



MARIO HENRIQUE MURAD LEITE ANDRADE

SPATIAL ANALYSIS ON POTATO BREEDING TRIALS

**LAVRAS-MG
2019**

MARIO HENRIQUE MURAD LEITE ANDRADE

SPATIAL ANALYSIS ON POTATO BREEDING TRIALS

Tese apresentada a Universidade Federal de
Lavras, como parte das exigências do Programa
de Pós-graduação em Genética e Melhoramento
Plantas, para a obtenção do título de Doutor.

Prof. Dr. César Augusto Brasil Pereira Pinto
Orientador

LAVRAS-MG
2019

**Ficha catalográfica elaborada pelo Sistema de Geração de Ficha Catalográfica da Biblioteca
Universitária da UFLA, com dados informados pelo próprio autor.**

Andrade, Mario Henrique Murad Leite.

Spatial Analysis on Potato Breeding Trials / Mario Henrique
Murad Leite Andrade. - 2019.

66 p.: il.

Orientador: César Augusto Brasil Pereira Pinto.

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Lavras, 2019.

Bibliografia.

1. Melhoramento de plantas. 2. Análise espacial. 3. Batata. I.
Pinto, César Augusto Brasil Pereira. II. Título.

MARIO HENRIQUE MURAD LEITE ANDRADE

SPATIAL ANALYSIS ON POTATO BREEDING TRIALS
ANÁLISE ESPACIAL APLICADA NO MELHORAMENTO DE BATATA

Tese apresentada a Universidade Federal de
Lavras, como parte das exigências do Programa
de Pós-graduação em Genética e Melhoramento
Plantas, para a obtenção do título de Doutor.

APROVADA em 9 de setembro de 2019.

Dr. Magno Antônio Patto Ramalho

UFLA

Dr. José Airton Rodrigues Nunes

UFLA

Dr. Renato Ribeiro de Lima

UFLA

Dr. Pedro Crescêncio Souza Carneiro

UFV

Prof. Dr. César Augusto Brasil Pereira Pinto
Orientador

LAVRAS-MG
2019

Aos meus pais Mario e Mirian por todo amor, apoio e confiança.

Dedico

Agradecimentos

Aos meus pais Mario Lucio e Mirian, a minha irmã Mariana, aos meus sobrinhos José Mario e Francisco, e ao meu cunhado Ricardo, por todo amor, companheirismo, amizade e suporte durante todos os momentos.

A minha namorada Ludmila por todo amor e companheirismo durante o tempo juntos, e por toda ajuda durante o desenvolvimento do trabalho.

A Universidade Federal de Lavras e ao programa de Pós-Graduação pela oportunidade concedida e pela formação como profissional.

Ao meu orientador, professor César A. Pereira Brasil Pinto, pela orientação, pelos ensinamentos, amizade, e confiança durante todos os momentos do mestrado.

Aos professores do programa de pós-graduação, Magno, João Cândido, João Bosco, José Airton, Elaine, Flávia e Ângela, pelos ensinamentos e aconselhamento que muito ajudou.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.

Aos companheiros do grupo do PROBATATA, Ramon, Claudio, Abel, Rafaela, Luana, Maiara e Marcio, pelo companheirismo, pelos bons momentos de trabalho e descontração, que faziam o trabalho ficar mais prazeroso.

A todos os amigos do programa de pós-graduação em genética e melhoramento de plantas pela amizade e companheirismo.

Aos funcionários do DBI Dona Iron, Zélia, Rafa, Lilian e Lamartine, pela dedicação e disponibilidade para ajudar sempre.

Lutar, Lutar, Lutar
Pelos gramados do mundo pra vencer
Clube Atlético Mineiro
Uma vez até morrer

RESUMO

A experimentação de campo para a fenotipagem de plantas é uma das principais atividades do melhoramento de plantas. As estimativas dos parâmetros genéticos de interesse são fatores determinantes para o sucesso do programa de melhoramento. A experimentação está sujeita a diversos erros tais como: diferenças na fertilidade do solo, quantidade de luz interceptada, competição entre parcelas, fenotipagem de baixa qualidade, estresses abióticos e bióticos que podem se distribuir de forma não homogênea e não serem quantificados da mesma forma, os quais podem interferir na seleção dos melhores genótipos. Uma maneira de amenizar este problema é o uso de abordagens analíticas mais precisas, como a análise espacial. Dessa forma, o presente trabalho verificou a eficiência de modelos espaciais, utilizando duas abordagens: modelos auto-regressivos de primeira ordem (AR1) e o modelo SpATS. Para o estudo foram utilizados 30 experimentos oriundos do programa de melhoramento de batata da UFLA (PRO-BATATA) e da Universidade da Florida. Os experimentos foram realizados nas safras entre 2016 a 2019, utilizando os delineamentos de blocos aumentados e de blocos completos casualizados. Três características foram analisadas: produção total de tubérculos (PTT), produção de tubérculos graúdos (PTG) e peso específico de tubérculos (PET). Na primeira etapa os dados foram analisados na abordagem de modelos mistos considerando os erros independentes. Após esse passo, os dados foram analisados utilizando os modelos AR1xAR1, AR1xAR1+nugget e SpATS. Os resultados obtidos com os modelos espaciais foram comparados com os resultados do modelo com erros independentes utilizando a variância do erro de predição (PEV), a herdabilidade (h^2) e também comparando o ranqueamento dos clones nos diferentes modelos e o consequente impacto na seleção dos melhores genótipos. Os modelos baseados no processo AR1 foram superiores quando comparados com o modelo base em 81% dos casos para a PTT e para a PTG, e em 61% dos casos para a PET. Não foi encontrado um único modelo que possa ser usado em todos os casos, sendo necessário a inclusão de diferentes parâmetros para o controle dos erros globais para cada caso. As duas abordagens, AR1 e SpATS, foram eficazes no controle da variação local e global apresentando resultados semelhantes. A eficiência relativa para o modelo AR1 foi de 119, 113 e 107 e para o modelo SpATS de 121, 126 e 118, para a PTT, PTG e PET respectivamente. Em raros casos a eficiência relativa foi ligeiramente menor com o uso da abordagem espacial. A herdabilidade média foi maior com o uso dos modelos espaciais para as três características, essas diferenças foram de 14% para PTT, 8% para PTG e 7% para PET. Estas diferenças na modelagem dos erros levam a diferenças nos clones selecionados quando a variação espacial foi de média a elevada magnitude, o que demonstra a importância do uso da forma analítica mais precisa. Os modelos espaciais se mostraram mais eficientes no controle da variação espacial em relação ao modelo com erros independentes, sendo que não houve diferenças nos resultados obtidos entre os modelos AR1 e SpATS. Dessa forma nós recomendamos o uso da análise espacial como padrão para a análise de dados de campo em programas de melhoramento de batata.

Palavras-chave: *Solanum tuberosum* L., melhoramento de plantas, batata, análise espacial.

ABSTRACT

Field experimentation for plant phenotyping is one of the main plant breeding activities. Estimating the genetic parameters of interest are determining factors for the success of the breeding program. Some errors can happen in this process: differences in soil fertility, the quantity of light intercepted, plot competition, errors on phenotyping, abiotic and biotic stress not homogeneous on the area, all these effects can change the process of selection. The use of good analytics approaches is a good way to reduce those errors. This study checked the efficiency of spatial models, using two different approaches: first-order autoregressive (AR1) and SpATS model. We used 30 potato breeding trials from the Universidade Federal de Lavras potato program (PRO-BATATA) and the University of Florida. The trials were carried out between the seasons 2016 - 2019, with the complete random block and augmented blocks designs. Three traits were used: total tuber yield (TTY), marketable tuber yield (MTY) and specific gravity (SG). On the first stage, the data were analyzed using a mixed models approach with independent errors. After this the data were analyzed using the models AR1xAR1, AR1xAR1+nugget and SpATS. To compare the results, we used the prediction error variance (PEV), heritability (h^2) and also the impacts on the selection of the best genotypes. The models based on the AR1 process got better results when compared with the base model in 81% cases for TTY and for MTY, and 61% for SG. There is not an unique model for all trials. It was necessary different parameters to control global errors in each case. Both models, AR1 and SpATS, were successful to control the local and global errors, showing the same results. The relative efficiency using the AR1 model were 119, 113 and 107% and for the SpATS 121, 116 and 118%, for TTY, MTY and SG respectively. Spatial models showed worst relative efficiency in just few cases. The average heritability was higher using the spatial model for all traits. These differences were 14% for TTY, 8% for MTY and 7% for SG. There were differences in the selection of the best clones using the spatial models in cases where the spatial variation was medium to high. These results demonstrate the importance of using the most accurate analytical method. Spatial models were more efficient to control the field variation compared with the model that assumes independent errors. AR1 and SpATS do not showed differences in their results. We recommend using the spatial analysis, based on AR1 or SpATS, as a default to analyze field data from a potato breeding program.

Keywords: *Solanum tuberosum* L., plant breeding, potato, spatial analysis.

Sumário

CAPÍTULO 1	11
1. INTRODUÇÃO GERAL	11
2. REFERENCIAL TEÓRICO.....	13
2.1 Origem e aspectos da cultura da batata.....	13
2.2 Melhoramento da batata	13
2.3 Análise espacial e de vizinhança.....	15
2.3.1 Método de Papadakis.....	19
2.3.2 Modelos auto-regressivo de primeira ordem - AR1.....	20
2.3.3 Spatial Analysis of field Trials – SpATS	25
REFERÊNCIAS.....	29
CAPÍTULO 2 – Increasing Accuracy in Potato Breeding Program Using Spatial Analysis.....	34
RESUMO	35
ABSTRACT	36
1 INTRODUCTION.....	37
2. MATERIAL E METHODS.....	40
2.1 Experimental designs and sites characterization.....	40
2.2 Traits Evaluated	42
2.3 Models for data analysis.....	42
2.3.1 Linear mixed model – assuming independent erros – base model	42
2.3.2 Spatial linear mixed model – AR1 x AR1	43
2.3.3 Spatial linear mixed model – AR1 x AR1 + <i>nugget</i>	44
2.3.4 SpATS model – Spatial Analysis of field trials with splines	44
2.4 Comparasion of different statistical models.....	45
2.4.1 Assessment for the adequacy of models	45
2.4.2 Relative efficiency	46
2.4.3 Heritability.....	46
2.4.4 Selection of the best clones.....	47
3. RESULTS.....	40
3.1 Spatial analysis in variation control.....	48
3.2 AR1 x SpATS.....	52
3.3 Relative efficiency and heritability	53
3.4 Impact on the selection of the best clones	57
4. DISCUSSION.....	59
5. CONCLUSION	63
6. REFERENCES.....	64

CAPÍTULO 1

1. INTRODUÇÃO GERAL

Em um programa de melhoramento de batata o principal objetivo é a seleção de melhores clones que superem as carências das cultivares utilizadas. Carências como baixas produtividades, baixa eficiência no aproveitamento na absorção de nutrientes, resistência a fatores bióticos e tolerância a estresses abióticos. O número de características utilizadas para atingir esses objetivos são inúmeras, podendo chegar até a 40 (BRADSHAW, 2017).

Todo o processo de melhoramento é baseado em boa parte em avaliações fenotípicas de dados de experimentos de campo. Utilizando-se um esquema de seleção recorrente, começando com o cruzamento de vários clones para a obtenção das populações, até a seleção de novos clones para serem utilizados como cultivares e/ou novos genitores para o início de um novo ciclo. Todo esse processo leva em média de 5 a 9 anos (GOPAL, 2015). A estimativa de parâmetros genéticos em um programa de melhoramento é crucial para o sucesso da seleção. Erros nas primeiras gerações de avaliação tem um custo muito alto e podem não gerar nenhum avanço ao final dos ciclos de seleção. A confiabilidade das estimativas dos parâmetros genéticos está diretamente ligada à qualidade dos dados obtidos, que por sua vez está correlacionada a uma boa condução dos experimentos.

Nas primeiras gerações clonais o número *seedlings* gerados podem ultrapassar os milhares, o que leva a necessidade do uso de grandes áreas experimentais para as avaliações (GOPAL, 2015). Esse tipo de situação pode aumentar a probabilidade da ocorrência de variações espaciais, que impactam de forma negativa no erro experimental, levando a erros na seleção (DUARTE, VENCOVSKY, 2005). Após as seleções nas primeiras gerações clonais o número de clones avaliados cai de forma significativa (BRADSHAW, 2017). Porém, mesmo nestes cenários, as variações espaciais podem estar presentes, por conta da dificuldade na obtenção de blocos homogêneos ou até mesmo por padrões criados na condução dos experimentos (GILMOUR et al., 1997).

O processo de avaliação dos experimentos de campo é um processo demorado e muito oneroso, representando um dos maiores gastos do programa de melhoramento. Dessa forma, maneiras de otimizar os recursos empregados no programa é de suma importância. A usual análise dos dados oriundos de experimentos agrícolas, como os de melhoramento de plantas, é realizada assumindo que os erros estimados nas diferentes parcelas são independentes. O uso de abordagens que consigam representar de forma fidedigna as variações que possam ocorrer nos experimentos de campo é uma forma eficaz e barata de se obter resultados melhores (GILMOUR et al., 1997). A adoção de melhores abordagens analíticas têm grande impacto na herdabilidade e na acurácia seletiva, sendo que resultados ainda melhores são obtidos em casos de experimentos instalados no delineamento de blocos aumentados (BURGUEÑO; GLAZ; YEATER, 2018).

Já foram propostos diversos modelos que conseguem lidar com a variação ambiental em experimentos oriundos de programas de melhoramento de plantas (PAPADAKIS, 1937; GILMOUR et al., 1997; VELAZCO et al., 2017). O modelo baseado em processos auto-regressivos de primeira ordem (AR1) é tido como o que melhor controla essas variações (GILMOUR et al., 1997). Sua eficácia já foi verificada nas mais diversas situações e em diversas culturas como: algodão (LIU et al., 2015), beterraba (MULLER et al., 2010), cevada (MULLER et al., 2010), trigo (GILMOUR et al., 1997) e azevém (SRIPATHI et al., 2017). O AR1 é um modelo robusto, capaz de obter estimativas mais próximas da variação real encontrada (ISIK, FIKRET; HOLLAND, JAMES; MALTECCA, 2017).

O modelo SpATS, proposto por Rodriguez-Alvarez et al. (2018) faz o uso de funções splines para suavizar as variações. O SpATS consegue simultaneamente controlar as variações globais e locais sem a necessidade de diversos passos na escolha do modelo, facilitando assim o uso dessa abordagem (VELAZCO et al., 2017). Sua eficácia frente ao modelo com erros independentes e a equivalência ao modelo AR1 foi reportada por Velazco et al. (2017) utilizando experimentos de um programa de melhoramento de sorgo.

Modelos espaciais possuem a vantagem de poderem ser aplicados sobre dados fenotípicos obtidos com o uso de delineamentos clássicos, sem a necessidade de nenhuma modificação na instalação do experimento no campo, sendo necessário apenas a manutenção da informação do grid do experimento. Essa abordagem não substitui os usuais delineamentos, ela funciona como um complemento às boas práticas experimentais, tendo o poder de melhorar as estimativas genéticas (BORGES et al., 2018).

Maneiras de aumentar a eficiência dos métodos convencionais de seleção devem ser procuradas. O desenvolvimento e aprimoramento dos delineamentos de campo, da avaliação de dados de campo, e de modelos que resultem em melhores estimativas de parâmetros genéticos e redução dos erros, devem ser buscados, com o intuito de aumentar os ganhos por ciclo de seleção. Dessa maneira, o objetivo deste trabalho foi estudar a eficiência de modelos espaciais no controle da variação ambiental em experimentos de programas de melhoramento de batata. A tese foi estruturada em dois capítulos, no primeiro foi feita uma revisão sobre melhoramento de batata e sobre os modelos espaciais; o segundo capítulo está apresentado o artigo no qual foram testados a eficiência dos modelos: com erros independentes, $AR \times AR1$, $AR1 \times AR1 + nugget$ e SpATS na análise de dados fenotípicos de programas de melhoramento de batata.

2. REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Origem e aspectos da cultura da batata

A batata (*Solanum tuberosum* L.) tem sua origem nos Andes, sudeste do Peru e no nordeste da Bolívia, sendo cultivada nas proximidades do lago Titicaca há mais de 8000 anos. Essa região é caracterizada por altitudes que variam de 2000 a 4000 metros acima do nível do mar, temperaturas amenas, dias curtos e grande incidência de radiação solar. Com a colonização europeia das Américas a batata foi introduzida na Europa, levada por esses colonizadores no século 16, em que, apesar de um clima temperado, os longos dias com mais de 14 horas de luz inibia a tuberização sendo necessária a realização de uma seleção visando a tuberização e a adaptação a dias longos.

Após essa adaptação, que se deu no final do século 18, a batata se espalhou por todos os continentes se tornando uma das principais fontes de energia (SALAMAN; HAWKES, 1949). As temperaturas amenas e os dias longos presentes nesta região propiciaram maiores períodos de fotossíntese, maior translocação de fotoassimilados para o tubérculo e baixas taxas de respiração durante as noites mais frias, aumentando assim a produção (LEVY; VEILLEUX, 2007). Após a sua disseminação a batata chegou até países tropicais e subtropicais, e hoje abrange áreas com latitudes de 65°N até 50°S e altitudes que vão do nível do mar até 4000m, ou seja, uma planta extremamente versátil e adaptada a diversas condições (BIRCH et al., 2012), tornando-se assim uma das mais importantes culturas do mundo e essencial para a segurança alimentar, em pouco mais de 300 anos desde sua chegada a Europa (HAWKES, 1994).

Apesar dessa ampla distribuição e razoável adaptação, a cultura da batata sofre perdas expressivas em condições tropicais, com a presença de estresse por altas temperaturas, fotoperíodos curtos e alta pressão de pragas (PINTO et al., 2011). Uma explicação para essa redução na produção é o fato de que as cultivares utilizadas no Brasil são em grande parte de origem europeia e americana, por exemplo a cultivar Ágata de origem holandesa, corresponde a 60% da área total plantada no país.

2.2 Melhoramento da batata

O melhoramento de plantas visa a melhor adaptação das plantas frente às necessidades humanas, sendo seu objetivo mais comum o aumento da produtividade. Os melhoristas devem ajudar os produtores lançando novas cultivares que se adaptem aos seus sistemas produtivos (BRADSHAW 2017). Em um programa de melhoramento de batata existem diversas características biológicas a serem consideradas, aproximadamente 40, desde características visuais e qualitativas até produtividade e tolerâncias a fatores abióticos (caracteres quantitativos). Este número de características é dinâmico, mudando de acordo com as exigências dos produtores e principalmente das exigências do mercado (BRADSHAW, 2017; GEBHARDT, 2013; GOPAL, 2015). Estas características variam de acordo com

o objetivo final do programa de melhoramento, como por exemplo o crescente mercado americano por tubérculos pequenos, o cultivo orgânico, além do apelo por clones com melhores valores nutricionais como clones com altos teores de vitamina A.

