

Eficiencia estadística de diseños experimentales de bloques incompletos para el análisis de variables espacialmente autocorrelacionadas

RAÚL DE LA MATA

Centro de Investigaciones Ambientais de Lourizán,
Apdo. 127, 36080 Pontevedra, España. E-mail: *rma-
ta.cifal@siam-cma.org*

RAFAEL ZAS

Centro de Investigaciones Ambientais de Lourizán,
Apdo. 127, 36080 Pontevedra, España.

ESTHER MERLO

CIS-Madera, Avda. de Galicia, nº 5. Parque Tecnoló-
gico de Galicia, 32901, San Cibrao das Viñas, Ouren-
se, España

RESUMEN

Gran parte de los experimentos en campo de carácter ecológico evalúan variables espacialmente autocorrelacionadas, lo que supone una posible violación de los requisitos del análisis de variancia convencional. Para absorber parte de esta variación espacial se recurre a la instalación de dichos ensayos bajo diseños experimentales, tal como los de bloques completos al azar, los más comunes y sencillos, o los de bloques incompletos, con bloques de menor tamaño, más eficaces pero con mayor complejidad de cálculo. Sin embargo, ante autocorrelaciones espaciales intensas, estos diseños pueden no ser suficientes. En el presente trabajo se compara la eficiencia estadística de los mencionados diseños experimentales en ensayos genéticos forestales, donde la heterogeneidad espacial cobra especial relevancia, debido al gran tama-

ño y a la heterogeneidad de los sitios de ensayo. Se analizan cinco ensayos de progenie de *Pinus pinaster Ait.* situados en cinco localidades del noroeste de la península ibérica. Cada ensayo sigue un diseño de bloques incompletos resoluble, e incluyen 119 familias de polinización abierta, distribuidas en 96 bloques incompletos de 10 familias cada uno, y 3 plantas contiguas por unidad experimental. La eficiencia estadística del diseño de bloques incompletos y el de bloques completos al azar subyacente se compara en relación al análisis espacial mediante la modelización de la estructura espacial de los datos utilizando técnicas de geoestadística (procedimiento "Iterative Spatial Analysis" o ISA). La variable de estudio es la altura total después del primer periodo vegetativo en campo. En todos los casos se observa que el diseño de bloques incompletos resulta más eficiente, absorbiendo una mayor proporción de la variación espacial, frente al diseño de bloques completos al azar, que resulta claramente ineficaz, especialmente cuando la estructura espacial se muestra en manchas de pequeño tamaño. Se concluye que en ensayos instalados en campo con muchos niveles del factor objeto de estudio, unidades experimentales grandes y, como consecuencia, bloques que ocupan una gran superficie, es siempre recomendable recurrir a diseños de bloques incompletos.

27.1. INTRODUCCIÓN

A principios del siglo XX, Fisher asentó las bases del análisis de varianza (ANOVA) en aplicación directa al estudio de ensayos agronómicos (Fisher 1926). Esta técnica de estadística paramétrica goza de gran robustez, siendo muy empleada por investigadores de diferentes disciplinas desde entonces. Este procedimiento estadístico requiere que los datos a analizar cumplan una serie de requisitos tales como la normalidad en la distribución, homogeneidad de varianzas (homocedasticidad) e independencia. Mientras que los dos primeros requisitos, cuando se incumplen, pueden ser fácilmente solventados mediante artificios matemáticos tales como la transformación de la variable, la violación del requisito de independencia resulta mucho más problemática.

La independencia de las observaciones puede verse condicionada cuando los datos presentan una estructura espacial no aleatoria a mayor o menor escala, es decir, cuando existe heterogeneidad espacial (véase el capítulo 1). Esto es algo muy común en cualquier ambiente o ecosistema, en el que la distribución de los condicionantes tanto físicos como biológicos no es aleatoria ni uniforme (Legendre 1993). De esta manera, cuando se

analizan variables de experimentos en campo debe prestarse especial atención a la posible autocorrelación espacial de los datos, cuya presencia podría invalidar los resultados del análisis (Dutilleul 1993b). Diversos autores han demostrado que aplicar el análisis de varianza cuando existe heterogeneidad espacial sin realizar ningún tipo de ajuste deriva en un cálculo erróneo del nivel de significación de los efectos del modelo, de la proporción de varianza explicada por cada factor, y/o de la estimación de los efectos del modelo (véase el capítulo 15 para una discusión detallada sobre este tema).

