

Potencialidad de los análisis espaciales con modelos mixtos en la evaluación de ensayos genéticos a campo

Felipe E. Cisneros¹, Carlos R. López¹, Rocío Carreras^{1,2}

(1) *Instituto de Silvicultura y manejo de Bosques, Facultad de Ciencias Forestales, Centro de Investigación y Transferencia de Santiago del Estero, Conicet, Universidad Nacional de Santiago del Estero, Argentina*

(2) *Instituto de Silvicultura y manejo de Bosques, Facultad de Ciencias Forestales, Universidad Nacional de Santiago del Estero, Conicet, FAUBA. Argentina*

estebanfelicisneros@gmail.com

RESUMEN

Los modelos espaciales representan nuevas herramientas analíticas disponibles en la evaluación genética forestal que ayudan a mejorar la precisión en las estimaciones y predicciones genéticas. La heterogeneidad ambiental dentro del área experimental que no es controlada por los bloques en un diseño de bloques completos aleatorizados (BCA) genera dependencia espacial de las observaciones registradas en las unidades experimentales y disminuye la precisión en la comparación de los tratamientos genéticos. Este trabajo compara los resultados del análisis del diseño de bloques completos al azar con los del análisis que incluyen residuos correlacionados espacialmente en la aplicación de modelos lineales mixtos en ensayos genéticos. La modelación de la variación espacial del diámetro de cuello en un ensayo de 201 familias de progenies de polinización abierta de *Prosopis alba* con un proceso separable autorregresivo de primer orden de residuales mostró ser más eficiente que el modelo básico de BCA. La interpretación de los variogramas de **residuales** contribuyó a la detección de la variación ambiental alineada en filas y columnas del ensayo. La inclusión de los efectos fijos y aleatorios en los modelos fue testada mediante la Prueba de Wald y de Razón de Verosimilitud (LRT) respectivamente. Los componentes de varianza fueron estimados por Máxima Verosimilitud Restringida (REML) y la solución de los valores de mejora predichos usando el Mejor Predictor Lineal Insegado (BLUP). El análisis espacial mejoró la precisión en la estimación de los valores genéticos en 10,13 % con respecto al modelo básico de BCA. Los parámetros genéticos para el modelo base fueron: heredabilidad: 0,1687; varianza aditiva: 0,2669 y ganancias genéticas de 12,86 % en las primeras veinte familias. Para el modelo espacial fueron: heredabilidad: 0,1858; varianza aditiva: 0,2862 y ganancias genéticas de 14,96 %. La modelación de los residuos correlacionados espacialmente permitió controlar la variación ambiental y mejorar las estimaciones de parámetros genéticos para un mejor ordenamiento y selección de genotipos.

INTRODUCCIÓN

El mejoramiento genético brinda las herramientas necesarias para aprovechar la variabilidad existente en la naturaleza en beneficio de las necesidades humanas. Comprende todas aquellas actividades dirigidas a producir árboles más deseables en diámetro, altura, volumen, sanidad y calidad de la madera. Los métodos de mejoramiento se basan en la existencia de variabilidad genética, que combinada con una determinada intensidad de selección, promueven ganancias en productividad en las futuras generaciones (Namkoong, 1984). El proceso de mejoramiento forestal comprende la identificación de árboles con fenotipo superior, la evaluación de su descendencia en ensayos de progenie para determinar su valor genético y el establecimiento de los genotipos superiores en huertos para la producción de semilla (Willan et al., 1993).

Los métodos de evaluación y selección de individuos están relacionados con el diseño del experimento a campo y con las tecnologías disponibles para su análisis genético. Los ensayos de progenie son el medio a través del cual se evalúa el desempeño de los individuos preseleccionados y el esfuerzo que se ponga en mejorar la precisión de las estimaciones redundará en beneficio de una evaluación genética más precisa de la población en proceso de mejora.

Análisis espacial en experimentos forestales

La selección de individuos genéticamente superiores se realiza en base al mérito genético que cada uno de ellos tiene y las herramientas para lograrlo constituyen una parte fundamental del método que se utilice. Con ellos, se filtra el efecto ambiental del comportamiento de los genotipos.

Para incrementar la precisión en la comparación de los tratamientos genéticos es necesario lograr condiciones ambientales homogéneas con el diseño experimental. Para ello, es común efectuar el control local mediante el establecimiento de bloques completos aleatorizados (Mora Garcés y Ramírez, 2000). Sin embargo, el elevado número de tratamientos que normalmente incluyen los ensayos genéticos forestales conspira contra ese supuesto debido a que el aumento del tamaño de los bloques disminuye su capacidad para controlar la variación espacial de las condiciones del sitio. Además, en general estos ensayos se suelen establecer en terrenos

típicamente forestales, habitualmente irregulares y fuertemente heterogéneos (Zas, et al., 2008). Así mismo, se ha demostrado que en muchos ensayos de uniformidad, aplicados en cultivos agrícolas, las observaciones tomadas sobre parcelas vecinas son más similares que aquellas tomadas aleatoriamente, lo cual produce una correlación espacial que contradice el supuesto de independencia de las observaciones para llevar a cabo el análisis de la varianza (Papadakis, 1937 citado por Mora Garcés y Ramírez, 2000).