O aumento da produção por área no último século é resultado de esforços na adoção de melhores práticas de manejo e do desenvolvimento de novas cultivares. Em algumas culturas, o melhoramento teve papel principal no aumento de produtividade, como na soja, milho, trigo e várias outras (DOUCHES et al., 1996; DUVICK, 2005; MACKAY et al., 2011). Porém, este padrão não é observado para a cultura da batata, em que os ganhos para produtividade têm sido, em maior parte devido a avanços no manejo da cultura (DOUCHES et al., 1996; WALKER et al., 2009). Isto ocorre devido a necessidade de melhoria não só na produtividade, mas também para aspectos visuais do tubérculo, para atender os diferentes mercados, e para essas características, de fato foram obtidos enormes avanços. Como consequência os ganhos com a produtividade se estagnaram, já que a seleção simultânea de diversos caracteres com herança quantitativa leva a menores ganhos (DOUCHES et al. 1996). Outro ponto relevante, que é um dificultador no trabalho do melhorista de batata, é a herança tetrassômica apresentada pela maioria das cultivares de *S. tuberosum* ($2n=4x=48$), em que para cada locus são possíveis 5 genótipos em função do número de alelos dominantes (nuliplex, simplex, duplex, triplex e quadruplex), o que resulta em complexas segregações nas famílias geradas, levando até mesmo características oligogênicas a apresentarem uma enorme variação (GOPAL 2015).

O melhoramento de batata é realizado rotineiramente baseado em seleções fenotípicas, em esquema de seleção recorrente, sendo necessários muitos anos para se completar um ciclo, com duração média de 5 a 9 anos, até a obtenção de uma cultivar e ou de novos genitores para o próximo ciclo de melhoramento (GOPAL 2015). A seleção de famílias e posterior seleção dos melhores clones dentro dessas famílias nas fases seguintes do processo, ao invés da tradicional seleção clonal é uma maneira de otimizar os resultados obtidos (BRADSHAW, 2017; FIGUEIREDO et al., 2016). Recentemente, o uso da informação de parentesco se mostrou eficiente na obtenção de valores genéticos mais acurados (SLATER et al., 2016), como também o uso do BLUP para a seleção dos melhores clones e famílias (SLATER et al., 2014; TICONA-BENAVENTE; DA SILVA FILHO, 2015).

Existem algumas ferramentas moleculares, como o uso de marcadores SNP's na seleção genômica, que para algumas características podem ser utilizados para acelerar este processo, diminuindo o tempo total de um ciclo seletivo, com a identificação de novos genitores (SLATER et al., 2014, 2016). A combinação da seleção via marcadores moleculares e a estimação do valor genético podem reduzir consideravelmente a duração do ciclo de melhoramento (SLATER et al., 2014).

Numa primeira fase de um programa de melhoramento são obtidas as sementes verdadeiras provenientes dos cruzamentos e o número de *seedlings* nesta etapa pode chegar a até 100.000 indivíduos. Esse número faz-se necessário para que seja possível atingir ganhos significativos nas diversas características de interesse, uma vez que não haverá novas recombinações e também por conta da herança tetrassômica, e da elevada heterozigosidade dos genitores o que leva a um número imenso de

possíveis combinações genéticas. Esse número de indivíduos é reduzido para alguns milhares (1.000-4.000) após uma seleção visual para aparência geral dos tubérculos, que geralmente apresenta alta herdabilidade (BRADSHAW 2017), e a partir dessa fase, a primeira geração clonal (C1), se iniciam os experimentos em campo.

Na C1 o número de tubérculos para cada clone avaliado é limitado, o que resulta em tamanho de parcela bem reduzido, com parcelas de uma planta em alguns casos (BRADEEN; KOLE, 2016; HAYNES et al., 2012), e com a impossibilidade de se avaliar o clone em mais de uma parcela (repetições), obrigando o experimentador a usar o delineamento de blocos aumentados (FEDERER, 1956; MOEHRING; WILLIAMS; PIEPHO, 2014). A média dos genótipos a serem testados e que não se repetem são ajustadas a partir de testemunhas que se repetem nos diversos blocos. Outro ponto chave no início do programa são as grandes áreas necessárias para a implantação dos ensaios de campo, por conta do grande número de clones nas primeiras gerações, o que dificulta sobremaneira a obtenção de blocos homogêneos, fazendo com que a escolha por delineamentos de blocos incompletos sejam uma maneira eficiente de contornar esse problema.

Na segunda e terceira gerações o tamanho das parcelas e o número de repetições ainda podem ser limitados. Experimentos mais acurados com parcelas maiores, com repetições e em maior número de locais, para a mensuração da interação entre os clones e os diferentes ambientes, são implantados somente após estas primeiras fases e após o tamanho da população ter sido consideravelmente reduzido (BRADEEN; KOLE, 2016; LI et al., 2016).

O processo de melhoramento baseado em experimentos de campo é uma atividade que consome muito tempo e recursos. Dessa forma, o uso correto dos recursos e o uso das melhores abordagens estatísticas para se alcançar elevados valores de acurácia e parâmetros genéticos mais precisos, são de extrema importância.

2.3 Análise espacial e de vizinhança

A estimativa de parâmetros genéticos em um programa de melhoramento é crucial para o sucesso da seleção. Erros na seleção durante as primeiras gerações de avaliação podem causar um custo muito alto e podendo não gerar nenhum avanço ao final dos ciclos de seleção. A confiabilidade das estimativas dos parâmetros genéticos está diretamente ligada à qualidade dos dados obtidos, que por sua vez está correlacionada a boa condução dos experimentos, para não haver perdas de parcelas, e para que a fenotipagem ocorra sem erros nas mensurações.

Porém a experimentação de campo é sujeita às mais diversas formas de erro, como por exemplo diferenças na fertilidade do solo, quantidade de luz interceptada, competição entre parcelas, fenotipagem de baixa qualidade, estresses abióticos e bióticos que podem se distribuir de forma não homogênea e não serem quantificados da mesma forma, o sentido em que os tratos culturais e a colheita são realizados,

dentre outros. Todos esses efeitos podem criar algum tipo de tendência no campo inflacionando a variação residual (GRONDONA et al., 1996).

Os conceitos básicos da experimentação propostos por Fisher (1935) são: repetição, casualização e controle local. A repetição consiste em se repetir os tratamentos nas diferentes parcelas, possibilitando a estimação do erro experimental que é usado para a realização dos testes de hipóteses. O controle local está relacionado a maior homogeneidade entre as parcelas. Geralmente a área experimental é dividida em blocos, como é o caso do delineamento de blocos ao acaso e dos delineamentos em blocos incompletos, visando reduzir a variação entre parcelas e assim aumentando a precisão experimental. Por fim, a casualização tem como função diminuir as chances de que ocorra favorecimento a algum genótipo, permitindo que todos tenham a mesma probabilidade de serem alocados em qualquer uma das parcelas do experimento, evitando qualquer favorecimento ou criação de algum tipo de tendência. Dessa forma as parcelas são consideradas independentes umas das outras.

Porém, algum padrão pode ser criado durante a condução do experimento e/ou na tomada dos dados, que pode elevar a possibilidade da violação da independência entre as parcelas, pois parcelas mais próximas podem, apresentar maior correlação (STROUP; BAENZIGER; MULTIZE, 1994).

O controle local por vezes consegue contornar esse problema. O delineamento de blocos completos por exemplo é muito efetivo, pois cada tratamento estaria teoricamente dentro de um bloco homogêneo. Com o aumento do número de genótipos a serem testados fica comprometida a realização de uma blocagem de forma eficiente, pois a obtenção de um bloco com mais de 10 parcelas que possua completa homogeneidade é difícil de ser conseguida (DUARTE; VENCOVSKY, 2005). Outro problema é que mesmo sendo realizada uma boa blocagem alguns padrões podem não ser capturados pelos blocos, por exemplo padrões na fertilidade do solo.

Delineamentos de blocos incompletos, como o látice e os alpha designs, lidam com esse tipo de situação. Porém, mesmo com seu emprego, o pressuposto da independência das observações pode ser comprometido. Isso pode levar ao aumento da variância do erro e prejudicar os testes de comparação entre tratamentos, diminuindo a acurácia das estimativas realizadas e a eficiência em diferenciar os genótipos, sendo estes pontos cruciais em um programa de melhoramento.

A independência das observações obtida por meio da casualização pode ser mais eficiente quando se utiliza modelos espaciais (GRONDONA et al., 1996). A blocagem pode não ser eficiente no controle da variação local. Em alguns casos somente na tomada dos dados é percebido algum padrão na área que não foi eliminado. Nestes casos a “blocagem a posteriori”, com a mudança da matriz dos erros dos dados experimentais, pode contornar o problema (GRONDONA et al., 1996; RESENDE; STURION, 2003).

O fenômeno da correlação entre parcelas vizinhas é conhecido como autocorrelação espacial, que é definida por: a correlação entre valores separados por uma distância h . Essa relação entre dados é inerente aos mesmos e é definida pela tendência da semelhança entre observações vizinhas. Com o aumento da distância entre as observações essa correlação tende a diminuir. Essa relação entre as

parcelas pode diminuir a eficiência dos testes de comparação de médias aumentando a probabilidade de ocorrer erro do tipo II (tratamentos diferentes são tidos como iguais) em parcelas que estejam mais próximas e aumenta a probabilidade da ocorrência do erro tipo I (tratamentos iguais são tidos como diferentes) em parcelas mais distantes (DUARTE; VENCOVSKY, 2005; VAN ES; VAN ES, 1991).

As análises convencionais que consideram que todas as parcelas adjacentes não são correlacionadas possuem a matriz de covariância dos erros definida como, $R = I\sigma_e^2$, em que I é uma matriz identidade e σ_e^2 o componente de variância residual. Dessa forma os erros são considerados independentes e a posição dos tratamentos é ignorada. Porém, fenômenos naturais por vezes apresentam certa estrutura de correlação entre vizinhos e desta forma, estas variações não são de fato aleatórias.

Há a necessidade da utilização de diferentes formas de análise, como as análises espaciais, em que as parcelas não são consideradas independentes uma das outras. A utilização de modelos mistos permite especificar de forma mais acurada a matriz de variância e covariância dos erros. Desta forma, a matriz dos erros é definida como $R = F\sigma_e^2$, em que F não é uma matriz estimada considerando dependência entre os erros, estimada em função da distância entre as observações. A escolha acertada da matriz de variância e covariância dos erros tem grande relevância e não é tarefa simples, pois se escolhida de forma errada pode não representar a real situação em campo e prejudicar as inferências (RESENDE; STURION, 2001).

A análise espacial pode ser definida como um processo de detecção de algum padrão de variação em cada experimento e posterior procura pela melhor estrutura que estime e minimize essa variação. Essa abordagem não abandona a adoção de delineamentos experimentais que se adequem às variações do meio, mas melhora a distinção entre efeitos do genótipo e do ambiente, ponto esse crucial para a realização de uma seleção mais acurada e precisa (BURGUEÑO et al., 2000).

Existe um grande número de modelos espaciais empregados no melhoramento de plantas que lidam com esses efeitos de correlação espacial. Esses modelos permitem a obtenção de resultados mais precisos no que diz respeito aos parâmetros estimados e dos contrastes entre tratamentos (DUARTE; VENCOVSKY, 2005). As primeiras utilizações são do início do século passado com a análise do vizinho mais próximo (BARTLETT, 1978; PAPADAKIS, 1937) e de médias móveis (RICKEY, 1924), que são mais fáceis de serem implementadas pois ainda assumem a independência entre os erros, atuam criando uma covariável baseada nas parcelas adjacentes. No entanto possuem algumas limitações como a impossibilidade do uso em delineamentos de blocos aumentados.

Os modelos mais recentes, se tornaram mais acessíveis e passíveis de serem utilizados por conta do avanço computacional que permitiu maior velocidade nas análises, como é o caso dos modelos auto regressivo integrado de médias móveis (ARIMA) (GLEESON; CULLIS, 1987), auto regressivo separável de primeira ordem em duas dimensões (AR1 x AR1) (GILMOUR et al., 1997), modelo de variância linear (WILLIAMS, 1986) e P-splines em duas dimensões (RODRÍGUEZ-ÁLVAREZ et al., 2018), sendo que este último difere dos demais por não especificar uma matriz de erros diferente.

Os métodos de vizinhança, como o Papadakis, se baseiam em ajustar uma covariável para a melhor predição dos efeitos de cada tratamento. Essa covariável é baseada na observação dos dados ou dos erros das parcelas vizinhas. Já os modelos AR1 estimam a matriz de erros por meio de um processo auto regressivo em uma direção (AR1 - linhas ou colunas) e os modelos AR1 x AR1 também consideram os erros por meio de processo auto regressivo, porém levando em consideração duas dimensões (linhas e colunas) (RESENDE; STURION, 2003). O modelo SpATS proposto por Velazco et al. (2018), não modifica a matriz dos erros, mas usa uma regressão B-spline aliada com uma penalização (P-splines) para modelar de forma direta as tendências do campo.

No típico modelo de análise de variância via modelos lineares fixos o modelo é apresentado como: $y = X\beta + \varepsilon$, e assume que os erros possuam média 0, sejam independentes e igualmente distribuídos ($\varepsilon \sim N, 0, R = I\sigma_e^2$). Desta maneira a matriz de variância e covariância residual é apresentada da seguinte maneira:

$$R = \begin{pmatrix} \sigma_e^2 & 0 & 0 & \dots & 0 \\ 0 & \sigma_e^2 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \sigma_e^2 & 0 & 0 \\ \dots & 0 & 0 & \dots & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \sigma_e^2 \end{pmatrix} = I\sigma_e^2$$

em que y é o vetor das observações; X é a matriz do delineamento; β é um vetor com os efeitos fixos; e ε é um vetor aleatório dos erros com média 0 e matriz de variâncias e covariâncias $R = I\sigma_e^2$, em que I é uma matriz identidade; baseado no método dos quadrados mínimos ordinários, é assumida uma completa independência entre as parcelas, a opção para correção de tendências espaciais em modelos fixos são os já citados modelos de vizinhança.

Já na análise via modelos lineares mistos o modelo é apresentado como: $y = X\beta + Z\gamma + \varepsilon$, assumindo $\varepsilon \sim MVN, (0, R = I\sigma_e^2)$; $\gamma \sim MVN (0, G = I\sigma_g^2)$; $y = X\beta$; $\text{Var}(y) = V = ZGZ' + R$; neste modelo há a incorporação de uma matriz de delineamento Z e de um vetor γ de efeitos aleatórios - os demais fatores do modelo já foram definidos no modelo anterior. Nesta abordagem é possível determinar qualquer estrutura de correlação entre as parcelas, seja pela incorporação de informação na matriz G - matriz de variâncias e covariâncias genéticas (por exemplo uso de uma matriz de parentesco (A) entre as observações, que pondera as variâncias na matriz G) ou por meio de mudanças na matriz R , assumindo assim que as observações não são independentes. Ao modelar a variação espacial, a matriz R passa a ser representada por uma matriz de variância e covariâncias que não possui valores nulos para todos os elementos fora da diagonal. Estes valores agora serão calculados em função da distância entre as observações, utilizando por exemplo o processo auto-regressivo (GEZAN; WHITE; HUBER, 2010). A modelagem da matriz G já é bem difundida e amplamente utilizada, porém não se vê o mesmo padrão para a matriz R , em que rotineiramente é assumindo a independência dos erros (DUARTE; VENCOSKY, 2005).

Grande vantagem dos modelos de análise espacial reside no fato de que eles podem ser aplicados sobre dados obtidos de delineamentos clássicos, sem nenhuma mudança no posicionamento ou disposição dos tratamentos no campo, não sendo necessária nenhuma mudança na instalação das parcelas, mas apenas manter a informação da disposição dos tratamentos no campo (coordenadas) (BROWNIE; BOWMAN; BURTON, 1993).

A variação fenotípica observada entre clones, além do componente de natureza genética contém uma variação ambiental que é agravada por esta correlação espacial, sendo que nas comparações entre genótipos o melhorista de plantas deve distinguir o que é de natureza genética do que é ambiental, a fim de realizar a seleção de forma fidedigna, alcançando assim maiores ganhos (RAMALHO, M. A. P., ABREU, A. D. F., SANTOS, J. D., & NUNES, 2012).

Uma das maneiras de se conseguir maiores ganhos com a seleção refere-se à redução do erro experimental e conseqüente incremento na acurácia seletiva. Modelar a variação espacial é uma maneira efetiva e de baixo custo para controlar variações no campo, especialmente nos casos em que os delineamentos experimentais não conseguem capturar com sucesso a variação existente. Dessa forma a adoção dessa estratégia apresenta grande impacto na estimativa da herdabilidade e acurácia seletiva especialmente nos experimentos instalados em delineamentos de blocos aumentados (BURGUEÑO; GLAZ; YEATER, 2018).

Nos próximos tópicos os métodos de Papadakis, pela sua importância histórica, e os modelos AR1 e SpATS, serão detalhadamente revisados.

2.3.1 Método de Papadakis

O método do vizinho mais próximo ou método de Papadakis (PAPADAKIS, 1937), cujo nome é referência ao autor que o propôs, é baseado na inclusão de uma covariável obtida por meio da observação das parcelas vizinhas, que tem como objetivo central a diminuição do erro experimental, ou seja, o ajuste é realizado por meio de uma análise de covariância.

O autor tinha seus estudos focados nas ciências do solo, e não concordava com o método de blocagem para se obter áreas mais uniformes para a instalação de experimentos, que ignoravam padrões de fertilidade do solo, e por isso formulou e propôs tal método para que tal erro pudesse ser corrigido. Pearce (1998) indica que com o uso do método de Papadakis a blocagem pode ser ignorada. Essa covariável é obtida pela média dos erros das parcelas vizinhas. O erro para cada parcela é obtido pela diferença entre o valor observado da parcela menos o valor médio do tratamento da parcela. O número de vizinhos utilizados é variável, porém é usual utilizar os vizinhos imediatos (esquerda, direita, acima e abaixo) à parcela (FILHO; STORCK; LÚCIO, 2003). Dessa maneira seria eliminada qualquer tendência existente no solo.

Bartlett (1938) utilizou o método de Papadakis em experimentos de algodão e obteve reduções no erro e melhoria nas estimativas, além de propor o uso do método conjuntamente ao uso da blocagem para aumentar sua eficiência.

Filho et al. (2003) avaliaram a eficiência do método aplicado a ensaios de competição de um grande número de cultivares de milho. Utilizaram o rendimento de grãos como variável e compararam a análise em blocos completos casualizados e em delineamento inteiramente casualizado, considerando a análise de covariância sendo a covariável estimada pelo método de Papadakis. Os autores concluíram que o método de Papadakis foi eficiente em diminuir o erro experimental e assim melhorar a eficiência da discriminação das cultivares, além de indicar que o uso dos quatro vizinhos mais próximos foi mais eficiente.

Utilizando 36 experimentos de feijão e 2 de milho, Costa et al. (2005) compararam a eficiência de diferentes formas de análise dos experimentos. As análises foram feitas considerando o modelo com erros independentes, os métodos de Papadakis e de médias móveis e por fim uma modelagem espacial utilizando o modelo esférico para a o ajuste das covariâncias. Os autores concluíram que os modelos de Papadakis e de médias móveis foram eficientes em melhorar o controle local, diminuindo a variância ambiental em 5,5% e 6,2% respectivamente.

