1805-3714 mm	2760 mm	Arcilloso con 62 % de arcilla y un pH de 5
Onyekwelu [24]	16,4	22,0	1700-2200 mm	1950 mm	Franco arenoso erosionado
Cañaza	25,2	23,1	3500-4000 mm [11]	3750 mm	Franco arcilloso Arcilla 35,6 % pH 5,3 (Anexo 1)