Cuando esta heterogeneidad se refleja en la variable dependiente, los datos presentan autocorrelación espacial que supone la violación del requisito de independencia de los análisis estadísticos convencionales (Zas, et al., 2008).

Esto conduce a la reducción de la capacidad de los análisis para identificar variaciones genéticas y la precisión en las estimaciones de valores genéticos (Costa e Silva et al., 2001). Además, el problema con el diseño “a priori” es que la variación ambiental suele ser desconocida previamente a la realización del ensayo hecho que hace difícil sino imposible la elección de un diseño óptimo. (Fu et al., 1999, citado por Cappa, 2007). Por ello, se proponen nuevos aprovechamientos analíticos “a posteriori”, englobados bajo el nombre de Modelos espaciales (Fu et al., 1999, citado por Cappa, 2011). Los modelos espaciales representan nuevas herramientas analíticas disponibles en la evaluación genética forestal que ayudan a mejorar la precisión en las estimaciones y predicciones genéticas, y según algunos autores, debe convertirse en una rutina cuando la disposición espacial de los árboles puede ser determinada (Dutkowski et al. 2006). La variabilidad del sitio en los ensayos de campo puede ser espacialmente continua, reflejando patrones similares en el suelo subyacente y efectos micro-climáticos; discontinua, reflejando efectos de cultivo y de medición; o aleatoria debida a la heterogeneidad micro-ambiental (Dutkowski et al., 2002). La asociación espacial positiva (gradiente ambiental) o negativa (competencia) entre las observaciones (Apiolaza, 2006) induce a una posible asociación entre unidades experimentales vecinas que contradice el supuesto de independencia de los registros.

Se sugirieron varios enfoques analíticos que toman en cuenta la variación del sitio y mejoran la estimación de los efectos de los tratamientos en los ensayos de campo (Dutkowski et al., 2002). Entre los antecedentes de estos métodos se cuenta el modelo propuesto por Papadakis en 1937 que efectúa una corrección por una

covarianza que utiliza los residuos o los rendimientos de las unidades experimentales (Mora Garcés y Ramírez, 2000). Los análisis que asumen la existencia de una estructura de covarianza residual próxima a la estructura de covarianza real de los datos conducirán a mejorar la eficiencia y precisión en la estimación de los efectos de los tratamientos (Costa e Silva et al., 2001). Gilmour et al., (1997) proponen un modelo autorregresivo de primer orden de residuales que asume separabilidad.

Los objetivos de este trabajo son:

- Evaluar el ensayo de progenies de *Prosopis alba* en diámetro de cuello.
- Identificar patrones espaciales.
- Comparar el modelo de Bloques completos con los modelos espaciales.
- Modelar los residuos espacialmente correlacionados.
- Estimar componentes de varianza y predecir valores de mejora y ganancias genéticas.

MATERIALES Y MÉTODOS

Material

El material genético corresponde a un ensayo constituido por 175 familias de progenies de polinización abierta de ejemplares seleccionados por su superioridad en forma y vigor en poblaciones naturales de *Prosopis alba* provenientes de la Región Chaqueña, establecido en la localidad de Presidencia de la Plaza, Chaco, Argentina.

Área de estudio

La localidad de Presidencia de la Plaza se encuentra en la zona ganadera del centro este de Chaco, Argentina. Tiene suelos de material arcilloso, limoso lacustres. El clima es subtropical con estación seca marcada con temperatura media del mes de julio de 16°C y enero de 27°C. Las precipitaciones varían entre 800-1100 mm anuales y la evapotranspiración potencial anual es 110 mm. Los vientos predominantes son del cuadrante norte, noreste, sudeste, sur y suroeste (Frenicia et al., 2009)

Diseño experimental

Los ensayos fueron establecidos en el año 2008 mediante un diseño experimental de bloques completos al azar con tres repeticiones, parcelas de árbol único, bordura perimetral simple y marco de plantación de 4 m x 4m.

Este trabajo se abordó en dos etapas:

Por un lado, se realizó el estudio de los residuales del diámetro de cuello para identificar patrones espaciales en el ensayo. Esta etapa sirve de diagnóstico y permite detectar problemas ambientales, de competencia o variaciones por la forma de tomar los datos a campo. Este análisis se realiza mediante: i) Gráficos de residuales distribuidos en forma espacial en dos dimensiones donde la intensidad del color representa la magnitud de los residuales (Cappa, 2012), ii) Análisis de la media o mediana (más robusta al distinto número de observaciones dentro de filas y columnas) de los residuales a través de las filas y columnas y iii) Variogramas (Cappa, 2012) que pueden sugerir algún patrón en filas y columnas.