Diversos outros trabalhos, nas mais variadas culturas, já foram realizados utilizando o método de Papadakis com intuito de melhorar as estimativas: milho (STORCK; FILHO; TOEBE, 2010), trigo (BENIN et al., 2014; KATSILEROS; DROSOU; KOUKOUVINOS, 2015), feijão (COSTA; BUENO FILHO; RAMALHO, 2005), abobrinha (SANTOS et al., 2014), pimentão (SANTOS et al., 2014), soja (VOLLMANN et al., 2000), dentre outras, na maioria com resultados positivos, o que reforça a hipótese de melhoria das estimativas genéticas, porém não foram encontrados relatos na literatura da sua utilização na cultura da batata.

2.3.2 Modelos espaciais auto-regressivo de primeira ordem - AR1

Gleeson e Cullis (1987), assumindo que a correlação espacial era causada por uma tendência (erro), propuseram que esta poderia ser modelada por meio de um processo auto-regressivo integrado de médias móveis – modelo ARIMA, sendo este processo em apenas uma direção – linhas ou colunas. No entanto, alguns trabalhos demonstraram a ineficiência desse modelo baseados na diferença entre vizinhos (KEMPTON; SERAPHIN; SWORD, 1994). Martin (1990) e Cullis e Gleeson (1991) com intuito de aprimorar o método propuseram estender o modelo para duas dimensões – linhas e colunas. Tal modelo, representado por $ARIMA \otimes ARIMA$; este modelo se mostrou superior ao ser comparado com os demais modelos (BURGUEÑO et al., 2000; RESENDE; STURION, 2003).

Grondona et al. (1996) utilizaram 35 experimentos para investigar a eficácia da análise espacial, utilizando diferentes modelos, em comparação com blocos incompletos. Os autores concluíram que o modelo auto-regressivo de primeira ordem em duas dimensões (AR1) foi o melhor na maioria dos casos.

Dessa forma, os modelos mais populares e considerados mais robustos para lidar com a heterogeneidade espacial em ensaios de campo, são os que modelam a matriz dos erros em um processo AR1, como já foi relatado por vários autores (GILMOUR et al., 1997; PIEPHO et al., 2015; STEFANOVA; SMITH; CULLIS, 2009).

Gilmour et al. (1997) propuseram adotar o modelo AR1 em duas dimensões (linhas e colunas) como padrão para a análise de experimentos de campo, devido a superioridade apresentada por este modelo na maioria dos casos. Modelos baseados em processos AR1 são muito úteis em experimentos que possuem as parcelas espaçadas numa mesma distância. São mais robustos para a maioria dos casos, não que esse processo de estimação seja exatamente o que represente o comportamento dos erros, mas é uma aproximação da real variação (ISIK; HOLLAND; MALTECCA, 2017).

Os erros nos modelos AR1 são calculados com base em uma diminuição exponencial na correlação entre as parcelas na direção das linhas e colunas com o aumento da distância entre as observações, sendo estes valores de correlação diferentes para cada direção. Sendo assim, é considerado que parcelas vizinhas, ou mais próximas, tendem a ser mais correlacionadas do que aquelas que estão mais distantes no *grid* e, o aumento da distância faz com que a autocorrelação tenda para zero (PIEPHO et al., 2015, ISIK et al., 2017). Essa distância pode ser mensurada como distância geográfica ou a partir do número de linhas ou colunas que separam as observações, sendo que essa correlação entre as parcelas nunca será maior que 1.

Modelos que utilizam os processos AR1 necessitam da estimação de dois parâmetros para a construção da matriz R, além do componente de variância do erro que já é normalmente estimado nos modelos lineares mistos. Esses parâmetros, que são coeficientes de autocorrelação, são estimados com base na relação da distância entre as parcelas, um para as colunas - ρ_c , e outra para as linhas - ρ_l .

A matriz dos erros é calculada pelo produto kronecker das duas sub matrizes referentes as matrizes de correlação das linhas e das colunas: $R = \sigma_e^2 [\Sigma(\rho_c) \otimes \Sigma(\rho_l)]$, em que: σ_e^2 é o componente da variância do erro, as matrizes $\Sigma(\rho_c)$ e $\Sigma(\rho_l)$ são as matrizes de correlação com dimensões iguais ao número de colunas e linhas respectivamente, e ρ_c e ρ_l são parâmetros de autocorrelação para as colunas e linhas respectivamente que são estimados pelo estimador por máxima verossimilhança restrita. Ambas matrizes são simétricas, e sendo omitido os termos acima da diagonal têm-se as matrizes:

$$\Sigma(\rho_c) = \begin{pmatrix} 1 & & & & & \\ \rho_c & 1 & & & & \\ \rho_c^2 & \rho_c & 1 & & & \\ \dots & \dots & \dots & \dots & \dots & \\ \rho_c^{c-1} & \rho_c^{c-2} & \rho_c^{c-3} & \dots & \dots & 1 \end{pmatrix} \text{ e } \Sigma(\rho_l) = \begin{pmatrix} 1 & & & & & \\ \rho_l & 1 & & & & \\ \rho_l^2 & \rho_l & 1 & & & \\ \dots & \dots & \dots & \dots & \dots & \\ \rho_l^{l-1} & \rho_l^{l-2} & \rho_l^{l-3} & \dots & \dots & 1 \end{pmatrix}.$$

Para ilustrar o processo vamos considerar um experimento com 4 linhas e 3 colunas. Assim,

aditiva, e dessa forma tal efeito é importante no ajuste de modelos mistos individuais (RESENDE; STURION, 2003).

Liu et al. (2015) relataram que a correlação no ranqueamento entre os modelos com e sem o *nugget* foi em média 0,991, indicando que o uso do modelo com o erro independente não leva a ganhos significativos, o que pode ser benéfico visto o problema relatado na conversão de modelos que incluem o *nugget*. Qiao et al. (2000) também constataram pequenas diferenças entre os modelos com e sem a parte independente do erro. Porém, ressaltam que em alguns casos o modelo com o *nugget* se mostrou mais eficiente.

Em alguns dos casos em que os valores estimados para as autocorrelações ficam próximos de zero, podem ocorrer problemas na estimação do *nugget* (GILMOUR et al., 1997). Problemas na convergência do algoritmo da máxima verossimilhança restrita dos parâmetros do modelo AR1 podem acontecer (DUTKOWSKI et al., 2006; PIEPHO et al., 2015). Em casos em que os valores de autocorrelação se aproxima de 1 também podem ocorrer problemas na convergência (PIEPHO et al., 2015).

Além dos dois erros já descritos acima ξ e η , chamados de erro local e o erro de amostragem, existe a possibilidade, talvez a necessidade, de se incluir um terceiro tipo de erro. Este erro é chamado de erro global, o qual os delineamentos podem ser ineficientes para controlá-los sendo necessário a inclusão de novos termos no modelo, como por exemplo a informação de linhas e colunas. Sendo muito comum a significância de todos os três tipos de erros em dados oriundos de experimentos com parcelas pequenas. A modelagem simultânea dos erros locais e globais é semelhante a abordagem geoestatística para modelagem de padrões (GILMOUR et al., 1997; STEFANOVA et al., 2009).

Uma maneira de se controlar o erro global é a inclusão de funções lineares e polinomiais nas linhas e colunas na parte fixa do modelo. Outra é a inclusão de funções splines, com a inclusão de termos na parte fixa e na parte aleatória do modelo, como por exemplo, funções lineares para as coordenadas na parte fixa do modelo e uma função spline nas coordenadas na parte aleatória do modelo (GILMOUR et al., 1997; STEFANOVA et al., 2009).

Chen et al. (2018) demonstraram que o controle do erro global foi significativo em experimentos de melhoramento de uma espécie de conífera, porém a correlação do valor genético dos indivíduos entre o modelo espacial e o espacial estendido (erros globais) foi em média 98%, mostrando que apesar de significativo o modelo estendido não gerou alterações no ranqueamento dos genótipos. Outros trabalhos também demonstraram a significância da modelagem dos erros globais (QIAO et al., 2000; STEFANOVA; SMITH; CULLIS, 2009; STRINGER; CULLIS, 2002).

Há a possibilidade do aparecimento de um quarto erro, que está associado às práticas agronômicas realizadas no campo nos sentidos das linhas ou colunas, como por exemplo, a colheita de forma serpenteada. Este erro também pode ser controlado pela inclusão das linhas e colunas como fatores do modelo ou com a adoção de delineamentos linha-coluna (STEFANOVA; SMITH; CULLIS, 2009).

Alguns trabalhos já demonstraram a necessidade da modelagem dos erros globais e dos erros criados devido aos tratos culturais (DUTKOWSKI et al., 2002; STEFANOVA; SMITH; CULLIS, 2009). Além disso o processo AR1 sozinho não é adequado para modelar o erro local e global simultaneamente (GILMOUR et al., 1997; STEFANOVA; SMITH; CULLIS, 2009). O processo de escolha dos modelos deve ser realizado com o uso de algumas ferramentas: para verificar a presença do erro global uma alternativa é plotar os erros em relação as linhas e as colunas, o que permite a detecção de irregularidades na distribuição dos erros.

Outro gráfico utilizado para ajudar na escolha do melhor modelo é o variograma, que é a representação da semivariância calculada para diferentes distâncias (BURGUEÑO; GLAZ; YEATER, 2018). Considerando um processo anisotrópico (padrão de variabilidade espacial diferente para cada direção) a semivariância é a variância esperada da diferença entre resíduos em relação a distância das parcelas nas direções das linhas e colunas (ISIK; HOLLAND; MALTECCA, 2017). Um modelo que mostre um bom ajuste deve apresentar um variograma com um padrão plano após as primeiras distâncias, esse padrão indica um processo estacionário que é a condição primordial para a estimativa da semivariância. Do contrário, um variograma sem um padrão plano, indica um processo não estacionário que indica um ajuste pobre do modelo, e a necessidade da inclusão de novos parâmetros no modelo (BURGUEÑO; GLAZ; YEATER, 2018). Há grande dificuldade na interpretação do variograma, mas padrões ondulados ou com picos são indícios de que o modelo não é o mais adequado para o controle dos padrões espaciais (GILMOUR et al., 1997; STEFANOVA; SMITH; CULLIS, 2009).

O uso do variograma é de grande importância para a detecção de variações nos erros e na decisão da inclusão de novos parâmetros no modelo, porém a comparação entre modelos, assim como a inclusão de novos fatores devem ser realizadas com base em testes formais. Para modelos que possuam os mesmos efeitos fixos e também que sejam encaixados, o teste da razão da verossimilhança (LRT) pode ser utilizado para testar efeitos aleatórios do modelo. Já modelos que possuam os mesmos fatores fixos, porém não aninhados, podem ser comparados através de critérios de informação como por exemplo o Critério de Informação de Akaike (AIC) e o Critério de Informação Bayesiano (BIC) (ISIK; HOLLAND; MALTECCA, 2017; LIU et al., 2015; STEFANOVA; SMITH; CULLIS, 2009). Para verificar a significância de fatores fixos pode ser realizado o teste F aproximado baseado no teste de Wald (LIU et al., 2015; STEFANOVA; SMITH; CULLIS, 2009).

A flexibilidade do modelo AR1 é extremamente prática, pois permite modelar as tendências globais e locais, além da possibilidade da inclusão dos efeitos das linhas e das colunas. Eles têm se mostrado muito eficientes para diversas culturas, em situações na experimentação agrícola e no melhoramento de plantas (CHEN et al., 2018; DUTKOWSKI et al., 2002, 2006; GEZAN; WHITE; HUBER, 2010; GILMOUR et al., 1997; LIU et al., 2015; MAIA et al., 2012; MÜLLER et al., 2010; QIAO et al., 2000; RESENDE; STURION, 2003; SARKER; SINGH; ERSKINE, 2001; SRIPATHI et al., 2017; STEFANOVA; SMITH; CULLIS, 2009).

Liu et al. (2015) estudaram a eficiência da análise espacial em experimentos de algodão irrigado por sulco, utilizando dados oriundos de testes avançados de um programa de melhoramento. Os modelos espaciais foram os melhores de acordo com o LRT em 64% dos casos, sendo que houve um melhor ajuste do modelo com a inclusão de parâmetros para modelar os erros globais em 50%. Além disso, houve um aumento na eficiência relativa, com o modelo espacial sendo 75% superior em média e, com uma redução de 42% na variância do erro de predição, o que leva a uma maior acurácia. Com isso os autores concluíram que o modelo AR1 é eficiente para lidar com os erros locais e globais simultaneamente, porém fica claro que não existe apenas um modelo para todos os cenários, sendo necessária a análise individual para cada experimento.

Chen et al. (2018) também encontraram uma superioridade do modelo AR1 comparado ao modelo base em um estudo envolvendo experimentos de melhoramento de coníferas (*spruce*). Estes autores testaram a eficiência do modelo AR1 em 145 experimentos, totalizando 434 características, em que o modelo espacial foi superior em 381 delas, ou seja, em 88% dos casos. Essa variação no sucesso do modelo entre diferentes características já foi relatada em outros trabalhos (DUTKOWSKI et al., 2006), sendo relatada uma redução da variância de blocos nos modelos AR1, que variou de 45% até 86%. Outra importante mudança foi na variância genética que para algumas características aumentou e para outras diminuiu. Essa falta de padrão já foi relatada por outros autores (DUTKOWSKI et al., 2006, 2002).

Resende e Sturion (2003) preconizam que a análise espacial via modelos auto-regressivos gera blocos homogêneos sem variação entre as parcelas dentro de cada bloco, e melhora as estimativas genéticas e do erro. Porém os mesmos autores ressaltam que a aplicação destas metodologias não pode ser utilizada em todos os casos, e o experimentador deve realizar uma análise ambiental para a certificação da dependência espacial, apesar do resultado ser no mínimo igual ao das estimativas das análises tradicionais. Outros autores também relataram maior impacto de modelos AR1 em casos que apresentavam alta heterogeneidade entre blocos (elevados valores para a razão entre a variância dos erros dos blocos) (DUTKOWSKI et al., 2006; CHEN et al., 2018).

O modelo AR1 pode levar a maiores ganhos com a seleção quando comparado aos modelos com erros independentes (QIAO et al., 2000; SARKER; SINGH; ERSKINE, 2001; SRIPATHI et al., 2017; STRINGER; CULLIS, 2002). A falta de coincidência entre a seleção entre os modelos espaciais e não espaciais é influenciada pela intensidade de seleção praticada (QIAO et al., 2000), o que demonstra que o modelo AR1 não só melhora a precisão experimental, mas também reduz o risco do melhorista em realizar uma seleção inexata.

2.3.3 Spatial analysis of field trials – SpATS

A função Spline é definida como um modelo de regressão polinomial dividida por partes. O uso de splines para a inferência da relação entre variáveis – dependentes e independentes, é uma alternativa

frente as comuns práticas da estatística, como a regressão linear ou polinomiais, consistindo de um modelo bastante flexível. A definição matemática da função é dada por: um spline de grau n , é uma função contínua, obtida por partes, unindo múltiplos polinômios para gerar uma curva mais suave para um conjunto de dados. A parte que liga dois polinômios é chamado de nós, pois ele une as duas funções gerando uma curva mais suave (GRIGGS 2013).

Esta função consegue capturar grande parte da sinuosidade dos dados sem nenhuma instabilidade, até mesmo na presença de complexos padrões de variação (CAPPA et al., 2011). Existem diversos tipos de funções splines: spline linear, cúbico, B-splines, P-splines. Estas funções se diferem na ordem do polinômio, no método utilizado para a escolha do número e posição dos nós e/ou no grau de suavização das curvas.

Visto a eficácia da função spline em controlar dados com estruturas complexas e de elevada variação, esta função já foi utilizada em diversos trabalhos agrícolas, visando um melhor controle das variações ambientais (CAPPA et al., 2011, 2015; DURBÁN; CURRIE, 2003; DUTKOWSKI et al., 2002; TAYE; NJUHO, 2008; VERBYLA et al., 1999). Diferente de modelos que tentam controlar a variação residual modificando a maneira como a matriz dos erros é estimada, os modelos baseados em funções splines não modificam a estrutura da matriz de erros, mas sim modelam uma superfície de suavização.

A aplicação de funções splines para o controle da variação global é feito através da inclusão dessa função no sentido das linhas e/ou colunas. Essa abordagem é recomendada aliada à modelagem da variação local por meio de um processo AR1 (DUTKOWSKI et al., 2002; GILMOUR et al., 1997), pois possuem uma limitação para capturar as variações em pequena escala (variação local). Porém a inclusão de funções splines no sentido das linhas e colunas geralmente não resulta em grandes incrementos na precisão experimental (DUTOWSKI et al., 2002), sendo úteis para eliminar algum padrão criado durante o experimento (GILMOUR et al., 1997).

Eilers e Marx (1996) propuseram um interessante modelo chamado de splines penalizados (P-splines) em uma dimensão. P-splines são um tipo de spline que utiliza splines básicos (B-splines) com os nós igualmente espaçados e uma penalização, que consiste na diferença entre os nós (EILERS; MARX; DURB, 2015). B-Splines são definidos por funções polinomiais unidas em certos valores denominados nós, e o grau do polinômio pode variar, sendo o mais comum quadrático ou cúbico. A penalização possui o objetivo de controlar o grau de suavização da função evitando um sub ou super ajuste do modelo, e está associada à escolha do número ótimo de nós (CAPPA; CANTET, 2007; EILERS; MARX; GRIGGS 2013; DURB, 2015).

Os mesmos autores estenderam o modelo para a estimação ao longo de duas dimensões (2D P-splines), utilizando um produto tensorial de dois B-splines. Em ambas abordagens os parâmetros da função B-spline foram tratados como fixos, e posteriormente foi formulado em uma abordagem via modelos lineares mistos (CAPPA; CANTET 2007). De acordo com Velazco et al. (2017) o vínculo entre P-splines e modelos mistos permite o uso de eficientes algoritmos para a modelagem da variação,

trazendo grandes vantagens. Nessa abordagem os parâmetros de suavização são estimados pela máxima verossimilhança restrita (REML) na forma de componentes de variância.

Cappa et al. (2015) aplicaram o modelo 2D P-spline com uma abordagem bayesiana, para o controle da variação ambiental em ensaios de progênies de *Pinus taeda* L. e com dados simulados. Neste trabalho houve a inclusão de uma superfície suavizada em ambas as direções (linhas e colunas) para o controle das variações locais e globais, considerando um processo isotrópico, por considerar um mesmo parâmetro controlando a variação em ambas as direções. Os autores relataram a importância de contabilizar a variação ambiental e seus impactos na estimação dos parâmetros genéticos e predição dos valores genéticos.

Um novo modelo baseado na utilização do P-spline bidimensional via modelos mistos, foi proposto por Rodriguez-Alvarez et al. (2018). O modelo foi chamado de “Spatial Analysis of field trials with splines” ou simplesmente SpATS. Este modelo ajusta simultaneamente para as variações locais e globais, utilizando um produto tensorial de P-splines (RODRÍGUEZ-ÁLVAREZ et al., 2018). Este modelo também usa a penalização para facilitar o processo de ajuste do modelo evitando uma super ou sub parametrização. O modelo SpATS é semelhante ao utilizado por Cappa et al. (2015), porém vai além com a utilização de uma penalização anisotrópica, considerando que o padrão de variação espacial é diferente no sentido de linhas e colunas.

