

## Spatial analysis enhances modelling of a wide variety of traits in forest genetic trials

Gregory W. Dutkowski, João Costa e Silva, Arthur R. Gilmour, Hubert Wellendorf, and Alexandre Aguiar

**Abstract:** Spatial analysis of progeny trial data improved predicted genetic responses by more than 10% for around 20 of the 216 variables tested, although, in general, the gains were more modest. The spatial method partitions the residual variance into an independent component and a two-dimensional spatially autocorrelated component and is fitted using REML. The largest improvements in likelihood were for height. Traits that exhibit little spatial structure (stem counts, form, and branching) did not respond as often. The spatial component represented up to 50% of the total residual variance, usually subsuming design-based blocking effects. The autocorrelation tended to be high for growth, indicating a smooth environmental surface, it tended to be small for measures of health, indicating patchiness, and otherwise the autocorrelation was intermediate. Negative autocorrelations, indicating competition, were present in only 10% of diameter measurements for the largest diameter square planted trials, and between nearest trees with rectangular planting at smaller diameters. Bimodal likelihood surfaces indicate that competition may be present, but not dominant, in other cases. Modelling of extraneous effects yielded extra genetic gain only in a few trials with severely asymmetric autocorrelations. Block analysis of resolvable incomplete-block or row–column designs was better than randomized complete-block analysis, but spatial analysis was even better.

**Résumé :** L'étude spatiale des données de tests génétiques a amélioré la prédiction des réponses génétiques de plus de 10 % pour environ 20 des 216 variables testées quoique les gains étaient en général plus modestes. La méthode spatiale divise les résidus de la variance en une composante indépendante et une composante à deux dimensions spatialement autocorrélées et elle est ajustée à l'aide de la méthode du maximum de vraisemblance restreinte. Les meilleures améliorations en vraisemblance ont été obtenues pour la hauteur. Les caractères démontrant peu de structure spatiale (le nombre de tiges, la forme et la branchaison) ne répondaient pas aussi bien à l'ajustement. La composante spatiale représentait jusqu'à 50 % de la variance résiduelle totale et correspondait habituellement au sous-ensemble des effets du dispositif associés aux répétitions. L'autocorrélation avait tendance à être élevée pour la croissance, indiquant une variation environnementale graduelle, alors qu'elle était faible pour les mesures d'état de santé, indiquant une structure agrégée. Dans les autres cas, l'autocorrélation était intermédiaire. Des autocorrélations négatives indicatrices d'effets de compétition n'ont été observées que dans seulement 10 % des mesures de diamètre pour les tests plantés en carré et présentant les plus grands diamètres, et entre les arbres les plus proches pour les tests plantés en rectangle et présentant de plus faibles diamètres. Des surfaces de vraisemblance bimodales ont été observées dans les autres cas. Elles indiquent que la compétition peut être présente sans être dominante. La modélisation des effets exogènes a produit un gain génétique supplémentaire uniquement pour un petit nombre de tests où les autocorrélations asymétriques étaient sévères. L'analyse par bloc des dispositifs solubles à blocs incomplets ou par rangées et colonnes a produit de

meilleurs résultats que l'analyse en blocs complètement aléatoires, mais l'analyse spatiale était encore meilleure