Como repuesta a la presencia de heterogeneidad espacial, y ya desde el comienzo de la aplicación del ANOVA, surge la necesidad de establecer los ensayos en base a un diseño experimental. El diseño más sencillo y habitualmente utilizado es el de bloques completos al azar (BCA), basado en dividir el ensayo en bloques *homogéneos*, dentro de cada cual se reparten al azar todos los niveles del tratamiento.

La aplicación de este tipo de diseños a ensayos genéticos forestales, como es el caso que nos ocupa, plantea cierta problemática. Esto es debido al gran tamaño de estos ensayos derivado del gran número de entradas genéticas a testar (100-200), y de la superficie relativamente grande ocupada por cada árbol (4- 25 m²) (Fu *et al.* 1998). Si a esto añadimos que dichos ensayos se instalan habitualmente en terrenos forestales, abruptos e irregulares, la heterogeneidad espacial está asegurada. La presencia de manchas y gradientes es, de hecho, la norma general en ensayos genéticos forestales (e.g. Dutkowski *et al.* 2006, Fu *et al.* 1999, Hamann *et al.* 2002, Magnussen 1990, Zas 2006). Los bloques, por tanto, resultan con frecuencia demasiado grandes y heterogéneos, incumplándose la premisa fundamental del diseño de BCA, la homogeneidad de los bloques.

Ante la dificultad de establecer bloques ambientalmente homogéneos, surgen los diseños de bloques incompletos (BI), en los que no todos los niveles del factor aparecen en cada bloque, reduciéndose así el tamaño de éstos. El menor tamaño de los bloques permite adaptarse mejor al tamaño de la mancha o gradiente, mejorándose la homogeneidad intrabloque y, por tanto, la eficiencia estadística del diseño. Sin embargo, este tipo de diseños no solucionan completamente la traba de la heterogeneidad espacial ya que, aunque la reducción del tamaño mejora la situación, a veces no es suficiente, especialmente cuando el tamaño de la mancha es todavía

menor que el de los bloques. Otro inconveniente que reduce la eficiencia de los diseños de bloques es la dificultad de distribuir los bloques en el terreno adaptándose al patrón real de heterogeneidad espacial, ya que normalmente la instalación de la parcela se realiza contando con poca información acerca de este patrón. A esto hay que añadir que los bloques terminan de manera brusca en los límites que los separan de otros bloques, mientras que la variación ambiental a pequeña escala tiende a ser continua y suave (Legendre 1993, Dutilleul 1993b).

En las últimas décadas han aparecido diversas técnicas basadas en la estadística espacial que tratan de estudiar la variabilidad ambiental y su patrón espacial. Debido a la falta de eficacia de los diseños experimentales, diversos autores han procurado aplicar estas técnicas en la evaluación de ensayos genéticos en campo, tanto de tipo agronómico como forestal (e.g. Qiao *et al.* 2000, Hong *et al.* 2005, Dutkowski *et al.* 2006, Zas 2006). De entre las diferentes técnicas aparecidas, cabe destacar aquellas basadas en la geoestadística, que mediante variogramas e interpolación kriging, eliminan la autocorrelación espacial de la variable (Hamann 2002, Zas 2006, Zas *et al.* 2007, ver capítulo 15). Sin embargo, la aplicación de estas novedosas técnicas de análisis espacial implica la necesidad de contar con datos espacialmente explícitos, y requiere conocimientos estadísticos y de programación más profundos. Es preciso, por tanto, conocer en qué medida los diseños de bloques incompletos resultan suficientemente eficientes para absorber la variación espacial, y cuándo, por el contrario, es necesario aplicar técnicas de ajuste espacial más complejas.

El objetivo del presente trabajo es, por tanto, analizar la eficiencia del diseño de bloques incompletos (BI) y de bloques completos al azar (BCA), utilizando un método de ajuste espacial (ISA, Iterative Spatial Análisis, Zas 2006) como referencia para el cálculo de la variación espacial presente en distintos ensayos genéticos forestales.