O SpATS como citado acima é estruturado na abordagem de modelos lineares misto. O modelo possui dois termos para estimar a superfície espacial suavizada, um de natureza fixa e não penalizado, e um segundo de natureza aleatória que é penalizado. A parte fixa é representada por uma tendência linear ao longo das linhas e colunas e da interação entre as mesmas, e a parte aleatória é a tendência suavizada ao longo das linhas e colunas, da interação das mesmas, totalizando os 5 parâmetros espaciais (VELAZCO et al. 2017). O modelo tem uma clara interpretação dos parâmetros espaciais ao utilizar a decomposição do P-spline ANOVA (LEE; DURBÁN; EILERS, 2013), que utiliza estes 5 parâmetros: tendências lineares nos sentidos das linhas e sua interação e duas tendências suavizadas uma no sentido das linhas e outra no sentido das colunas, para mensurar o sentido e dimensão da variação espacial.

Um conceito central na metodologia do P-spline é o tamanho efetivo do modelo ou número de parâmetros do modelo, que é uma medida da complexidade do modelo e está principalmente associado aos parâmetros de suavização (EILERS et al., 2015; VELAZCO et al., 2017). Há um tamanho efetivo para cada componente de variância do modelo. O tamanho efetivo da superfície espacial estimada é calculado pelo traço da matriz chapéu referente a parte aleatória desta superfície, essa matriz é chamada de matriz de suavização. A soma da diagonal dessa matriz expressa o número de parâmetros efetivamente envolvido na modelagem da superfície espacial e dessa forma o tamanho efetivo é interpretado como uma medida da extensão da variação espacial, em que valores maiores são o indicativo de maiores variações (VELAZCO et al., 2017; RODRIGUEZ-ALVAREZ et al., 2018).

Os autores elencam quatro propriedades interessantes sobre o SpATS: são apresentadas estimativas diretas da variação espacial; a estimação é rápida e estável; o modelo lida bem com parcelas

perdidas, mesmo em grandes números; uma extensão para uma resposta não normal ao longo das linhas do modelo linear. Um quinto ponto interessante é a ligação que os autores fazem entre a estimação da herdabilidade proposta por Cullis et al. (2006) e a aquela obtida por meio do tamanho efetivo da parte genética do modelo SpATS, o que torna o cálculo da herdabilidade mais fácil e também possibilita a comparação com a herdabilidade obtida por outros modelos espaciais (VELAZCO et al., 2017; RODRIGUEZ-ALVAREZ et al., 2018).

Velazco et al. (2017) utilizaram o modelo SpATS para o controle da variação espacial em 21 experimentos de melhoramento de sorgo (*Sorghum bicolor* L.). Neste estudo foram utilizadas 3947 linhas em delineamento parcialmente replicado ($p=30\%$). Para fins de comparação, o SpATS foi avaliado conjuntamente com o modelo AR1 (GILMOUR et al., 1997). Os métodos foram comparados em termos de estimativas de componente de variância, melhoria da precisão, correlação dos efeitos genotípicos e das estimativas de herdabilidade. Houve equivalência das melhorias na precisão e dos valores genotípicos produzidos pelo modelo SpATS e pelos demais modelos espaciais mais adequados para cada ensaio. No entanto, de acordo com os autores, uma vantagem apresentada pela utilização do modelo SpATS foi a modelagem simultânea por um modelo único de todos os padrões de tendência espacial e efeitos genéticos. Outra vantagem seria a estratégia de utilização de um modelo flexível para ajustar adequadamente as tendências de campo, o que reduz os possíveis problemas de identificação de parâmetros e simplifica o processo de seleção de modelos.

REFERÊNCIAS

- BARTLETT, M. S. The approximate recovery of information from replicated field experiments with large blocks. **The Journal of Agricultural Science**, v. 28, n. 03, p. 418, 1938.
- BARTLETT, M. S. Nearest Neighbour Models in the Analysis of Field Experiments. **Journal of the Royal Statistical Society: Series B (Methodological)**, v. 40, n. 2, p. 147–158, 1978.
- BENIN, G. et al. Improving the precision of genotype selection in wheat performance trials. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 13, n. 4, p. 234–240, 2014.
- BIRCH, Paul RJ et al. Crops that feed the world 8: Potato: are the trends of increased global production sustainable?. **Food Security**, v. 4, n. 4, p. 477-508, 2012.
- BORGES, A. et al. Can spatial modeling substitute for experimental design in agricultural experiments? **Crop Science**, v. 59, n. 1, p. 44–53, 2019.
- BRADEEN, James M.; KOLE, Chittaranjan (Ed.). **Genetics, genomics and breeding of potato**. CRC Press, 2016.
- BRADSHAW, J. E. Review and Analysis of Limitations in Ways to Improve Conventional Potato Breeding. **Potato Research**, v. 60, n. 2, p. 171–193, 2017.
- BROWNIE, C.; BOWMAN, D. T.; BURTON, J. W. Estimating spatial variation in analysis of data from yield trials: A comparison of methods. **Agronomy Journal**, v. 85, n. 6, p. 1244–1253, 1993.
- BURGUEÑO, J. et al. **User's guide for spatial analysis of field variety trials using ASREML**. Cimmyt, 2000.
- BURGUEÑO, J.; GLAZ, B.; YEATER, K. M. Chapter 12: Spatial Analysis of Field Experiments. In: **Applied statistics in agricultural, biological and environmental sciences**, p. 319-344, 2018.
- CAPPA, E. P. et al. Two-dimensional penalized splines via Gibbs sampling to account for spatial variability in forest genetic trials with small amount of information available. **Silvae Genetica**, v. 60, n. 1, p. 25–35, 2011.
- CAPPA, E. P. et al. A novel individual-tree mixed model to account for competition and environmental heterogeneity: a Bayesian approach. **Tree Genetics and Genomes**, v. 11, n. 6, 2015.
- CAPPA, E. P.; CANTET, R. J. C. Bayesian estimation of a surface to account for a spatial trend using penalized splines in an individual-tree mixed model. **Canadian Journal of Forest Research**, v. 37, n. 12, p. 2677–2688, 2007.
- CHEN, Z. et al. Efficiency of using spatial analysis for Norway spruce progeny tests in Sweden. **Annals of Forest Science**, v. 75, n. 1, p. 1–13, 2018.
- COSTA, J. R.; BUENO FILHO, J. S.; RAMALHO, M. A. P. Análise espacial e de vizinhança no melhoramento genético de plantas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 40, n. 11, p. 1073–1079, 2005.
- CULLIS, B. R.; GLEESON, A. C. Spatial Analysis of Field Experiments-An Extension to Two Dimensions. **Biometrics**, v. 47, n. 4, p. 1449, 1991.
- CULLIS, B. R.; SMITH, A. B.; COOMBES, N. E. On the design of early generation variety trials with correlated data. **Journal of Agricultural, Biological, and Environmental Statistics**, v. 11, n. 4, p. 381–393, 2006.
- DOUCHES, D. S. et al. Assessment of potato breeding in the USA over the past century. **Crop**

Science, v. 36, p. 1544–1552, 1996.

DUARTE, João Batista; VENCOVSKY, Roland. Spatial statistical analysis and selection of genotypes in plant breeding. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 40, n. 2, p. 107-114, 2005.

DURBÁN, M.; CURRIE, I. D. A note on P-spline additive models with correlated errors. **Computational Statistics**, v. 18, n. 2, p. 251–262, 2003.

DUTKOWSKI, G. W. et al. Spatial analysis methods for forest genetic trials. **Canadian Journal of Forest Research**, v. 32, n. 12, p. 2201–2214, 2002.

DUTKOWSKI, G. W. et al. Spatial analysis enhances modelling of a wide variety of traits in forest genetic trials. **Canadian Journal of Forest Research**, v. 36, n. 7, p. 1851–1870, 2006.

DUVICK, Donald N. The contribution of breeding to yield advances in maize (*Zea mays* L.). **Advances in agronomy**, v. 86, p. 83-145, 2005.

EILERS, P. H. C.; MARX, B. D. Flexible smoothing with B -splines and penalties. **Statistical Science**, v. 11, n. 2, p. 89–121, 1996.

EILERS, P. H. C.; MARX, B. D.; DURB, M. Twenty years of P-splines. **SORT: Statistics and Operations Research Transactions**, v. 39, p. 149–186, 2015.

FALCONER, Douglas Scott et al. Introduction to quantitative genetics. **Introduction to quantitative genetics.**, 1960.

FEDERER, W. T. Augmented (or hoonuiaku) designs. **Hawaiian Planter's Record**, v. 55, p. 191–208, 1956.

FIGUEIREDO, Izabel Cristina Rodrigues de et al. Efficiency of selection in early generations of potato families with a view toward heat tolerance. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 15, n. 4, p. 210-217, 2015.

FILHO, A. C.; STORCK, L.; LÚCIO, A. D. C. Ajustes de quadrado médio do erro em ensaios de competição de cultivares de milho pelo método de Papadakis. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, v. 38, n. 4, p. 467–473, 2003.

GEBHARDT, Christiane. Bridging the gap between genome analysis and precision breeding in potato. **Trends in Genetics**, v. 29, n. 4, p. 248-256, 2013.

GEZAN, S. A.; WHITE, T. L.; HUBER, D. A. Accounting for spatial variability in breeding trials: A simulation study. **Agronomy Journal**, v. 102, n. 6, p. 1562–1571, 2010.

GILMOUR, Arthur R.; CULLIS, Brian R.; VERBYLA, Arūnas P. Accounting for natural and extraneous variation in the analysis of field experiments. **J Agric Biol Environ Stat**, v. 2, n. 3, p. 269-293, 1997.

GLEESON, A. C.; CULLIS, B. R. Residual Maximum Likelihood (REML) Estimation of a Neighbour Model for Field Experiments. **Biometrics**, v. 43, n. 2, p. 277–287, 1987.

GOPAL, J. Challenges and Way-forward in Selection of Superior Parents, Crosses and Clones in Potato Breeding. **Potato Research**, v. 58, n. 2, p. 165–188, 2015.

GRONDONA, M. O. et al. Spatial Analysis of Yield Trials Using Separable Arima Processes. **Biometrics**, v. 52, n. 2, p. 763–770, 1996.

HAWKES, J. G. Origins of cultivated potatoes and species relationships. **Potato genetics**, 1994.

HAYNES, K. G. et al. Early generation selection at multiple locations may identify potato parents that

produce more widely adapted progeny. **Euphytica**, v. 186, n. 2, p. 573-583, 2012.

ISIK, F.; HOLLAND, J.; MALTECCA, C. **Genetic data analysis for plant and animal breeding**. Cham, Switzerland: Springer, 2017.

KATSILEROS, A.; DROSOU, K.; KOUKOUVINOS, C. Evaluation of nearest neighbor methods in wheat genotype experiments. **Communications in Biometry and Crop Science**, v. 10, n. 2, p. 115–123, 2015.

KEMPTON, R. A.; SERAPHIN, J. C.; SWORD, A. M. Statistical Analysis of Two-Dimensional Variation in Variety Yield Trials. **The Journal of Agricultural Science**, v. 122, n. 3, p. 335–342, 1994.

LEE, D. J.; DURBÁN, M.; EILERS, P. Efficient two-dimensional smoothing with P-spline ANOVA mixed models and nested bases. **Computational Statistics and Data Analysis**, v. 61, p. 22–37, 2013.

LEVY, D.; VEILLEUX, R. E. Adaptation of Potato to High Temperatures and Salinity A Review. **Amer J of Potato Res**, v. 84, p. 487–506, 2007.

LI, K. et al. Selection for Individual Traits in the Early Generations of Potato Breeding Program Dedicated to Processing Chips. **Journal of Agriculture and Environmental Sciences**, v. 5, p. 15-24, 2016.

LIU, S. M. et al. Benefit of spatial analysis for furrow irrigated cotton breeding trials. **Euphytica**, v. 201, n. 2, p. 253–264, 2015.

MACKAY, I. et al. Reanalyses of the historical series of UK variety trials to quantify the contributions of genetic and environmental factors to trends and variability in yield over time. **Theoretical and Applied Genetics**, 2011.

MAIA, E. et al. Aplicação da análise espacial na avaliação de experimentos de seleção de clones de laranjeira Pêra. **Ciência Rural**, v. 43, n. 1, p. 8–14, 2012.

MARTIN, R. J. The use of time-series models and methods in the analysis of agricultural field trials. **Communications in Statistics - Theory and Methods**, v. 19, n. 1, p. 55–81, 1990.

MOEHRING, Jens; WILLIAMS, Emlyn R.; PIEPHO, Hans-Peter. Efficiency of augmented p-rep designs in multi-environmental trials. **Theoretical and applied genetics**, v. 127, n. 5, p. 1049-1060, 2014.

MÜLLER, B. U. et al. Comparison of spatial models for sugar beet and barley trials. **Crop Science**, v. 50, n. 3, p. 794–802, 2010.

PAPADAKIS, J. S. Méthode statistique pour des expériences sur champ. **Bull. Inst. Amel. Plantes a Salonique**, v. 23, p. 13–29, 1937.

PEARCE, S. C. Field experimentation on rough land: The method of Papadakis reconsidered. **Journal of Agricultural Science**, v. 131, n. 1, p. 1–11, 1998.

PIEPHO, H. P. et al. Problems in parameter estimation for power and AR(1) models of spatial correlation in designed field experiments. **Communications in Biometry and Crop Science**, v. 10, n. 1, p. 3–16, 2015.

PINTO, C. A. et al. Potencial de clones elite de batata como novas cultivares para Minas Gerais. **Horticultura Brasileira**, v. 28, n. 4, p. 399–405, 2011.

QIAO, C. G. et al. Evaluation of experimental designs and spatial analyses in wheat breeding trials. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 100, n. 1, p. 9–16, 2000.

RAMALHO, M. A. P., ABREU, A. D. F., SANTOS, J. D., & NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: UFLA: 2012.

RESENDE, M. D. DE V.; STURION, J. A. Análise estatística espacial de experimentos via modelos mistos individuais com erros modelados por processos arima em duas dimensões. **Revista Matemática Estatística**, v. 21, n. 1, p. 7–33, 2003.

RESENDE, M. D. V.; STURION, J. A.. Análise genética de dados com dependência espacial e temporal no melhoramento de plantas perenes via modelos geoestatísticos e de séries temporais empregando REML/BLUP ao nível individual. **Embrapa Florestas-Documents (INFOTECA-E)**, 2001.

RICKEY, F. D. Adjusting yields to their regression on a moving average, as a means of correcting for soil heterogeneity. **Journal of Agricultural Research**, v. 27, p. 79–90, 1924.

RODRÍGUEZ-ÁLVAREZ, M. X. et al. Correcting for spatial heterogeneity in plant breeding experiments with P-splines. **Spatial Statistics**, v. 23, p. 52–71, 2018.

SALAMAN, R. N.; HAWKES, J. G. The character of the early European potato. In: **Proceedings of the Linnean Society of London**. Oxford, UK: Blackwell Publishing Ltd, 1949. p. 71-84.

SANTOS, D. et al. Effect of neighborhood and plot size on experiments with multiple-harvestoleraceous crops. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 49, n. 4, p. 257–264, 2014.

SARKER, A.; SINGH, M.; ERSKINE, W. Efficiency of spatial methods in yield trials in lentil (*Lens culinaris* ssp. *culinaris*). **Journal of Agricultural Science**, v. 137, n. 4, p. 427–438, 2001.

SLATER, A. T. et al. Improving the analysis of low heritability complex traits for enhanced genetic gain in potato. **Theoretical and applied genetics**, v. 127, n. 4, p. 809-820, 2014.

SLATER, A. T. et al. Improving genetic gain with genomic selection in autotetraploid potato. **The plant genome**, v. 9, n. 3, 2016.

SRIPATHI, R. et al. Spatial variability effects on precision and power of forage yield estimation. **Crop Science**, v. 57, n. 3, p. 1383–1393, 2017.

STEFANOVA, K. T.; SMITH, A. B.; CULLIS, B. R. Enhanced diagnostics for the spatial analysis of field trials. **Journal of Agricultural, Biological, and Environmental Statistics**, v. 14, n. 4, p. 392–410, 2009.

CARGNELUTTI FILHO, A.; STORCK, L.. Evaluation statistics of the experimental precision in corn cultivar trials. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, n. 1, p. 17-24, 2007.

STRINGER, J. K.; CULLIS, B. R. Application of spatial analysis techniques to adjust for fertility trends and identify interplot competition in early stage sugarcane selection trials. **Australian Journal of Agricultural Research**, v. 53, n. 8, p. 911-918, 2002.

STROUP, W. W.; BAENZIGER, P. S.; MULTIZE, D. K. Removing spatial variation from wheat yield trials: A comparison of methods. **Crop Science**, v. 34, n. 1, p. 62–66, 1994.

TAYE, G.; NJUHO, P. M. Smoothing fertility trends in agricultural field experiments. **Statistics**, v. 42, n. 3, p. 275–289, 2008.

TICONA-BENAVENTE, C. A.; DA SILVA FILHO, D. F. Comparison of BLUE and BLUP/REML in the selection of clones and families of potato (*Solanum tuberosum*). **Genetics and Molecular Research**, v. 14, n. 4, p. 18421-18430, 2015.

VAN ES, H. M.; VAN ES, C. L. Spatial Nature of Randomization and Its Effect on the Outcome of Field Experiments. **Agronomy Journal**, v. 85, n. 2, p. 420–428, 1991.

VELAZCO, J. G. et al. Modelling spatial trends in sorghum breeding field trials using a two-dimensional P-spline mixed model. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 130, n. 7, p. 1375–1392, 2017.

VERBYLA, A. P. et al. The Analysis of Designed Experiments and Longitudinal Data by Using Smoothing Splines. **Journal of the Royal Statistical Society**, v. 48, n. 3, p. 269–311, 1999.

VOLLMANN, J. et al. Spatial field variations in soybean (*Glycine max* [L.] Merr.) performance trials affect agronomic characters and seed composition. **European Journal of Agronomy**, v. 12, n. 1, p. 13–22, 2000.

WALKER, T. S. et al. Potato Genetic Improvement in 15 Developing Countries and CIP's Role in Varietal Change. **Crop Variety Improvement and its Effect on Productivity: The Impact of International Agricultural Research**, p. 315, 2003.

WILLIAMS, E. R. A neighbour model for field experiments. **Biometrika**, v. 73, n. 2, p. 279-287, 1986.

CAPÍTULO 2 – INCREASING ACCURACY IN POTATO BREEDING PROGRAM USING SPATIAL ANALYSIS

Artigo redigido conforme a NBR 6022 (ABNT, 2003) e formatado de acordo com o Manual da UFLA de apresentação de teses e dissertações.

RESUMO

A experimentação agrícola está sujeita a diversas variações e a variação espacial entre as parcelas de um experimento está presente em diversas situações, nos mais diversos delineamentos experimentais. Experimentos em melhoramento de plantas se enquadram nessa situação, em que, o elevado número de genótipos testados obriga o experimentador a usar extensas áreas o que aumenta a probabilidade da ocorrência da variação espacial. O emprego de modelos que não lidam com essa variação pode levar a erros na seleção dos melhores genótipos. A correção pode ser realizada com o emprego de técnicas de análise que utilizam a informação das parcelas vizinhas, e assim a média dos genótipos é corrigida pela variação espacial presente. Este trabalho utilizou os modelos auto-regressivo de primeira ordem e SpATS para modelar a variação espacial em 30 experimentos oriundos de programas de melhoramento de batata considerando 3 diferentes características. Os resultados obtidos com o emprego dos modelos espaciais foram comparados com o modelo base (erros independentes) pela precisão, herdabilidade (acurácia) e o impacto na seleção dos melhores clones. Os modelos espaciais foram eficazes no controle dos erros locais e globais, e alcançaram maior precisão e eficiência em relação ao modelo base na maioria dos cenários. A abordagem espacial também levou a maiores herdabilidade devido a diminuição dos erros, para todas as características. A correção das médias considerando a variação espacial levou a diferenças no ranking dos clones, e conseqüentemente, na seleção dos melhores clones. Desta forma sugerimos que a análise espacial deva ser utilizada para análise de dados fenotípicos de programas de melhoramento de batata.

Palavras-chave: *Solanum tuberosum* L., melhoramento de plantas, batata, análise espacial.

ABSTRACT

Agricultural experimentation is subject to several variations. The spatial variation between the plots of an experiment is present in several situations, in the most diverse experimental designs. Plant breeding experiments fall into this situation, where the high number of tested genotypes requires the breeder to use large areas which increases the likelihood of spatial variation. The use of models that do not deal with this variation can lead to errors in selecting the best genotypes. The correction can be performed using analysis methods that use information from neighboring plots. In these methods the average genotype is corrected by the present spatial variation. This study used the first-order autoregressive and SpATS models to model spatial variation in 30 experiments from potato breeding programs in 3 different traits. The results obtained with the use of spatial models were compared with the base model (independent errors) for precision, heritability (accuracy) and the impact on the selection of the best clones. Spatial models were effective in controlling local and global errors, and achieved greater accuracy and efficiency over the base model in most scenarios. The spatial approach also led to greater heritabilities for all characteristics. The correction of the averages considering the spatial variation led to differences in the clone ranking, and consequently in the selection of the best clones. Thus, we suggest that spatial analysis should be used to analyze phenotype data of potato breeding programs.

Keywords: *Solanum tuberosum* L., plant breeding, potato, spatial analysis.

1. INTRODUCTION

Plant breeding aims at the development of plants to meet human needs. Among the activities performed by the plant breeder, the most important is the conduction of field experiment for the selection of superior individuals. Usually the first steps of a breeding program test hundreds or even thousands of genotypes with few or any replication and in a few sites. After successive selections, this number of clones is reduced and only a few individuals will be tested with more repetitions and in several sites.

Potato breeding (*Solanum tuberosum* L.) is routinely performed based on phenotypic selections of field trial data using recurrent selection, taking many years to complete a cycle, lasting an average of 5 to 9 years, until obtaining a cultivar (GOPAL, 2015). The first stages of the potato breeding program are characterized by a high number of clones to be tested, which is necessary to achieve gains in the numerous traits evaluated (up to 40) (BRADSHAW et al., 2017), and also because there is no new recombination during the process.

A key point at the beginning of the breeding program is the large areas required for the field experiments, due to the large number of clones in the first generation, which makes it difficult to obtain homogeneous blocks, so that the choice of incomplete block design is an efficient way to avoid the block heterogeneity. Errors in selection in these first stages can lead to the failure of the whole process.

Field trial is prone to several variations, which may be intrinsic and/or extrinsic, and it may cause some form of spatial variation between experimental plots (SRIPATHI et al., 2017). There are several sources of variation that interfere with field trials, such as soil fertility and moisture, competition between plots, the direction in which crop treatments are performed (GILMOUR et al., 1997), non-homogeneously distributed biotic and abiotic stresses. This spatial variation may appear locally (patches) or as a global trend (gradients) (GILMOUR et al., 1997; SRIPATHI et al., 2017).

Fisher's classical work (1935), states that a well-designed experiment is based on three basic principles: randomization, replication, and local control. Local control (blocking) and randomization are associated with controlling spatial variation. The purpose of blocking is to decrease the variation between plots by defining a homogeneous block. The emergence of heterogeneity in the blocks may lead to erroneous estimates, thus reducing the ability to discriminate the best individuals (STROUP et al., 1994).

In some cases, spatial variation is not fully and effectively captured by local control alone (GILMOUR et al., 1997). Even in more complex designs, such as incomplete blocks, this variation may not be controlled, as they may occur on small scales, smaller than the size of the blocks (GRONDONA et al., 1996). A posteriori modeling is a good way to control these variations, using different variance-covariance structures of the error matrix.

Plots that are close to each other are expected to be more correlated than those that are far apart. This correlation between close plots is known as spatial correlation and can be defined by correlation between observations separated by a distance h . This correlation tends to decrease with increasing

distance. This relationship between plots can reduce the efficiency of the means comparison tests by increasing the probability of type II error (different treatments are considered similar) in closer plots and increasing the probability of type I error (similar treatments are taken as different) in more distant plots (VAN ES; VAN ES, 1991; DUARTE; VENCOVSKY, 2005).

Spatial analysis can detect variation patterns for each trial, and then look for the best structure that minimizes this variation a posteriori. This approach does not abandon the adoption of good experimental designs for local control, but improves the distinction between genotype and environmental effects, which is crucial for a more accurate and precise selection (BURGUENO, 2018; BORGES et al., 2018). There are a large number of spatial models used in plant breeding that deal with spatial correlation effects, the most common of which are those that consider the correlation between neighbors to adjust local and global variations (VELAZCO et al., 2017). These models allow obtaining more precise results regarding the estimated parameters and the contrasts between treatments (DUARTE; VENCOVSKY, 2005).

The idea of using spatial correction comes from the beginning of the last century with the neighborhood analysis, which creates a covariate based on the observation of errors or the observation of the phenotypic adjacent plots, with the purpose of adjusting the spatial variation (RICKEY, 1924; PAPADAKIS, 1937). Gilmour et al. (1997) mentions that the two-dimensional first-order autoregressive model (AR1 x AR1) best represents variations in the field. These authors classify errors into three types: local, global trends, and extraneous variations. For the use of this model, the authors suggest initially to model the variance-covariance matrix of the errors in a two-dimensional AR1 process to control local variation. After this step, the need to control the global errors and the variations caused by crop treatments are checked. This is done by analyzing the variogram, which indicates the existence of trends in the field; these errors are controlled by including the row and/or column information in the model and also by modeling the variation for each direction using linear, polynomial and/or spline functions (GILMOUR et al., 1997; STEFANOVA et al., 2009).

The effectiveness of the AR1 model for controlling variations in agricultural and plant breeding experiments has been demonstrated in several crops: cotton (LIU et al., 2015), sugar beet (MULLER et al., 2010), barley (MULLER et al., 2010), wheat (GILMOUR et al., 1997), ryegrass (SRIPATHI et al., 2017), among others.

Paget et al. (2015) using 21 trials from the early stages of a potato breeding program verified the efficiency of the AR1 model in controlling heterogeneity within these experiments. These authors concluded that the AR1 model, although not presenting the best fit for all scenarios, considering different traits, was efficient in controlling the variations and therefore should be considered in the analysis of potato breeding experiments.

Despite the robustness of the AR1 process-based models, there are other models for controlling spatial variation, such as the linear variance model (PIEPHO; WILLIAMS, 2010) and SpATS (Spatial Analysis of Field Trials with Splines) (RODRIGUEZ et al., 2018). The latter uses a two-dimensional P-

spline regression (2D P-splines) to deal with variation, thus modeling a smooth surface (VELAZCO et al., 2017). SpATS simultaneously models local and global variations in a single step, which prevents the need to check the inclusion of new parameters. This model proved to be as efficient as the AR1 model for controlling spatial variation in sorghum breeding experiments (VELAZCO et al., 2017).

The objective of this study was to use the spatial analysis to check for the presence of spatial variation in experiments from potato breeding programs and to correct it with the use of spatial analysis, to verify if the AR1xAR1 and SpATS models present the same results in the control of this variation and finally to check the impact of using this data analysis approach in the selection of the best clones.

2. MATERIAL AND METHODS

2.1 Experimental designs and sites characterization

For evaluation of the different spatial analysis models, 19 trials from the Potato Breeding Program of Universidade Federal de Lavras (PROBATATA-UFLA) were installed at the Center for Scientific and Technological Development, in the city of Lavras - MG, Brazil, at 918.8 meters above the sea level, latitude 21°14'S and longitude 45°59'W. Additionally 11 potato clone trials from the Horticulture Department of the University of Florida (UF) were installed at the Hastings Agricultural Extension Center in Hastings - FL, United States of America, 2.1 meters above the sea level, latitude 29°72'N and longitude 81°51'W.

The number of clones, designs, number of blocks and number of rows and columns of each one of the trials are shown in Table 1.

Table 1 – Experimental design, number of clones, blocks, number of columns and lines of the trials.

Trial	Experimental design*	Clones		Blocks	Columns	Rows
		Regulars	- Checks			
VEA.18	AUG	117	- 4	10	6	31
INA.17	AUG	117	- 4	10	7	25
VEA.19	AUG	117	- 4	10	6	28
INA.18	AUG	117	- 4	10	20	9
CLAIN	AUG	492	- 2	21	23	25
CLAG	AUG	492	- 2	21	18	31
CLVE	AUG	492	- 2	21	27	20
LU.18	AUG	1151	- 2	40	80	18
MAI.17	AUG	356	- 5	15	20	23
AB.17	RBD	23	- 2	3	3	31
AB.18	RBD	23	- 2	3	20	4
MA.17	RBD	24	- 3	3	5	19
MA.18	RBD	24	- 3	3	4	31
VELV	RBD	17	- 2	3	19	3
VELM	RBD	17	- 2	3	16	4
VEC.17	RBD	117	- 4	3	31	13
INC.17	RBD	117	- 4	3	6	31
VEC.18	RBD	117	- 4	3	14	28
INC.18	RBD	117	- 4	3	20	19
UF.S15	RBD	22	- 5	4	14	8
UF.S16	RBD	39	- 4	4	11	17
UF.S17	RBD	17	- 4	4	5	17
UF.S18	RBD	26	- 4	4	8	16
UF.P15	RBD	42	- 8	4	10	20
UF.P16	RBD	58	- 10	4	13	21
UF.P17	RBD	22	- 10	4	7	20
UF.P18	RBD	20	- 12	4	8	16
UF.A16	AUG	130	- 4	2	6	36
UF.A17	AUG	146	- 4	2	6	34
UF.A18	AUG	146	- 4	2	7	30

*AUG and RBD stands for: Augmented block design and complete block design.

Fonte: Do autor (2019).

The trials conducted at UFPA were carried out in summer and winter crops from the seasons 2017, 2018 and 2019. The plots consisted of five plants spaced 0.30m between plants and 0.80m between rows. Only in the experiment number LU.18 it was used three plants per plot. The cultural treatments of all the experiments were carried out according to the recommendations for the crop from state of Minas Gerais, with the fertilization of 3000 kg⁻¹ ha of formulated fertilizer 04-14-08 (N, P₂O₅, K₂O) in the planting. The side dressing fertilization was performed with 400 kg⁻¹ ha 20-00-20. Soil preparation was carried out in the usual manner for the crop, with a plowing, harrowing and rotating hoe. Additional sprinkler irrigation was performed according to the need of the crop and the incidence of rainfall in all seasons.

The trials in the UF were conducted between the seasons of 2015 to 2018. The plots of the *S* experiments had 30 plants. For the *P* and *A* experiments the plots had 24 and 15 plants respectively. The spacing used between plants was 0.2m and 1.0m between the rows. The cultural treatments of the experiments were carried out according to the recommendations for the state of Florida, with fertilization 1760 kg⁻¹ ha of fertilizer formulated 14-6-14 in the pre-planting and side dressing fertilization with 1593 kg⁻¹ ha of the formulated 8-0-8. Supplemental furrow irrigation was used according to the need of the crop and incidence of rainfall in all seasons.

2.2 Traits Evaluated

The following traits were evaluated:

- a) Total tuber yield (TTY) (g.plant⁻¹): total tuber yield divided by the number of plants in the plot;
- (b) Marketable tuber yield (MTY) (g.plant⁻¹): yield of large tubers: transverse diameter greater than 45 mm, divided by the number of plants in the plot;
- c) Specific gravity of tubers (SG): determined by the expression $SG = \text{Weight in the air} / (\text{Weight in the air} - \text{Weight in the water})$, which was obtained using a hydrostatic scale.

2.3 Models for data analysis

The data of total tuber yield, marketable tuber yield and tuber specific gravity were analyzed using the models described below:

2.3.1 Linear mixed model - assuming independent errors - base model

In a first step all trials were analyzed considering a linear mixed model assuming independent errors ($R = I\sigma_e^2$), considering only the global errors through the design used in the experiment.

The analysis models were as follows: for augmented design and randomized complete block:

$$y = X\beta + Z_1g + Z_2b + e$$

Where: \mathbf{y} refers to the vector $N \times 1$ from the phenotypes of the N plots; $\boldsymbol{\beta}$ is the vector of fixed effects checks; \mathbf{g} is the vector of random effects of clones; \mathbf{b} is the vector of random effects of blocks; \mathbf{e} is the vector of random effects of errors;

\mathbf{X} , \mathbf{Z}_1 and \mathbf{Z}_2 are the incidence matrices that relate observations to the effects of checks, clones and blocks, respectively.

It was assumed that the random effects of the model follow normal distribution with means and variances defined as:

$$\begin{bmatrix} \mathbf{b} \\ \mathbf{c} \\ \mathbf{e} \end{bmatrix} \sim MVN \left\{ \begin{bmatrix} \mathbf{0} \\ \mathbf{0} \\ \mathbf{0} \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} \sigma_b^2 I & 0 & 0 \\ 0 & \sigma_g^2 I & 0 \\ 0 & 0 & \sigma_e^2 I \end{bmatrix} \right\}$$

Where:

σ_b^2 is the variance component associated with blocks;

σ_g^2 is the variance component associated with clones;

σ_e^2 is the variance component of residual variance.

The estimation of the fixed effects and prediction of the random effects were obtained by the equation of mixed models (HENDERSON 1984).

Where, G and R are the variance and covariance matrices for clones and errors respectively. The clones were assumed to be genetically independent genotypic variance, i.e., $G = \sigma_g^2 I_g$. For the matrix R independent and equally distributed errors were assumed, so $R = \sigma_e^2 I$. The matrix I , in turn, represents an identity matrix.

2.3.2 Spatial linear mixed model - AR1 x AR1

In this model the errors are assumed to be autocorrelated along the dimensions of the trials, that is, along the row and columns, and these were fitted from a first-order autoregressive process (AR1 \otimes AR1) (GILMOUR et al., 1997).

The base model will be the same as for the previous scenario:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}_1\mathbf{g} + \mathbf{Z}_2\mathbf{b} + \mathbf{e}$$

Where all vectors and incidence matrices are the same as the base model.

The difference between these models is in the matrix of residual variances and covariance. For the AR1 \otimes AR1 model a covariance structure is assumed in which this error matrix will be defined as: $R = \sigma_e^2 [AR1(\rho_{col}) \otimes AR1(\rho_{lin})]$, where $AR1(\rho_{col})$ and $AR1(\rho_{lin})$ represents the first-order autoregressive correlation matrices and, ρ_{col} and ρ_{row} are the autocorrelation parameters, for the spatial coordinates of size n for columns and rows respectively; \otimes represents the Kronecker product from the auto-regressive process in columns and rows respectively.

2.3.3 Spatial linear mixed model - AR1 x AR1+nugget

This model is an extension of the AR1 \otimes AR1 model, with the addition of the random vector (η) representing the independent part of the error. This term is commonly known as a nugget or measurement error (GILMOUR et al., 1997).

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}_1\mathbf{g} + \mathbf{Z}_2\mathbf{b} + \mathbf{e} + \boldsymbol{\eta}$$

Where all vectors and incidence matrices are the same as the base model, and $\boldsymbol{\eta}$ is the vector of random effects of independent errors. Thus, the variance and covariance matrix of the errors is represented by:

$$\mathbf{R} = \sigma_e^2 [\text{AR1}(\rho_{\text{col}}) \otimes \text{AR1}(\rho_{\text{lin}})] + \sigma_\eta^2 \mathbf{I}.$$

In all the trials in which the spatial models, based on the AR1 process, obtained a superior fitted compared to the base model, it was verified the necessity for incorporation of parameters to control the global variations, either with the inclusion of linear functions in the fixed part of the model ($\mathbf{X}_s\boldsymbol{\beta}_s$) and/or cubic splines in the random part of the model ($\mathbf{Z}_s\mathbf{s}$), in the direction of the lines and/or columns. This need was verified using the variograms of each experiment, in which a non-stationary pattern was detected that shows the presence of global variation (STEFANOVA; SMITH; CULLIS, 2009).

2.3.4 SPATS model - *Spatial Analysis of field trials with splines*

In the SpATS model the spatial variation is fitted using a bivariate function from coordinates of the rows and columns - $f(l, c)$, represented by the two-dimensional process P-splines (2D P-splines). Cubic B-splines were used with second order penalties, with equally spaced knots and one knot for every two rows or columns, following the model below:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{X}_s\boldsymbol{\beta}_s + \mathbf{Z}_s\mathbf{s} + \mathbf{Z}_b\mathbf{b} + \mathbf{Z}_g\mathbf{g} + \mathbf{e}$$

Where \mathbf{y} refers to the vector $N \times 1$ from phenotypes of the N plots, arranged in rows and columns. $\boldsymbol{\beta}$ is the vector of fixed effects for checks and \mathbf{X} is the associated incidence matrix. The fixed (non-penalized) part represented by $\mathbf{X}_s\boldsymbol{\beta}_s$ and the random (penalized) part $\mathbf{Z}_s\mathbf{s}$ form the mixed model which estimates the smooth spatial surface; that is, $f(l, c) = \mathbf{X}_s\boldsymbol{\beta}_s + \mathbf{Z}_s\mathbf{s}$, where the random spatial effects vector \mathbf{s} has a covariance matrix \mathbf{S} . The vector \mathbf{b} contains the random blocking effect associated with the incidence matrix \mathbf{Z}_b . The vector \mathbf{g} is the vector of random effects of clones, associated with the incidence matrix \mathbf{Z}_g . It was assumed that the clones are not genetically correlated, i.e., $\mathbf{g} \sim \text{MNV}(0, \mathbf{G})$, with $\mathbf{G} = \sigma_g^2 \mathbf{I}$. The vector \mathbf{e} consists of the random-effect vector of the error-independent part, with distribution $\mathbf{e} \sim \text{MVN}(0, \sigma_e^2 \mathbf{I})$. This part of the error, as in the previous model, is the error associated with each plot - nugget.