27.2. MATERIALES Y MÉTODOS

Para el presente estudio se han utilizado cinco ensayos de progenie de *Pinus pinaster* Ait., instalados en la primavera de 2005 en Galicia en un gradiente costa-interior. El material vegetal empleado en dichos ensayos se

trata de familias de medios hermanos procedentes de 116 árboles superiores seleccionados en masas naturales y clonados en el huerto semillero de primera generación de Sergude (A Coruña), huerto que proporciona semilla mejorada para la repoblación en la zona costera de Galicia. Tres lotes de semilla no mejorada se incluyen además en el ensayo a modo de testigos o controles.

Los ensayos siguen un diseño de bloques incompletos (BI) resoluble (donde los BI pueden ser agrupados en bloques completos (BC) de tal manera que cada tratamiento aparece representado una vez en cada BC). Dichos ensayos cuentan con 96 bloques (BI) de 10 familias cada uno, y 3 plantas contiguas de la misma familia por unidad experimental. En este diseño se agrupan 12 bloques incompletos (BI) en cada una de las 8 réplicas o bloques completos (BC) en los que se divide cada ensayo. El número de plantas en cada ensayo asciende a 2856 que, a marco de plantación de 3 x 2, ocupan una superficie cercana a las 2 ha. El tamaño promedio de los BC y BI es de 2160 y 180 m², respectivamente.

La variable objeto de estudio es la altura total de cada planta en centímetros, medida desde el cuello de la raíz al extremo de la yema apical un período vegetativo después de la plantación. La posición relativa de cada planta fue determinada mediante levantamiento topográfico empleando una estación total.

El análisis de los datos, una vez depurados de posibles "outliers", se ha realizado siguiendo tres metodologías diferentes, considerando el diseño de BI, el diseño de BC subyacente, y mediante el análisis espacial sin considerar diseño alguno.

Según diseño de bloques completos (BC) los datos se analizaron según el siguiente modelo lineal:

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + BC_j + \varepsilon_{ijk}$$

donde Y_{ijk} es el valor de la variable para el árbol "k" de la familia "i" en el BC "j", μ es la media global, G_i es el efecto aleatorio de la familia "i" (i = 1-119), BC_j es el efecto aleatorio del bloque completo "j" (j = 1-8) y ε_{ijk} es el error experimental.

Considerando el diseño de bloques incompletos (BI), el análisis se realizó según el modelo:

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + BI_j + \varepsilon_{ijk}$$

donde BI_j es el efecto aleatorio del bloque incompleto "j" ($j = 1-96$) y el resto de factores se conserva igual que en el análisis de bloques completos.

Para ambos modelos, se estimaron los componentes de la varianza y los mejores predictores lineales insesgados (BLUPs, *best linear unbiased predictors*) de los efectos familiares usando el método de máxima verosimilitud restringido, (REML, *restricted maximum likelihood method*) del procedimiento MIXED en SAS (SAS Institute 1999).

El método de análisis espacial utilizado es el método ISA (Iterative Spatial Análisis) propuesto por Zas (2006). Mediante análisis de varianza de una vía, en el que aparece como único factor la familia, se obtienen los BLUPs de los efectos familiares con el procedimiento MIXED en SAS (SAS Institute 1999). A la variable original se le sustrae la media global y los efectos familiares obtenidos, dando como resultado unos residuos que utilizaremos para modelizar la estructura espacial de los datos. Esta modelización se realiza mediante la construcción de los semivariogramas empíricos correspondientes para cada uno de los ensayos, empleando para ello el procedimiento VARIOGRAM en SAS (SAS Institute 1999).

Se ajusta entonces un semivariograma teórico a cada uno de los semivariogramas empíricos, buscando aquel que demuestre un mejor ajuste, al mismo tiempo que proporcione un mayor significado biológico. Los modelos más comúnmente empleados son el lineal, exponencial, esférico y gaussiano (ver capítulo 6). Este ajuste se realiza usando el procedimiento de regresión no lineal NLIN en SAS (SAS Institute 1999). Una vez obtenido el semivariograma teórico, se realiza la interpolación kriging que, utilizando los datos de éste, segrega la variación del error espacialmente dependiente de aquella que es independiente de la posición (residuo espacialmente independiente). La estimación kriging en cada punto se puede interpretar como el efecto de la posición en la variable analizada (Zas 2006). El análisis kriging se realiza con el procedimiento KRIG2D en SAS (SAS Institute 1999).