The SPATS model uses the P-spline ANOVA (PS-ANOVA) to represent the 2D P-spline process in a structure of a mixed model (LEE et al, 2013). Details on the incidence matrices \mathbf{X}_s , \mathbf{Z}_s , and the covariance matrix \mathbf{S} under this formulation are found in Lee et al. (2013) and Rodriguez-Alvarez et al. (2018). The resulting parameterization of PS-ANOVA is the decomposition of the smooth surface

into the sum of the linear components and the univariate and bivariate smoothed functions, given by the model:

$f(l, c) = \beta_{s1}l + \beta_{s2}c + \beta_{s3}lc$, which is the non-penalized fixed part of the model $X_s\beta_s$
 $+ f_1(l) + f_2(c) + h_3(l)c + lh_4(c) + f_5(r, c)$, which is the penalized random part of the model $Z_s s$,

where the spatial surface is represented by: a linear trend through the positions of the rows (β_{s1}) and columns (β_{s2}) and a linear interaction (β_{s3}); two spatial trends smoothed by the rows ($f_1(l)$) and columns ($f_2(c)$); two terms of the interaction between the linear and the smoothed trend, where the slope of a linear trend along a covariant (c or l) may vary smoothly as a function of the other covariant ($h_3(l)$ ou $h_4(c)$), respectively , and finally the interaction between the smooth tendencies of the rows and columns $f_5(r, c)$.

In this approach the vector of random effects relating to spatial variation s has five independent sub-vectors s_k , with k representing the additive components and from interaction of equation (4). In this way the spatial covariance matrix S is the sum of the matrices s_k , $S = \text{blockdiag}(S_1, \dots, S_5)$, where each parameter of S_k depends on a specific smoothing parameter - λ_{s_k} . Each of these smoothing parameters is determined via the Restricted Maximum Likelihood (REML) as the ratio between the residual variance and the variance of the corresponding spatial effect, $\lambda_{s_k} = \sigma_e^2 / \sigma_{s_k}^2$. In this way the spatial surface is adjusted by 5 distinct parameters, in an anisotropic process, dealing with the two variations, global and local.

2.4 Comparison of different statistical models

The impact of these analytical methods was evaluated using tests for significance of the parameters (Wald test and REML likelihood ratio test (REMLRT)), Akaike information criteria (AIC), the heritability and relative efficiency in terms of error magnitude (prediction error variance (PEV)) – for evaluating the efficiency in relation to the base model.

The practical importance of these models was evaluated by their impact on the selection of the best clones on different intensities of selection. In the first step, the base models and the AR1xAR1 and AR1xAR1+nugget models were compared to test the efficiency of these spatial models. After this step was performed the comparison between the best model based on the AR1 process with the SpATS model.

2.4.1 Assessment for the adequacy of models

As the base model and also the models based on AR1 process have the same fixed effects (intercept and checks), the REMLRT was used to test the significance of the models, and the AIC for choosing the most informative model.

The REMLRT indicates whether the complete model (with more parameters) is significantly better than the reduced model: $REMLRT = 2(LL_{complete} - LL_{reduced})$, in which LL represents the logarithm value of the likelihood function. The test follows a distribution of χ^2 with the degree of freedom equivalent to the difference in the number of random parameters between the models.

The AIC (AKAIKE, 1974) is based on the decision theory and, to avoid excessive parameterization, it penalizes models with large number of parameters. Thus, it is defined by the expression: $AIC = -2LL + 2p$, in which LL is the logarithm of the likelihood function of the model, and "p" is the number of model parameters. The lower the value of the AIC, the better the fit of the model.

In scenarios where global variation needed to be controlled by adding more parameters to the model, these parameters were tested according to their nature using the REMLRT and Wald tests for random and fixed parameters, respectively (GILMOUR et al., 1997; STEFANOVA; SMITH; CULLIS; 2009).

2.4.2 Relative Efficiency

The relative efficiency between the base model and the AR1xAR1, AR1xAR1+nugget and SpATS models was used to evaluate the improvement in accuracy and was measured as follows:

$$ER = 100 \times (PEV_{base}/PEV_{AR1}),$$

$$ER = 100 \times (PEV_{base}/PEV_{AR1+nugget});$$

$$ER = 100 \times (PEV_{base}/PEV_{SpATS}).$$

Where: PEV_{base} , PEV_{AR1} , $PEV_{AR1+nugget}$ and PEV_{SpATS} refer to prediction error of variance from base models, AR1xAR1, AR1xAR1+nugget and SpATS.

2.4.3 Heritability

The heritability was computed for the base and AR1 models according to what was proposed by Cullis et al. (2006) using the following estimator:

$$h^2 = 1 - \frac{PEV}{2 \cdot \sigma_c^2},$$

where: PEV is the mean of the prediction error variance, from the difference between the BLUP's of two clones, and σ_c^2 is the genetic variance of the clones.

For the SpATS model the heritability was calculated according to the expression presented by Rodriguez-Alvarez et al. (2018):

$$h^2 = \frac{ED_c}{n_c},$$

Where ED_c refers to the effective size associated with the clones effects (genotype effect) of the model, and n_c is the total number of clones. This heritability estimator is equivalent to that proposed by Cullis et al. (2006), on that way, a direct comparison between heritability estimated by both approaches is possible (VELAZCO et al., 2017).

2.4.4 Selection of the best clones

The practical importance of these models was evaluated by their impact on the selection of the best clones considering different intensities of selection and the Spearman correlation between BLUP's for clones on the different models for each experiment. We used four intensities of selection: 0.05, 0.10, 0.20 and 0.40, and the percentage for agreement of the best clones selection was calculated using the Czekanowski coefficient (QIAO et al., 2000):

$$C = \frac{a}{a+b};$$

Where a is the number of clones selected by both models and b is the number of the other clones selected only by the base model.

All the analysis were carried out in R software (2017), using the packages ASREML-R (BUTLER et al., 2009) and SpATS (RODRÍGUEZ-ALVÁREZ et al., 2016).

2. RESULTS

2.1 Spatial analysis in variation control

The complete model for each of the trials for the three traits is presented in Table 2. Table 3 summarizes the best models for each of the 30 trials for the evaluated traits. The spatial models were superior to the base model (lower AIC values) in about 70% analyses made. These results show the importance of error modeling and of not assuming the complete absence of correlation between adjacent plots, for greater control of field variations and greater efficiency to classify the clones.

Table 2 – Best model for each trial for total tuber yield, marketable tuber yield and specific gravity.

Trial	Best Model		
	Total tuber yield	Marketable tuber yield	Specific Gravity
UF.A16	AR1 + spl(r) + spl(c)	AR1 + spl(r) + spl(c)	base model
UF.A17	AR1 + spl(c)	AR1 + spl(c)	AR1 + spl(c)
UF.A18	AR1 + spl(c)	AR1 + spl(c) + n	AR1 + spl(c)
UF.P15	AR1 + spl(r) + lin(c) + lin(r) + n	AR1 + spl(r) + n	AR1 + n
UF.P16	AR1 + spl(c)	AR1 + n	AR1 + spl(c)
UF.P17	AR1 + spl(c) + lin(r) + n	AR1 + spl(r) + spl(c) + lin(r) + lin(c)	AR1 + lin(c)
UF.P18	AR1 + spl(r) + spl(c) + lin(r)	AR1 + spl(r) + spl(c) + lin(r) + n	base model
UF.S18	AR1 + spl(c) + lin(r)	AR1 + spl(c)	base model
UF.S17	AR1 + lin(r) + n	AR1 + spl(c) + lin(r)	AR1 + lin(c)
UF.S16	AR1 + n	AR1 + n	AR1 + spl(c) + spl(r)
UF.S15	AR1	AR1	AR1
VEA.17	base model	base model	base model
VEA.18	base model	base model	base model
INA.17	AR1 + spl(r) + n	AR1	AR1 + n
INA.18	AR1 + spl(r)	base model	base model
LU.18	AR1 + spl(r) + spl(c)	AR1 + spl(r) + spl(c)	AR1
MAI.17	AR1 + spl(r) + lin(c)	AR1 + spl(r) + lin(c) + n	AR1 + spl(r)
CLIN	AR1 + spl(r)	AR1 + spl(r)	AR1
CLAG	AR1	AR1 + spl(r) + lin(c) + n	AR1 + lin(r) + n
CLVE	base model	base model	base model
VEC.17	AR1 + lin(r) + n	AR1 + lin(r) + lin(c) + n	AR1
INC.17	AR1 + lin(c) + n	AR1 + n	AR1 + n
VEC.18	AR1 + spl(c) + lin(c)	AR1 + n	AR1
INC.18	AR1 + lin(c)	AR1 + lin(c)	AR1
VELV	AR1	AR1	AR1
VELM	base model	base model	base model
MA.17	AR1	AR1	base model
MA.18	AR1 + spl(r)	AR1 + spl(r)	base model
AB.17	AR1	AR1	AR1
AB.18	base model	AR1	base model

*spl(.): cubic smoothing spline by row (r) or column (c); lin(.): linear regression on row (r) or column (c); AR1: correlated residuals modelled as two-dimensional first-order autoregressive process; n: spatially independent residual (nugget effect).

Fonte: Do autor (2019).

Table 3 – Frequency of the inclusion of terms for global and local trends and the nugget for each trial and the average value for the estimated spatial parameters.

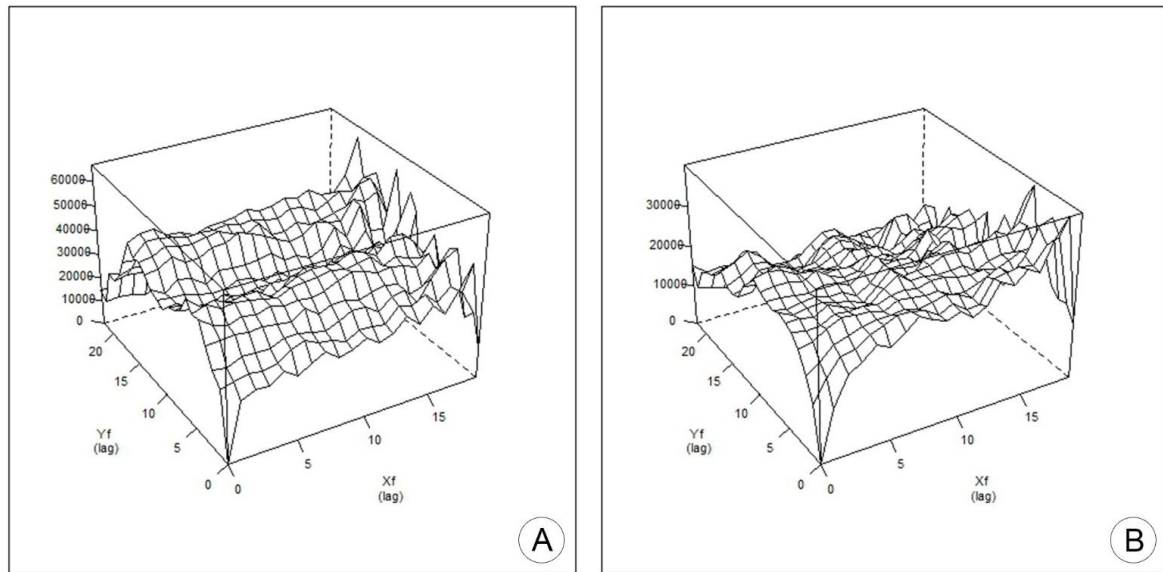
	Term adequacy based on REMLRT and AIC		
	Total tuber yield	Marketable tuber yield	Specific Gravity
Number of trials including:			
AR1 x AR1 (independent errors)	25	25	19
Global trends	18	15	8
Nugget effect	7	10	3
Mean of spatial parameters:			
ρ row	0,35	0,41	0,16
ρ column	0,22	0,31	0,20

Fonte: Do autor (2019).

Although the spatial model was better in most cases studied, it is clear that there is no single model for all situations (Table 2). For the total tuber yield (TTY) and for the marketable tuber yield (MTY), in 81% cases, the best model was the one with the error matrix modeled by the AR1xAR1 process and in only two cases, the spatial model was necessary for one of these traits and not for the other, which shows that the need for variation control presented a similar pattern for these two traits. For the specific gravity (SG), this proportion was slightly lower, about 61%. Thus, spatial analysis is recommended for these traits.

The inclusion of terms in the model for the control of global errors, cubic spline (spl) and/or linear regression (lin), in the direction of rows and/or columns, was effective to control global errors (Table 2), indicating the presence of global variation in these trials. These terms were required in 58% of all trials for TTY and 50% for MTY; for SG, the presence of global variation was smaller, since the inclusion of these terms was necessary in 26% cases. The need to include these terms is based on analysis of the variogram, which shows the pattern of spatial variability (STEFANOVA; SMITH; CULLIS, 2009). As an example, in the MAI.17 trial for TTY, where the variogram shows a pattern of variation in the direction of rows (Figure 1-A), and this pattern is no longer detected after modeling the global variation (Figure 1 B). Another point is that in this case the variogram plateau went from 60000 to 30000 after controlling this variation, just as the error variance decreased from 54134 to 32600, thus showing the impact of global variation control on reducing experimental error.

Figure 1 – Changes in variogram before (A) and after (B) the inclusion of terms to control local, global trend and the inclusion of nugget on trial MAI.17 for marketable tuber yield.



*Yf and Xf are coordinates for row and column respectively.

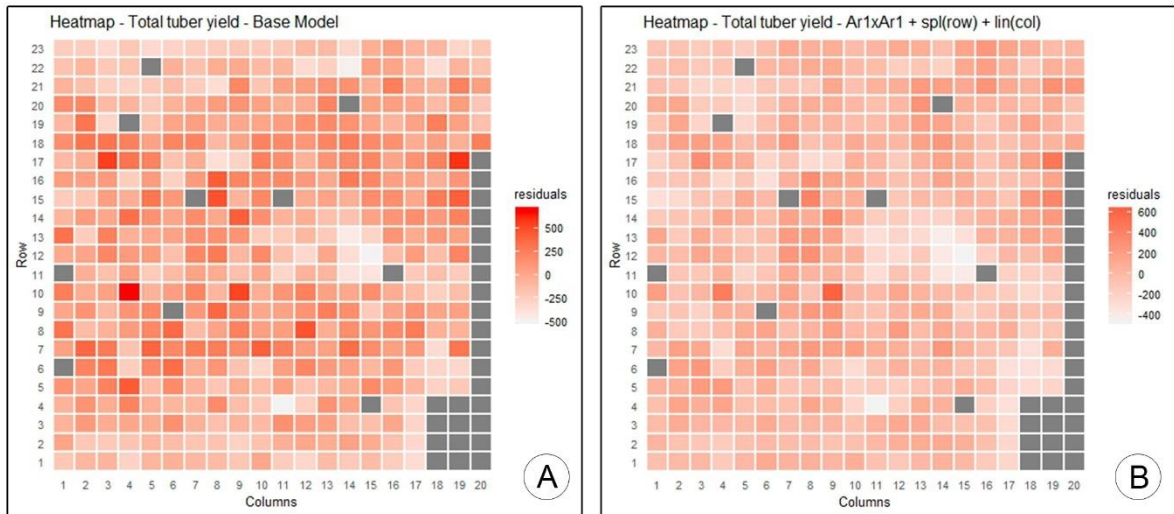
Fonte: Do autor (2019).

There was no pattern towards the global variation, which was observed in the row direction on 12 cases and 11 times in the column direction for TTY, and in only six cases were necessary the control in both directions. For MTY, the pattern was similar, where the global variation occurred 10 times in the row direction, 10 times in the column direction, and eight times in both directions. The global variation was less present for SG, requiring control in six cases in the column direction and only three times in the row direction. A clear relationship between row and/or column size and the need for global variation control was not detected, since modeling this type of error was necessary in cases where row and column size were five plots up to cases with 80 plots.

The effectiveness of the AR1xAR1 model for controlling spatial variation can also be seen using a heat map of the residuals of each plot (Figure 2). Using the MAI.17 trial as an example, it is clear that there was a tendency in residuals, especially in direction of the rows of the experiment (Figure 2-A). This trend disappears after the use of the spatial model. The gray plots in the middle of the chart represent lost plots, and those in the left corner of the chart were added just to complete the grid.

These results indicate that the control of errors is not effective only with the use of local control (design), being necessary the use of analytical approaches that can deal with these variations a posteriori.

Figure 2 – Residual plot for the experiment MAI.17, before (A) and after (B) to global and local variation control.



Fonte: Do autor (2019).

No relevant differences were detected in the results obtained in relation to the different designs used. For both (augmented design and complete block design) there were cases in which the spatial model was superior to the base model and in other cases the base model was superior or similar to the others models. Attention should be drawn to the fact that in 67% cases, local control was significant, indicating that even with the use of spatial analysis, it is necessary to consider the design information, spatial analysis should be considered as complementary.

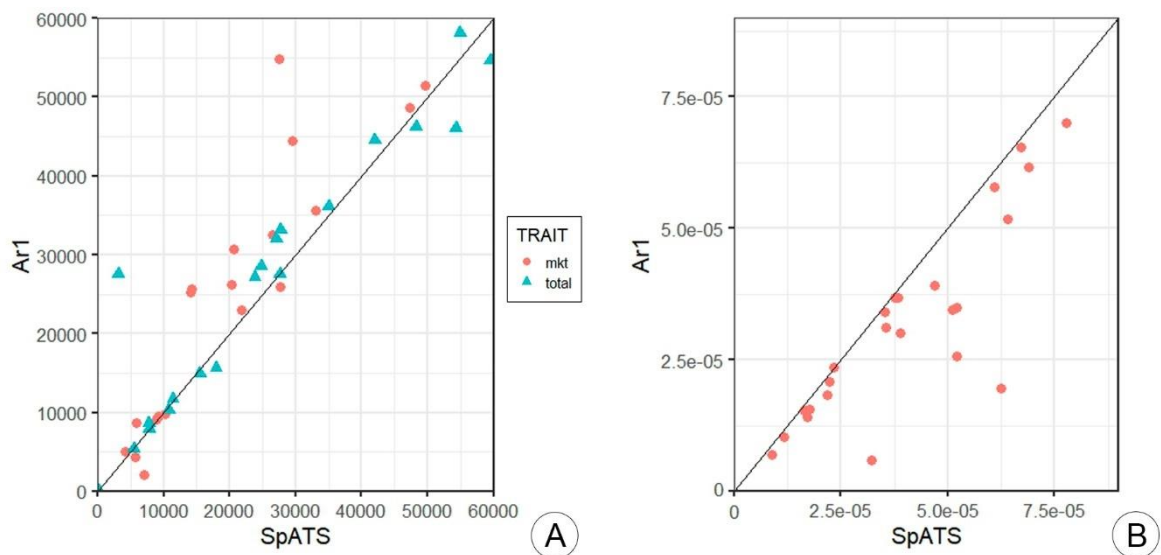
Inclusion of the independent error in the model (nugget) was required in only 23% of the trials, for TTY and MTY. For PET, however, it was present in only 13% of the cases. The presence of this term in some cases indicates the occurrence of small-scale errors. On average, the inclusion of this term did not result in large gains. However, when this term was significant, the model showed greater efficiency in reducing the prediction error variance (PEV), indicating that the inclusion of the nugget in the model may lead to efficiency gains in some cases.