Los valores kriging para la localización individual de cada árbol se emplean para corregir los valores de la variable original, obteniéndose una nueva variable corregida que es espacialmente independiente. Esta variable corregida se vuelve a analizar mediante un análisis de varianza de una vía, como el empleado en el primer paso de este proceso, obteniéndose una nueva estimación de los efectos familiares. A partir de esta nueva estimación se obtienen unos nuevos residuos que se vuelven a modelizar mediante semivariogramas y kriging, dando como resultado una nueva estimación kriging con la que corregir la variable original. El proceso se repite de manera iterativa hasta la convergencia de la estimación de los BLUPs de los efectos familiares, o dicho de forma equivalente, hasta que el ranking familiar permanezca estable. Una explicación más detallada del método puede consultarse en Zas (2006) y en el capítulo 14 del presente libro.

La diferencia entre la varianza total de la variable original y la varianza de la variable ajustada espacialmente después del proceso iterativo, i.e. la varianza eliminada por el procedimiento ISA, se puede interpretar como toda la variación espacial de la variable. La relación entre esta varianza espacial y la varianza absorbida por la estructura de bloques en los modelos de BC y BI es un indicativo de la eficacia de estos diseños. Asumiendo que el método ISA absorbe el 100 % de la variación espacial, este cociente expresado en porcentaje se define como “eficiencia de los bloques”.

Los modelos se comparan además mediante los errores estándar de las estimaciones de los BLUPs de los efectos familiares, siendo los diseños tanto más precisos cuanto menor sean estos errores estándar.

27.3. RESULTADOS

Los semivariogramas de los residuos de la variable revelan la presencia de una estructura espacial no aleatoria en los 5 sitios de ensayo, provocando que los valores de los vecinos más próximos sean más parecidos que los de aquellos más alejados (Fig. 27.1). A cortas distancias se muestra un aumento de la semivarianza a medida que se incrementa la separación entre los puntos, mientras que frente a estructuras espaciales aleatorias el semivariograma se representaría básicamente plano.

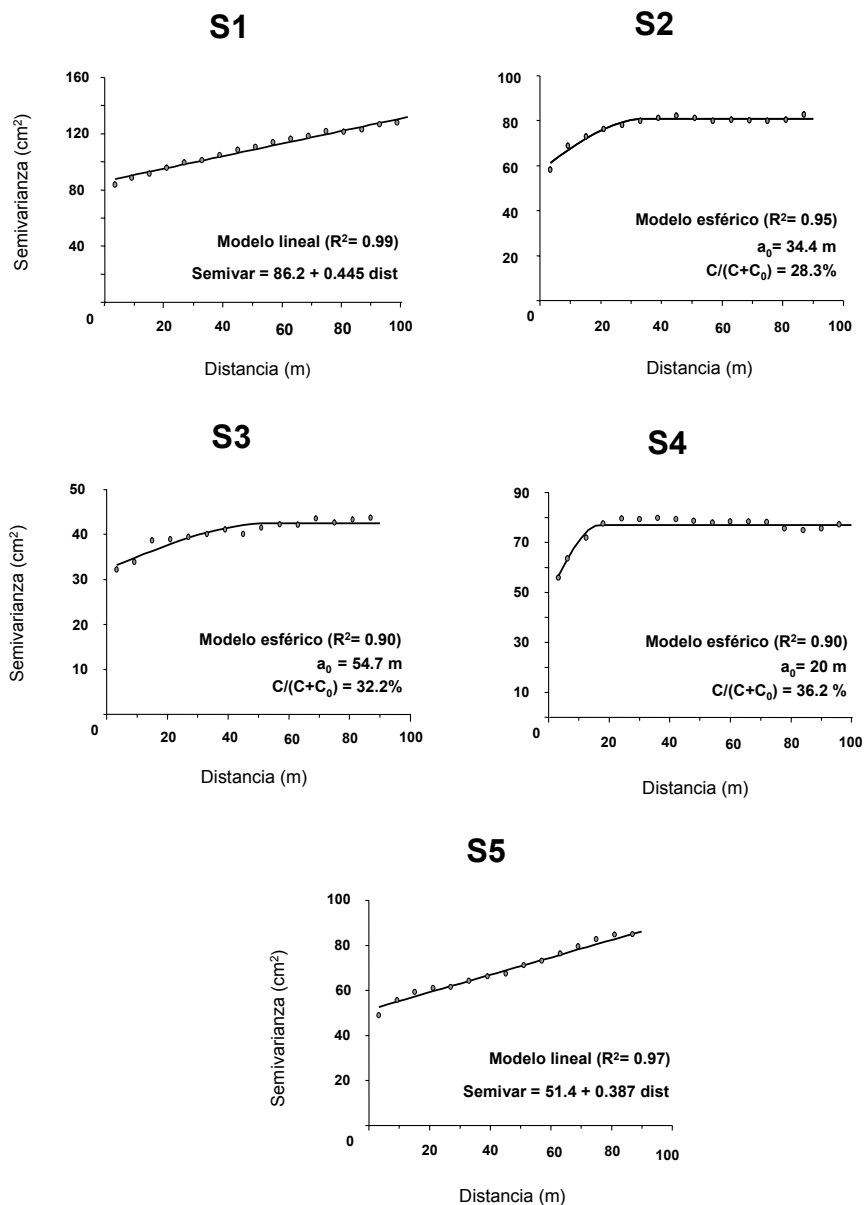


Figura 27.1. Semivariogramas empíricos (puntos) y el variograma teórico ajustado (línea continua) para los residuos de la altura tras eliminar los efectos familiares. Se incluye además la bondad del ajuste (R^2), y los parámetros del modelo ajustado, donde $C + C_0$ es el sill, o máxima varianza encontrada entre pares de puntos, C_0 es el nugget, o varianza no explicada por el modelo y a_0 es el rango, o distancia a partir de la cual los datos son espacialmente independientes.

En todos los casos se han encontrado modelos teóricos que se ajustan estrechamente a las semivarianzas observadas ($r^2 = 0,90-0,99$; $P < 0,001$). Estos modelos son diferentes según el sitio de ensayo considerado, lo que indica patrones espaciales de diferente naturaleza. Mientras para los sitios S1 y S5 el modelo lineal es el que mejor se ajusta, en el resto de los casos el modelo esférico es el más eficiente (Fig. 27.1). El ajuste de un modelo lineal indica una estructura espacial en gradiente, debido a que este modelo no es estacionario, es decir, no se alcanza una asíntota o sill ($C + C_0$), sino que la varianza aumenta indefinidamente dentro de la parcela de ensayo en una dirección determinada. El modelo esférico nos indica, por el contrario, la presencia de un patrón espacial en manchas, cuyo tamaño viene determinado por el rango (a_0), o distancia a la cual la semivarianza deja de aumentar. En los sitios S2, S3 y S4, donde el modelo esférico es el que mejor se ajusta, el tamaño de las manchas resultó de 34,4; 54,7 y 20 m respectivamente. En los sitios S2 y S4, la escala del patrón espacial es claramente menor que el tamaño de los BC (unos 2.800 m² por término medio), apareciendo como consecuencia BC internamente heterogéneos, lo que incumple uno de las premisas básicas de los diseños en bloques. La intensidad de la heterogeneidad espacial puede valorarse en el caso de los modelos con una distribución en manchas a través del cociente $C/(C + C_0)$ que representa el porcentaje de variación explicada por la dependencia espacial. En nuestro caso se han obtenido valores de 28,3; 32,2 y 36,2 % para los ensayos S2, S3 y S4 respectivamente, lo que indica intensas estructuras espaciales de tipo no aleatorio.

Con los parámetros procedentes del ajuste del semivariograma teórico se realizó la estimación kriging, obteniéndose los mapas para cada uno de los sitios de ensayo que aparecen en la Figura 27.2, donde de forma gráfica y mediante una escala de tonos se puede comprobar los patrones espaciales en gradiente o en manchas de mayor o menor tamaño mencionados anteriormente. Estos mapas se utilizan para corregir la variable original, eliminando la covariación espacial y generando una variable espacialmente independiente.