The mean autocorrelation values (ρ row and ρ col) were low (Table 3). With slightly higher auto-correlation values for row for TTY and MTY compared to column values, the opposite was observed for SG. These values ranged from 0.08 to 0.97 for row and from 0.04 to 0.99 for column for TTY, 0.05 to 0.98 for rows, and 0.05 to 0.96 in the column direction for MTY and 0.04 to 0.82 and 0.01 to 0.86 for SG. This result was expected, because in cases where the spatial model was not more efficient, these auto-correlation values are expected to be lower.

2.2 AR1 X SpATS

The results obtained using the SpATS model were similar to the AR1 model, this can be seen by comparing the estimates of genetic variance (Figure 3). For TTY and MTY, estimates of genetic variance of clones were similar, with a tendency to be higher for the AR1 model. The opposite occurred for SG, in which the SpATS model presented slightly higher values for the genetic variance of clones. But in all cases these values were close when comparing the models.

Figure 3 – Comparisons of estimated genetic variance using the models AR1 and SpATS, for TTY and MTY (A) and for SG (B). The diagonal line indicates the equal values.



Fonte: Do autor (2019).

The resemblance between the two models can also be compared according to the impact on independent error reduction in relation to the base model. These reductions were on average 10% and 14% for TTY, 24% and 26% for MTY and 9% and 15% for SG for the AR1+nugget and SpATS models, respectively. Another way used to check agreement between models was the analysis of the effective dimension of the SpATS model. In cases where the AR1 model had high autocorrelation values, the effective dimension of the SpATS model was equally high. The effective dimension of the model is a measure of the complexity of the model and can be interpreted as a measure of the magnitude of the total spatial variation, which translates into greater contribution to the control of variations found in the trials.

2.3 Relative efficiency and heritability

Relative efficiency was calculated based on the prediction error variance of the difference between clones (PEV). The higher the efficiency, lower the PEV. This measure determines, in percentage terms, how much experimental precision has been increased by using the appropriate model.

Table 4 lists the average relative efficiency of the models for each of the traits. Higher efficiencies were achieved for TTY and MTY compared to SG, a result already expected since for the latter trait there were fewer scenarios with spatial dependence. The SpATS model achieved higher average efficiencies for all traits compared to the other models.

Table 4 –Average relative efficiency in percentage in terms of the PEV, for the different models, for the traits total tuber yield (TTY), marketable tuber yield (MKT) and specific gravity (SG).

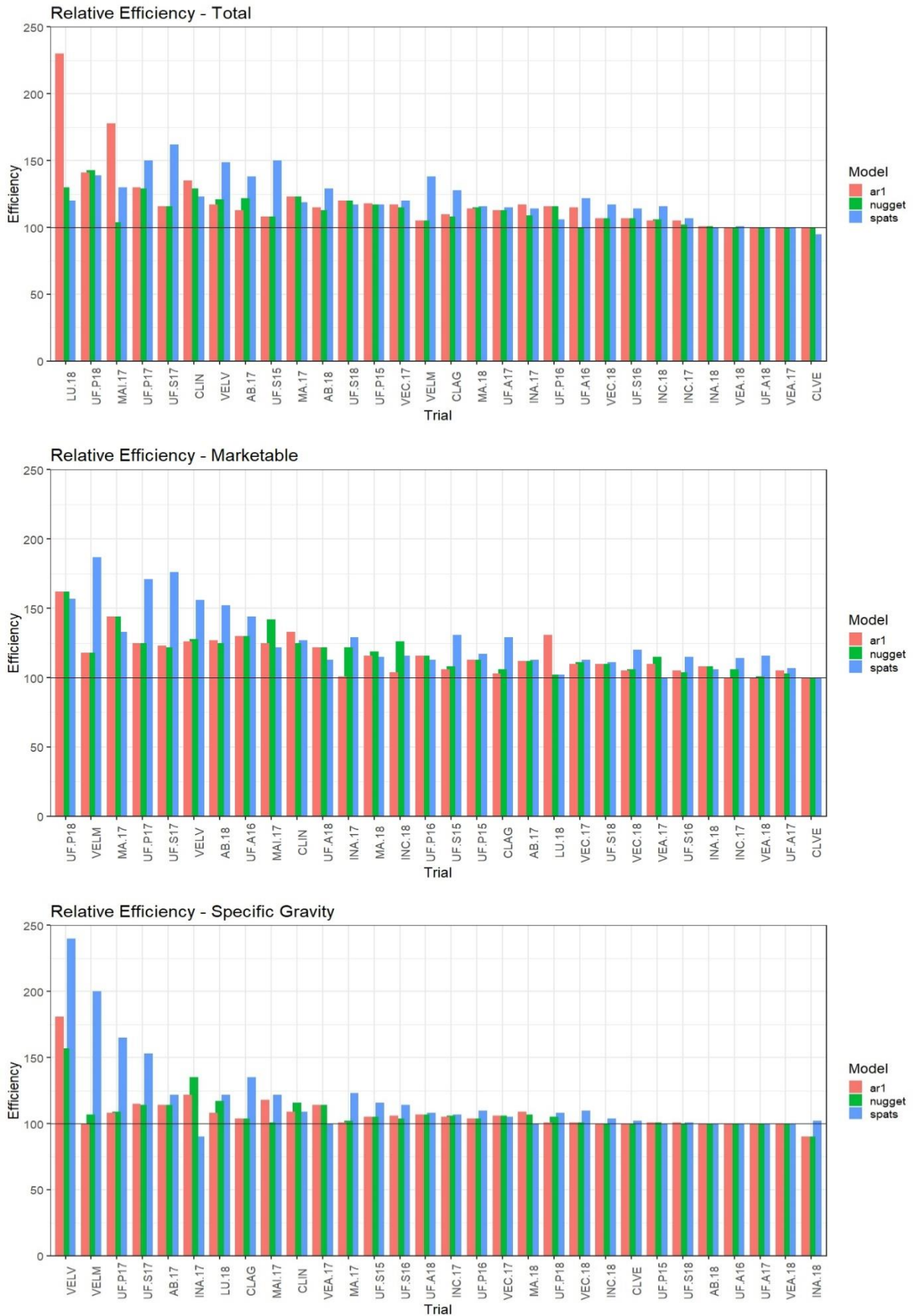
Model	Trait		
	TTY	MTY	SG
Ar1	119,2	113,4	107,7
AR1+nugget	112,6	116,2	107,5
SpATS	121,4	126,0	118,9

Fonte: Do autor (2019).

Although the average relative efficiency was not of great magnitude, in some cases it was high (Figure 4). For TTY, this efficiency ranged from 230% to 100% for the AR1 model, the addition of the nugget led to a lower efficiency, from 143% to 100%. For both models, the efficiency was at least equal to the base model in all scenarios for TTY. For SpATS, despite a higher average (121.4%), ranging from 162% to 95%, the model had lower relative efficiency than the base model in one of the trials.

For MTY, in all scenarios, the spatial models achieved efficiency at least equal to the base model (Figure 4), ranging from 162% to 100% for AR1 and nugget models and from 187% to 100% for SpATS. For SG, the efficiency was lower in one case for each model. For AR1 and nugget models, this occurred in the same experiment. For SG, the relative efficiency was less than 110% in more than half of the experiments for all models, again indicating that this trait is less influenced by spatial dependence. No relationship was detected between the size, the number of rows and columns and/or the design of the experiments with the relative efficiency achieved by the spatial models. Even cases with few clones in a complete block design showed higher efficiencies than other cases with many clones and using augmented block design.

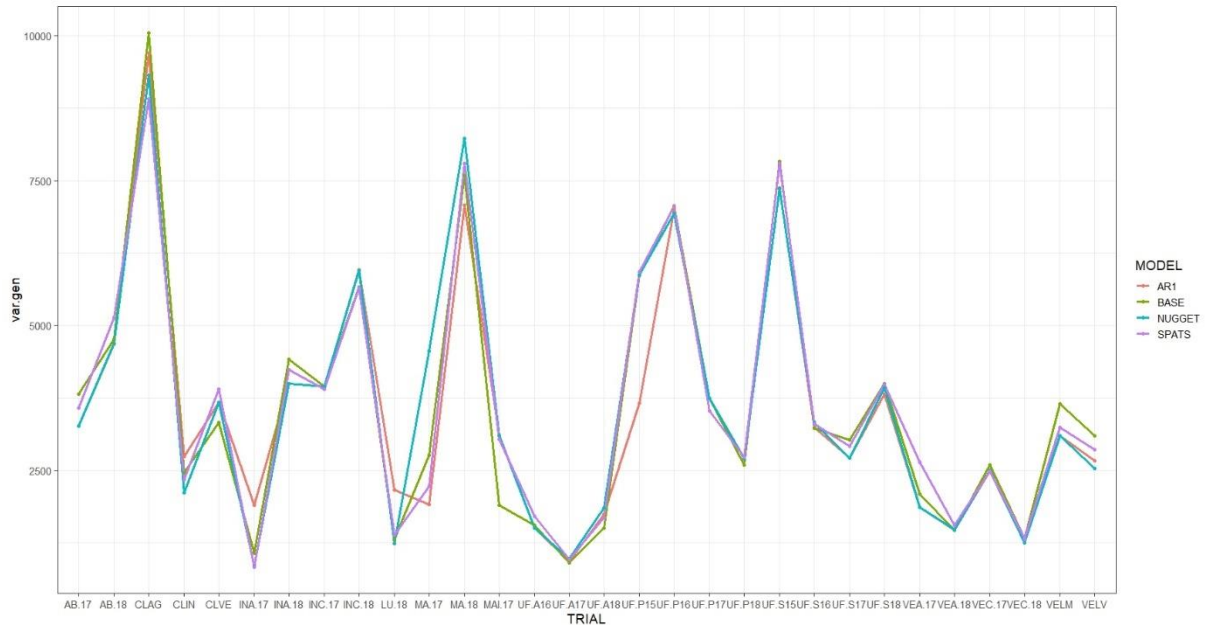
Figure 4 – Relative efficiency in terms of PEV, for the AR1, AR1+nugget and SpATS models fitted in each of the 30 experiments for the traits total tuber yield (Total), marketable tuber yield (Marketable) and specific gravity.



Fonte: Do autor (2019).

The genetic variance of the clones changed using the spatial models when comparing with the base model. These changes were not stable, in some scenarios the tendency was to increase genetic variance while in others to decrease (Figure 5). Among the spatial models, some consistency between them was detected, when one model showed an increase in genetic variance in relation to the base model, the other models also did.

Figure 5 – Genetic variance estimated in all 30 experiments for the trait marketable tuber yield, using the different models.

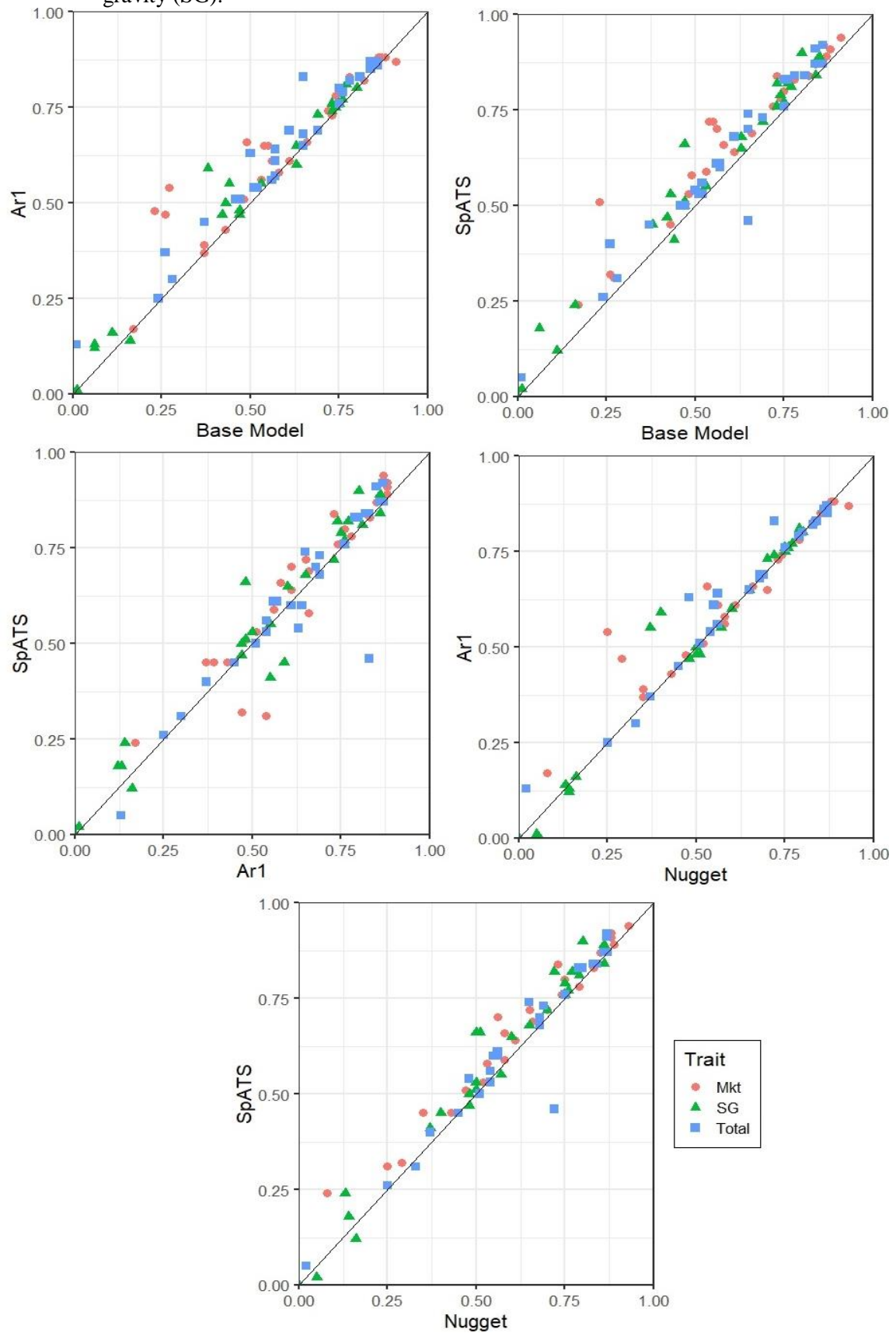


Fonte: Do autor (2019).

Another way used to measure gain in precision was by comparing heritability estimates. Figure 6 illustrates the relationship between the heritability estimates of the different models. Spatial modeling led to increases in heritability for all traits, being slightly bigger for MTY compared to gains for TTY and SG. For this trait, the average heritability was 0.58 with the base model and on average 0.63 with the spatial models, which represents a considerable gain of approximately 10%, while for SG, this increase was 7% and for MTY, 8%. There was a greater variation for MTY, where the estimate reached with the AR1 and SpATS models were similar or greater compared to the base model in almost all trials.

By comparing the results obtained in the different spatial models, it is evident that the heritability values were very close between the models (Figure 6). In comparisons between spatial models, heritability values were mostly exactly or very close to the diagonal line, indicating that the values were similar or very close. The average heritability between spatial models was equal for TTY (0.62), while for MTY and SG, there was a slight advantage for the SpATS model, 0.66 against 0.64 and 0.51 against 0.47, respectively. In some cases, the heritability estimates were up to 2.7 times higher after using the appropriate spatial model. As is the case, already expected, from the MAI.17 experiment where the heritability increased from 0.23 with the base model to 0.51 with the SpATS model and 0.63 with the AR1+nugget model.

Figure 6 – Estimates of heritability from the different models (base mode, AR1, AR1+nugget, SpATS) for total tuber yield (Total), marketable tuber yield (Mkt) and specific gravity (SG).



Fonte: Do autor (2019).

2.4 IMPACT ON THE SELECTION OF THE BEST CLONES

In cases where the spatial model showed better fit when compared to the base model, the Spearman correlation between the BLUP's of clones between the different models was calculated (Table 5). For TTY, the average correlation between the base model and the spatial models was 0.95, ranging from 0.79, 0.81 and 0.81 to 1.00 for the Ar1, nugget and SpATS models, respectively. Similar result was found for MTY and SG, with the average correlation being 0.95 (0.81, 0.82 and 0.84 to 1.00) and 0.96 (0.68, 0.78 and 0.77 to 1.00) for the Ar1, nugget and SpATS models, respectively. Therefore, on average, the application of spatial models does not cause major changes in clone ranking, but large differences in clone ranking were noted in cases where large environmental variation was detected due to spatial dependence.

Table 5 – Average Spearman correlation between the clones from the different models.

Característica	Modelos					
	Base/Ar1	Base/Nugget	Base/SpATS	Ar1/Nugget	Ar1/SpATS	Nugget/SpATS
PTT	0,95	0,95	0,95	0,99	0,97	0,98
PTG	0,95	0,95	0,95	0,99	0,96	0,97
PET	0,96	0,97	0,96	0,99	0,97	0,98

Fonte: Do autor (2019).

In trials in which the base model showed the best fit, the correlation with the spatial models was very high. For TTY and MTY, this correlation was 0.96 (0.91 - 1.00) and for SG, it was 0.98 (0.95 - 1.00). This result shows that in cases where the spatial model was not efficient in reducing residual variation, it also did not lead to large changes in clone ranking, with average correlation values above 0.91. This indicates that the use of spatial modeling as a pattern of analysis would not lead to differences in genotype averages in cases where there is no spatial variation.

The coincidence in the selection of the best clones among the models, considering 4 different selection intensities, was performed using the Czekanowski coefficient (Table 6). The spatial models presented similar results when compared to the base model in all traits at all selection intensities. There was a downward trend for these differences in the selection of the best clones with the reduction of selection intensity for all traits.

Lack of concordance in selection reached 67% clones in some scenarios, as was the case for TTY and MTY using the selection intensity of 0.1. For SG, this proportion was 50%. To illustrate the impact on the selection, we will use the MAI.17 experiment again. In this scenario the coincidence of those selected for MTY between the base model and the three spatial models was 0.67, and 0.72 for TTY, considering 0.10 selection intensity, these values increase to 0.79 for MTY and 0.77 for TTY with 0.40 selection intensity. These results indicate that spatial analysis leads to differences in the selected

clones when the experimental design was not efficient to control all the spatial variation and that the magnitude of this difference depends on the selection applied.

When comparing the results obtained with the different spatial models, the coincidence in the selected clones was high. This coincidence was on average 0.95, 0.93 and 0.96 comparing the AR1 model and the AR1+nugget for TTY, MTY and SG, respectively. The coincidence between the AR1 and AR1+nugget models compared to SpATS was also high, and in which, using the selection intensity of 0.4, the average coincidence was 0.93 between AR1/SpATS for the three traits and 0.94 between AR1+nugget/SpATS. Using a selection intensity of 0.05, these values were slightly lower, on average 0.89 for all traits comparing AR1/SpATS and 0.89 for TTY and 0.90 for MTY and SG between AR1+nugget/SpATS. These results indicate that the different spatial models generally lead to the selection of the same clones. In cases where the number of clones in the experiment is reduced (<30), the differences of those selected are higher, because in these cases any change between the best clones leads to the selection of different clones between models.