La comparación de los resultados del análisis de varianza aplicado a los distintos diseños en relación al análisis de la variable corregida mediante el procedimiento ISA permite valorar la eficacia de los diseños experimentales en bloques (Tabla 27.1). En el caso de los sitios con un patrón espacial en gradiente, los BC absorben entre un 50,9 % y un 61,6 % de la

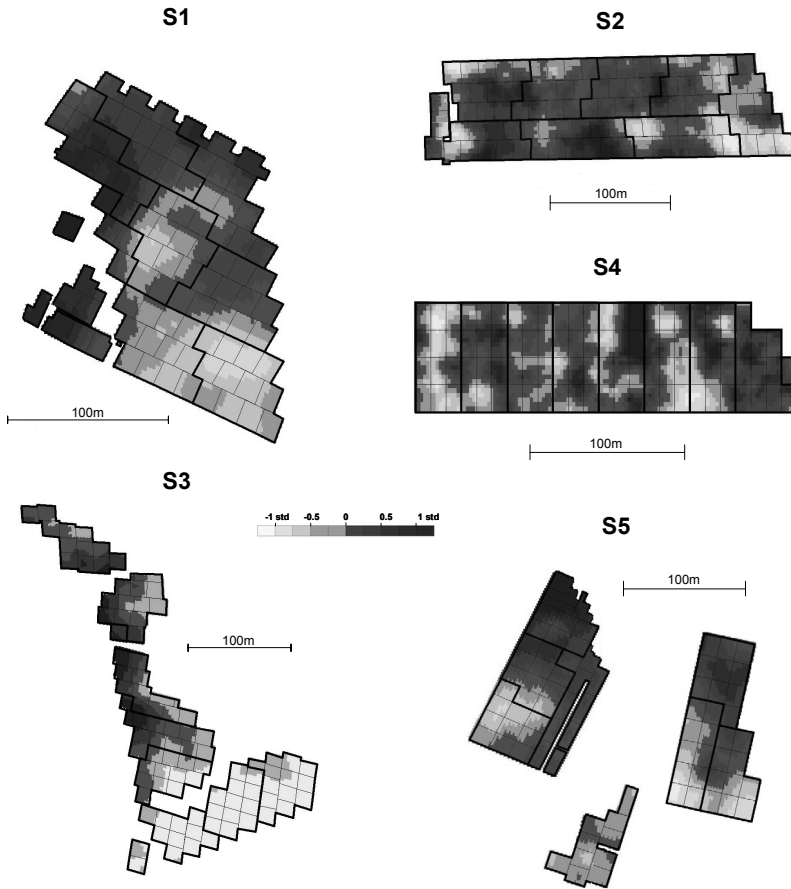


Figura 27.2. Modelización de la variación espacial de los residuos de la variable altura para los 5 sitios de ensayo, mediante kriging iterativo. Los valores oscilan entre $< -1,25$ STD (color claro) y $> +1,25$ STD (color oscuro), con intervalos de 0.25 STD, donde STD es la desviación típica de la variable original. Obsérvense las diferencias entre los patrones espaciales en gradiente o en manchas de mayor o menor tamaño entre los distintos ensayos. Las líneas gruesas indican los límites de los BC y las finas los de los BI.

variación espacial. La eficiencia de los BC en S3, donde el patrón se distribuye en manchas de gran tamaño, resultó similar. La eficiencia de los diseños de BI en estos mismos sitios mejoró sustancialmente, absorbiendo más del 80 % de la variación espacial. En los sitios S2 y S4, donde el patrón se distribuye en manchas de pequeño tamaño, los BC apenas son capaces de absorber la variación espacial existente y la eficiencia de los BC cae hasta el 10,6 % en S4 y el 15,4 % en S2. Los diseños de BI en estos sitios alcanzan

Tabla 27.1. Descomposición de la varianza fenotípica en 5 ensayos de progenie obtenida asumiendo el diseño de bloques incompletos (BI), el diseño de bloques completos (BC) subyacente y el método de análisis espacial iterativo ISA.

SITIO	DISEÑO	σ^2_{BLOQUE}	$\sigma^2_{\text{FAMILIA}}$	σ^2_{ERROR}	Eficiencia bloques ²
S1	BC	26,9	6,6	101,0	61,6
	BI	36,3	6,1	89,9	83,0
	ISA ¹	43,7	5,7	84,0	100,0
S2	BC	4,8	5,8	77,9	15,4
	BI	16,6	4,1	67,0	53,3
	ISA ¹	31,2	3,6	53,3	100,0
S3	BC	13,6	4,1	43,6	52,9
	BI	21,2	3,9	34,8	82,7
	ISA ¹	25,7	3,8	31,2	100,0
S4	BC	4,0	4,4	75,3	10,6
	BI	17,0	3,6	62,7	45,5
	ISA ¹	37,4	2,6	43,5	100,0
S5	BC	13,8	5,5	61,6	50,9
	BI	21,4	3,8	55,7	79,2
	ISA ¹	27,1	4,1	49,8	100,0

¹ En el modelo ISA, σ^2_{BLOQUE} se refiere a la cantidad de variación eliminada tras el ajuste espacial.

² La Eficiencia de los bloques indica el porcentaje de variación absorbida por los bloques en relación a la variación espacial eliminada mediante el método ISA.

una eficiencia de 53,3 % en S2 y 45,5 % en S4, lo que supone un aumento de alrededor del 35 % con respecto a los BC.

El porcentaje de varianza espacial absorbido por cada uno de los modelos se refleja en una disminución de la varianza del error (Tabla 27.1). La disminución de la varianza residual facilita la comparación entre familias y favorece la estimación de los parámetros genéticos, basados siempre en la comparación entre la varianza familiar y la varianza del error. En este sentido aunque los diseños de BI mejoran la situación, el análisis espacial se muestra siempre más eficiente, especialmente cuando el patrón espacial es en manchas de pequeño tamaño. Sin embargo, se observa que la varianza familiar también disminuye después del ajuste iterativo (Tabla 27.1), debido muy probablemente a que la autocorrelación espacial homogeniza los valores de la variable para aquellas plantas de la misma familia que pertenecen a una unidad experimental, resultando una varianza entre familias mayor. De esta manera las diferencias entre los distintos modelos en el porcentaje de variación explicado por las diferencias entre familias respecto a la varianza residual no es muy evidente.

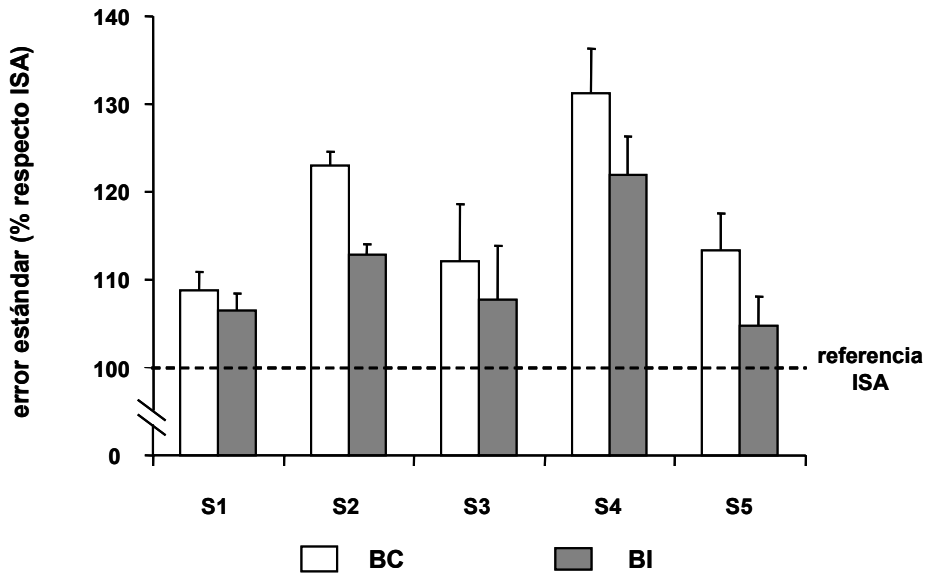


Figura 27.3. Promedio y desviación típica de los errores estándar de la estimación de los BLUPs de los efectos familiares en 5 ensayos de progenie, considerando el diseño de bloques completos (BC) y el diseño de bloques incompletos (BI) en relación a los obtenidos con el procedimiento de análisis espacial ISA que sirven como referencia.

La eficiencia de los distintos diseños experimentales empleados puede también evaluarse a través de los errores estándar de las estimaciones de los BLUPs de los efectos familiares (Fig. 27.3). Tomando como referencia (100%) los errores estándar obtenidos a partir de los datos corregidos mediante el proceso ISA, los diseños de BI y especialmente los de BC suponen un aumento notable de éstos o, en otras palabras, una disminución de la precisión de la estimación de los efectos familiares. En todos los casos el error estándar es menor en los diseños de BI que en los de BC, siendo la diferencia mayor cuando el patrón espacial se distribuye en manchas pequeñas (S2 y S3).