Table 6 – Average percentage of agreement in selection of the best clones, based on Czekanowski coefficient for comparison between the models using 4 different selection intensity (IS) for the traits: total tuber yield (TTY), marketable tuber yield (MTY) and specific gravity (SG), on that trials where spatial models presented better fit.

TTY						
IS	Base/Ar1	Base/Nugget	Base/SpATS	Ar1/Nugget	Ar1/SpATS	Nugget/SpATS
0,05	0,81	0,78	0,80	0,93	0,89	0,89
0,10	0,84	0,83	0,86	0,95	0,89	0,91
0,20	0,84	0,85	0,88	0,95	0,88	0,91
0,40	0,89	0,89	0,89	0,96	0,93	0,94
MTY						
IS	Base/Ar1	Base/Nugget	Base/SpATS	Ar1/Nugget	Ar1/SpATS	Nugget/SpATS
0,05	0,88	0,84	0,81	0,90	0,89	0,90
0,10	0,81	0,81	0,85	0,91	0,83	0,88
0,20	0,84	0,85	0,86	0,95	0,87	0,90
0,40	0,90	0,91	0,90	0,97	0,93	0,94
SG						
IS	Base/Ar1	Base/Nugget	Base/SpATS	Ar1/Nugget	Ar1/SpATS	Nugget/SpATS
0,05	0,89	0,88	0,86	0,94	0,89	0,90
0,10	0,91	0,91	0,88	0,96	0,90	0,90
0,20	0,90	0,91	0,88	0,96	0,91	0,94
0,40	0,94	0,94	0,93	0,97	0,93	0,95

Fonte: Do autor (2019).

3. DISCUSSION

Selection of the best genotypes is the major goal of plant breeding, and the analysis and interpretation of phenotypic data plays a key role in this process. The incorporation of more information in the statistical models used can lead to significant gains in the selection process. Thus, this study aimed to check the efficiency of spatial models in controlling variations found in field trials from potato breeding programs, and its consequent impact on the selection of the best clones.

In agricultural trials, neighboring plots commonly have some kind of spatial correlation (GILMOUR et al., 1997; GEZAN et al., 2010). This correlation may lead to errors in the selection of the best individuals in a plant breeding program, since, in mean tests, close plots are more prone to type II error, whereas in distant plots, the probability of type I error is greater (VAN ES; VAN ES 1993). Different forms of spatial variation are frequently described in field trials (GILMOUR et al., 1997; QIAO et al., 2000; LIU et al., 2015; VELAZCO et al., 2017). Similar results were found herein in potato breeding trials, as local, global variations and measurement errors (nugget) were detected (Table 3) in several of the studied scenarios.

In our study, the two-dimensional first-order autoregressive model (AR1xAR1) showed a better fit (lower values of the Akaike information criterion) in more than 70% scenarios used (Table 2), compared to the base model that assumes independent errors. This improvement in error control varied according to the trait studied, being more pronounced for the total tuber yield (TTY) and for the marketable tuber yield (MTY), for the specific gravity (SG) was slightly smaller. Dependence between different efficiencies and different traits has also been detected in similar studies (DUTKOWSKI et al., 2006; PAGET et al., 2015; CHEN et al., 2018).

The efficiency of AR1 models in controlling the variations that may occur in field trials has been reported by several studies in the most varied crops: wheat, sorghum, cotton, beet, barley and potato (GILMOUR et al. 1997; QIAO et al. 2000; MULLER et al., 2010; LIU et al. 2015; PAGET et al., 2015; VELAZCO et al. 2017; BORGES et al. 2018). Models considering spatial variation in two dimensions, such as those used in the present study, are considered more efficient for the analysis of experiments (GRONDONA et al., 1996). Therefore, some authors advocate that this type of model should be used as an initial model in all cases (GILMOUR et al., 1997).

To achieve the best fit using the AR1 models, it is necessary to use graphical tools such as variograms, which detects the presence of global variations that were not controlled with the change in the error matrix. It was clear here the need to include terms, such as linear and spline functions in the row and/or column direction to control global variation (Table 2) and that there is no single spatial model capable of capturing spatial variation in all scenarios, because the need to include terms to control global variation changes according to the experiment. This need to include more terms in AR1 models and the lack of a single model for all scenarios has been described (GILMOUR et al., 1997; QIAO et al., 2000;

DUTKOWSKI et al., 2002; LIU et al. 2015; VELAZCO et al., 2017; BORGES et al. 2018). Inclusion of these terms is required since AR1 process controls only the local variations.

In most cases, the addition of new terms reduced the autocorrelation coefficient in both directions, rows and columns. This same pattern was reported by Paget et al. (2015) in trials in early stage of a potato breeding program and by Dutkowski et al. (2002) in forest breeding trials. Dutkowski et al. (2002) point out that not adjusting these variations in row and/or column directions can mask local variations, inflating autocorrelation values.

Spatial autocorrelation values indicate the intensity and direction of the variations. On average, these autocorrelations were medium and low in magnitude, same result found in similar study with potato (PAGET et al., 2015) and in sugarcane (STRINGER; CULLIS, 2002), and smaller when compared to other studies (DUTKOWSKI et al., 2002; CHEN et al., 2017). These values were influenced by the trait, i.e., for TTY and MTY, being higher when compared to SG. Autocorrelation can be used to detect competition between plots, this occurs when values are negative. In the present study, rare cases with negative values were verified, and when present they were low (<-0.05). Results contrary to ours were reported by Paget et al. (2015) and by Stringer and Cullis (2002), where autocorrelation values were predominantly negative.

Global variation was detected in both directions, rows and columns, but a relationship between the number of rows and columns and the need to include new terms in the model was not clear. Similar result was found by Liu et al. (2015), who reported no relationship between the number of plots in the direction of the columns and the need for control of global variation, and that for rows, the global variation was more frequent in cases with more than 10 plots in this direction. Contrary to Muller et al. (2010), who studied the efficiency of autoregressive models in barley experiments, and concluded that these models are not efficient in controlling spatial variation when the experiment is designed with only two or four columns; in the present study, the spatial models were effective in controlling variation even in scenarios with this small number of columns.

The inclusion of an independent error (nugget) in the model is used to represent an error inherent to the plot, the so-called measurement error (DUTKOWSKI et al., 2002). The inclusion of this term results in discrete gains in model efficiency (QIAO et al., 2000; LIU et al., 2015). However, independent error should be included in the model whenever possible (GILMOUR et al., 1997). Some studies report difficulty in convergence with the inclusion of this type of error (MULLER et al., 2010; PIEPHO et al., 2015; PAGET et al., 2015). In the present study, convergence problems were rare, present in only two of the 90 scenarios, perhaps because the average autocorrelation values were intermediate in magnitude, since values close to 0 or close to 1 may lead to convergence problems. (PIEPHO et al., 2015).

When modeling the error structure, changes in the magnitude of genetic variance may occur. No patterns in the change in genetic variance were found in our study using the AR1 model. In some scenarios, there was an increase in variance and in others a decrease in its values. This lack of pattern

has already been observed in similar studies in forest breeding program experiments (DUTKOWSKI et al., 2002). In the same study, the author states that by omitting the independent part of errors, additive genetic variance can be inflated because of non-controlled spatial variations.

In the present study, a similar pattern was registered, since the inclusion of nugget generally led to a decrease in variance of clones, which demonstrates the importance of including this term in the model. A fact to be emphasized is that the SpATS model showed a pattern very close to the AR1+nugget model when the independent error was significant, regarding genetic variance, indicating that SpATS can simultaneously control global, local and measurement errors. When comparing the AR1 and SpATS models, differences were detected in the estimates of genetic variance, generally with higher values in the AR1 model, which corroborates Velazco et al. (2017). On the efficiency of the SpATS model in sorghum breeding experiments, Velazco et al. (2017) commented that these differences between different approaches may arise due to difficulties in identifying genetic and environmental variations in the presence of spatial correlation, and that these changes in estimates of genetic variance indicate that by not modeling spatial trends, these values can be over- or underestimated.

The SpATS model was equally efficient in controlling variation when compared to the best model based on the first-order autoregressive process. The differences found between the two approaches may be due to differences in the parameterization of the spatial variation (VELAZCO et al., 2017). SpATS has some advantages over the usual approach to spatial analysis based on AR1 models. The process of adjusting the model is done directly, not requiring the numerous steps on which the AR1 models are based, such as graphical analysis and significance tests, thus making the process more dynamic and less laborious (RODRIGUEZ et al., 2018). This allows the automation of the analysis of various experiments, which is attractive for the analysis of data from high-throughput phenotyping technologies (VAN EEUWIJK et al., 2019).

Velazco et al. (2017) also draw attention to the stability of SpATS, as it does not show the convergence problems that in some cases are encountered in the AR1 models, besides the direct interpretation of the effective size of the model as a way to quantify the direction and intensity of variation,

The results observed in this study show the need for the use of data analysis methods that can control residual variation more effectively. Blocking as a usual form of local control, although effective (being significant in more than 2/3 scenarios) cannot by itself control all variations. In some cases, there was a decrease in block variance in all spatial models used, in extreme cases even zeroing the variance. Rossoni and Lima (2019) identified that AR1 models can lead to this reduction in block variance, which indicates gains in accuracy. Blocking is a form of controlling for spatial variation that occurs as trends, in cases where linear or spline functions were included in the direction of rows and/or columns, these trends may have been overfitting.

The need to combine experimental design and the choice of more accurate models is essential to achieve good experimental precision. Borges et al. (2018) used real and simulated wheat crop data

and observed that in experiments with high genotype numbers and under high spatial variability, the correct choice of design is crucial to achieve greater accuracy and also better estimates of genetic effects. Using the most appropriate design also avoids the difficulty of separating genotype and error effects (DUTKOWSKI et al., 2006). Our study agrees with other authors in stating that spatial models can increase the efficiency of analysis but not replace the usual experimental designs (QIAO et al., 2000; SARKER et al., 2001; DUTKOWSKI et al., 2006; GEZAN et al., 2010; BORGES et al., 2018).

Phenotyping is still the most expensive component in a plant breeding program. The breeder's equation can be used as a guide for investing program resources in order to achieve higher gains, it can be described as follows: $\Delta G = h * i * \sigma_a^2 / L$, where, h is the square root of heritability or accuracy, i is selection intensity, σ_a^2 is the additive genetic variance and, L is the number of years required per selection cycle. Greater gains can be achieved by increasing the size of the population, which allows for increased selection intensity, and also with increased heritability, which can be achieved by increasing the number of replications and/or sites, all of these alternatives lead to higher costs and demand greater operational efforts. Our study showed that spatial models were able to achieve higher heritabilities when compared to the base model, only by changing the analytical approach, which implies greater gains without additional costs to the breeding program.

Using a model that does not reflect the variations found in the field may lead to decreased accuracy and differences in ranking the best genotypes (LIU et al., 2015). The highest precision achieved by spatial models was illustrated by decreasing the prediction error variance (Table 3). Liu et al. (2015) also reported a trend in reducing PEV using the spatial approach in cotton breeding experiments. Nevertheless, these authors reported an average decrease of 8%, lower than that found in this study (17, 18 and 11% for TTY, MTY and SG, respectively). Higher values were verified by Qiao et al. (2000) working with wheat breeding trials, these results demonstrate that the efficiency achieved by using spatial models depends on the crop and the trials considered.

Spatial analysis was shown to have considerable impacts on the selection of the best clones (Table 5). The magnitude of the differences in the selection between the base model and the different spatial models was affected by the selection intensity employed, and in general, the higher the selection intensity, the lower the agreement. The number of clones used also impacted the selected clones, that is, in trials with just few clones, any change among the best clones can lead to very discrepant selection. Sripathi et al. (2017) obtained similar results and claim that spatial analysis proved to be more precise and also efficient in reducing the risk of the breeder not selecting the best genotypes.

4. CONCLUSION

This study showed that the use of data analysis methods that model spatial variation has a great impact on the analysis of phenotypic data from potato breeding programs, compared to the usual approach that considers independent errors. Models based on autoregressive processes and the SpATS model have been shown to have the same power in error control. We recommend that experimental design information should be maintained even with the use of these models. No differences were detected in the efficiency of the spatial models considering the different experimental designs.

Spatial analysis can lead to greater gains with selection due to increased heritability as well as decreased experimental errors. Ignoring these spatial variations can lead to mistakes in selecting the best clones.

Data analysis methods that model environmental variation should be used as a standard for analyzing phenotypic data from potato breeding programs.

5. REFERENCES

- AKAIKE, H. A new look at the statistical model identification. In: **Selected Papers of Hirotugu Akaike**. Springer, New York, NY, 1974. p. 215-222.
- BORGES, A. et al. Can Spatial Modeling Substitute for Experimental Design in Agricultural Experiments?. **Crop Science**, v. 59, n. 1, p. 44-53, 2019.
- BRADSHAW, J. E. Review and Analysis of Limitations in Ways to Improve Conventional Potato Breeding. **Potato Research**, v. 60, n. 2, p. 171–193, 2017.
- BUTLER, D. G. et al. ASReml-R reference manual. **The State of Queensland, Department of Primary Industries and Fisheries, Brisbane**, 2009.
- CHEN, Z. et al. Efficiency of using spatial analysis for Norway spruce progeny tests in Sweden. **Annals of Forest Science**, v. 75, n. 1, p. 1–13, 2018.
- CULLIS, B. R.; SMITH, A. B.; COOMBES, N. E. On the design of early generation variety trials with correlated data. **Journal of agricultural, biological, and environmental statistics**, v. 11, n. 4, p. 381, 2006.
- DUARTE, J. B.; VENCOVSKY, R. Spatial statistical analysis and selection of genotypes in plant breeding. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 40, n. 2, p. 107-114, 2005.
- DUTKOWSKI, G. W. et al. Spatial analysis enhances modelling of a wide variety of traits in forest genetic trials. **Canadian Journal of Forest Research**, v. 36, n. 7, p. 1851–1870, 2006.
- DUTKOWSKI, G. W. et al. Spatial analysis methods for forest genetic trials. **Canadian Journal of Forest Research**, v. 32, n. 12, p. 2201–2214, 2002.
- DUTKOWSKI, G. W. et al. Spatial analysis methods for forest genetic trials. **Canadian Journal of Forest Research**, v. 32, n. 12, p. 2201–2214, 2002.
- FISHER, R. A. The design of experiments, Oliver and Boyd Ltd. **London, UK**, 1935.
- GEZAN, S. A.; WHITE, T. L.; HUBER, D. A. Accounting for spatial variability in breeding trials: A simulation study. **Agronomy Journal**, v. 102, n. 6, p. 1562–1571, 2010.
- GILMOUR, A. R.; CULLIS, B. R.; VERBYLA, A. P. Accounting for natural and extraneous variation in the analysis of field experiments. **J Agric Biol Environ Stat**, v. 2, n. 3, p. 269-293, 1997.
- GOPAL, J. Challenges and Way-forward in Selection of Superior Parents, Crosses and Clones in Potato Breeding. **Potato Research**, v. 58, n. 2, p. 165–188, 2015.
- GRONDONA, M. O. et al. Spatial Analysis of Yield Trials Using Separable Arima Processes. **Biometrics**, v. 52, n. 2, p. 763–770, 1996.
- HENDERSON, C. R. et al. **Applications of linear models in animal breeding**. Guelph: University of Guelph, 1984.
- LEE, D. J.; DURBÁN, M.; EILERS, P. Efficient two-dimensional smoothing with P-spline ANOVA mixed models and nested bases. **Computational Statistics and Data Analysis**, v. 61, p. 22–37, 2013.
- LIU, S. M. et al. Benefit of spatial analysis for furrow irrigated cotton breeding trials. **Euphytica**, v. 201, n. 2, p. 253–264, 2015.

- MÜLLER, B. U. et al. Comparison of spatial models for sugar beet and barley trials. **Crop Science**, v. 50, n. 3, p. 794–802, 2010.
- PAGET, M. F. et al. Trial heterogeneity and variance models in the genetic evaluation of potato tuber yield. **Plant Breeding**, v. 134, n. 2, p. 203–211, 2015.
- PAPADAKIS, J. S. Méthode statistique pour des expériences sur champ. **Bull. Inst. Amel. Plantes a Salonique**, v. 23, p. 13–29, 1937.
- PIEPHO, H. P. et al. Problems in parameter estimation for power and AR(1) models of spatial correlation in designed field experiments. **Communications in Biometry and Crop Science**, v. 10, n. 1, p. 3–16, 2015.
- PIEPHO, H. P.; WILLIAMS, E. R. Linear variance models for plant breeding trials. **Plant breeding**, v. 129, n. 1, p. 1–8, 2010.
- QIAO, C. G. et al. Evaluation of experimental designs and spatial analyses in wheat breeding trials. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 100, n. 1, p. 9–16, 2000.
- R Core Team. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org/>, 2017.
- RICKEY, F. D. Adjusting yields to their regression on a moving average, as a means of correcting for soil heterogeneity. **Journal of Agricultural Research**, v. 27, p. 79–90, 1924.
- RODRÍGUEZ-ÁLVAREZ, M. X. et al. Correcting for spatial heterogeneity in plant breeding experiments with P-splines. **Spatial Statistics**, v. 23, p. 52–71, 2018.
- RODRÍGUEZ-ÁLVAREZ, M. X. et al. SpATS: spatial analysis of field trials with splines. R package version 1.0–4, 2016.
- ROSSONI, D. F.; LIMA, R. R. Autoregressive analysis of variance for experiments with spatial dependence between plots: a simulation study. **Revista Brasileira de Biometria**, v. 37, n. 2, p. 244–257, 2019.
- SARKER, A.; SINGH, M.; ERSKINE, W. Efficiency of spatial methods in yield trials in lentil (*Lens culinaris* ssp. *culinaris*). **Journal of Agricultural Science**, v. 137, n. 4, p. 427–438, 2001.
- SRIPATHI, R. et al. Spatial variability effects on precision and power of forage yield estimation. **Crop Science**, v. 57, n. 3, p. 1383–1393, 2017.
- STEFANOVA, K. T.; SMITH, A. B.; CULLIS, B. R. Enhanced diagnostics for the spatial analysis of field trials. **Journal of Agricultural, Biological, and Environmental Statistics**, v. 14, n. 4, p. 392–410, 2009.
- STRINGER, J. K.; CULLIS, B. R. Application of spatial analysis techniques to adjust for fertility trends and identify interplot competition in early stage sugarcane selection trials. **Australian Journal of Agricultural Research**, v. 53, n. 8, p. 911–918, 2002.
- STROUP, W. W.; BAENZIGER, P. S.; MULTIZE, D. K. Removing spatial variation from wheat yield trials: A comparison of methods. **Crop Science**, v. 34, n. 1, p. 62–66, 1994.
- VAN EEUWIJK, F. A. et al. Modelling strategies for assessing and increasing the effectiveness of new phenotyping techniques in plant breeding. **Plant Science**, v. 282, p. 23–39, 2019.

VAN ES, H. M.; VAN ES, C. L. Spatial nature of randomization and its effect on the outcome of field experiments. **Agronomy Journal**, v. 85, n. 2, p. 420-428, 1993.

VELAZCO, J. G. et al. Modelling spatial trends in sorghum breeding field trials using a two-dimensional P-spline mixed model. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 130, n. 7, p. 1375–1392, 2017.