27.4. DISCUSIÓN

Los resultados del presente trabajo indican una notable mejoría de la eficiencia de los diseños de BI con respecto al clásico diseño de BC. Sin embargo, si se asume que los resultados del ajuste espacial son efectivamente más próximos a la realidad, los diseños de BI pueden resultar insuficientes para absorber toda la variación espacial, especialmente cuando ésta se presenta en manchas de pequeño tamaño. En estos casos sería preciso recurrir a técnicas de análisis espacial como el método ISA utilizado (Zas 2006) u otros de la amplia gama de métodos de ajuste espacial disponibles (ver capítulo 15). En cualquier caso, en los sitios donde la estructura espacial se presentó en manchas de pequeño tamaño, los diseños de BC resultan claramente inoperativos. A juzgar por estos resultados, el uso de diseños de BC en ensayos genéticos forestales no está justificado. Otros trabajos basados en datos simulados, donde se parte de una variación genética y espacial predeterminada, llegan a las mismas conclusiones (Fu *et al.* 1998; Gezan *et al.* 2006; Wu y Dutilleul 1999). A pesar de ello, muchos ensayos de este tipo han sido y siguen siendo instalados con diseños de BC (Magnussen 1993, Dutkowsky *et al.* 2006).

La mejora de la eficiencia de los BI frente a los BC es más evidente ante patrones espaciales caracterizados por presentar manchas pequeñas. La reducción del tamaño de los bloques mejora el ajuste de éstos al patrón espacial, ya que la heterogeneidad dentro de un bloque de pequeñas dimensiones es siempre menor (Fig. 27.2). Pero incluso ante patrones espaciales

en gradiente o en manchas de gran tamaño, donde los BC mejoran su comportamiento, los diseños de bloques incompletos demuestran mayor eficiencia que estos últimos. En estos casos las tasas de absorción espacial de los BI son relativamente elevadas y aparentemente suficientes como para evitar la necesidad de emplear otros métodos de ajuste espacial más complejos.

Los resultados presentados aquí suponen una evidencia empírica de la ventaja de los diseños de BI para ensayos genéticos forestales. Aunque los beneficios varían según la escala del patrón espacial en relación al tamaño de los bloques, el uso de diseños de BI siempre mejora la situación. Tal como recomiendan muchos autores (e.g. Fu 2003; Fu *et al.* 1998; Gezan *et al.* 2006; López y Arrúe 1995; Wu y Dutilleul 1999), los ensayos genéticos forestales deben siempre establecerse con diseños de BI. Sin embargo, aún implementando este tipo de diseños, siempre conviene explorar la estructura espacial de los residuos del modelo correspondiente, y en caso de detectarse patrones de dependencia espacial a escalas inferiores a las del tamaño del bloque, proceder al ajuste espacial con alguno de los métodos disponibles (Hamann *et al.* 2002, Zas 2006, Zas *et al.* 2007).

La variable analizada en el presente trabajo es la altura total tras el primer periodo vegetativo en campo, siendo previsible un aumento importante de la intensidad del patrón espacial a medida que los árboles se establecen en el terreno y van creciendo. La autocorrelación espacial tiende a aumentar con la edad hasta que los árboles empiezan a competir por los recursos, momento a partir del cual la autocorrelación espacial disminuye llegando incluso a hacerse negativa (Magnussen 1994). En otros trabajos, la intensidad del patrón espacial para el crecimiento en altura evaluada en distintas especies arbóreas a edades mayores (6-12 años) resulta, en general, mucho mayor (Fu *et al.* 1999, Zas 2006). Es por tanto previsible que las diferencias en la eficiencia entre los diseños de bloques estudiados aumente de forma notable con la edad. Cuando la intensidad del patrón espacial es mayor, las diferencias no sólo se mostrarían en la estimación de varianzas y errores estándar de los efectos del modelo, sino que también podría reflejarse en los rankings familiares y por lo tanto en la selección de los mejores genotipos, tal como se ha observado en otras ocasiones (Dutkowski *et al.* 2006; Zas 2006).

AGRADECIMIENTOS

Se agradece a Patricia Martín, Xoaquín Moreira, Emilio P. Gestido y Ricardo Ferradás su inestimable ayuda en las mediciones de campo, al igual que al resto del personal del CINAM de Lourizán que colaboró en la instalación o/y medición de las parcelas.