Por otro lado, se realizó el ajuste de modelos espaciales del diámetro de cuello utilizando métodos analíticos que se describen a continuación.

Análisis Estadístico

El rasgo evaluado fue el diámetro de cuello, medido al segundo año de implantación. El análisis estadístico de los datos se realizó según un Modelo Lineal Mixto espacial familiar de individuos, con estructura autorregresiva de los errores, y que tiene la siguiente forma:

$$y = X\beta + Zu + e \quad (1)$$

En esta expresión, y es el vector de los datos de cada árbol, β y u son los vectores de los efectos fijos y aleatorios respectivamente; e , es el vector de los efectos residuales aleatorios; X y Z son las matrices de incidencia que relacionan las observaciones a los efectos del modelo fijos y aleatorios respectivamente. Se asumió que la distribución conjunta de los efectos aleatorios tiene distribución normal multivariada con promedio y (co)varianza:

$$\begin{bmatrix} u \\ e \end{bmatrix} \sim N \left(\begin{bmatrix} 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} G & 0 \\ 0 & R \end{bmatrix} \right) \quad (2)$$

Donde 0 es una matriz nula; G y R son matrices de varianza-covarianza correspondientes a u y e , respectivamente.

Para efectuar el análisis genético se utilizó un modelo familiar según la siguiente expresión:

$$y_{ij} = \mu + f_i + e_{ij} \quad (3)$$

donde: y_{ij} representa las observaciones registradas de altura, μ es el promedio general;

fi el efecto genético aditivo aleatorio de la familia i, y eij el efecto residual.

El modelo familiar incluye los valores de mejora de las madres en la matriz u, e incorpora la matriz de parentesco en el análisis, permitiendo la estimación directa de la varianza genética aditiva y los valores de mejora.

Las soluciones de los efectos fijos y aleatorios se obtuvieron resolviendo las ecuaciones de modelos mixtos (Henderson, 1984):

$$\begin{bmatrix} \mathbf{X}^T \mathbf{R}^{-1} \mathbf{X} & \mathbf{X}^T \mathbf{R}^{-1} \mathbf{Z} \\ \mathbf{Z}^T \mathbf{R}^{-1} \mathbf{X} & \mathbf{Z}^T \mathbf{R}^{-1} \mathbf{Z} + \mathbf{G}^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}^T \mathbf{R}^{-1} \mathbf{y} \\ \mathbf{Z}^T \mathbf{R}^{-1} \mathbf{y} \end{bmatrix} \quad (4)$$

donde R es la matriz de varianza-covarianza de los residuos y G es la suma directa de las matrices de varianza-covarianza de cada uno de los efectos aleatorios.

Si los residuos se asumen independientes, R se define como $\sigma_e^2 \mathbf{I}$. Sin embargo, los análisis espaciales permiten que R tenga diferentes estructuras de correlación basada en la descomposición de e:

$$e = \xi + \eta \quad (5)$$

donde ξ se refiere a los residuos espacialmente correlacionados y η a los residuos aleatorios independientes.

La estructura de ξ puede ser modelada de varias maneras. Para datos ordenados en filas y columnas, Gilmour et al., (1997) sugieren modelarla como un proceso autorregresivo de primer orden (AR1 x AR1) con una matriz R:

$$R = \sigma_\xi^2 [\text{AR1}(\rho_c) \otimes \text{AR1}(\rho_r)] + \sigma_\eta^2 \mathbf{I} \quad (6)$$

donde σ_ξ^2 es la varianza residual espacial; AR1 son las matrices de correlación autorregresivas de primer orden con parámetros de autocorrelación ρ_c y ρ_r para columnas y filas respectivamente. La matriz de varianza-covarianza residual σ_η^2 es la varianza de los residuos independientes e I es la matriz identidad. Los elementos del vector η se asumen independientes y reflejan los efectos ambientales debido a las diferencias entre micrositios, efectos genéticos no aditivos y errores de medición (Costa Silva et al., 2001).

Fueron utilizados varias combinaciones de efectos aleatorios en la aplicación de los modelos. La inclusión de los efectos aleatorios fue testada mediante la Prueba de Razón de Verosimilitud (LRT) (Searle, 1971) que prueba el doble de la diferencia del logaritmo de la verosimilitud con un valor tabulado de Chi cuadrado de dos colas al 95 % de probabilidades. También fue extendido el modelo espacial para incluir términos que

controlen la variación alineada en filas y columnas.

Los componentes de la varianza fueron estimados por Máxima Verosimilitud Restringida (REML), los valores de mejora predichos usando el Mejor Predictor Lineal Insesgado (BLUP) y el rendimiento promedio de las familias fueron estimados con el Mejor Estimador Lineal Insesgado (BLUE).

Para detectar la existencia de patrones de variación espacial, y en particular variación externa, se usaron variogramas.

RESULTADOS

1. Etapa de estudio de los residuales

La figura 1 muestran la distribución de los residuales en el espacio por filas y columnas que permiten identificar patrones de distribución sugiriendo la existencia de correlaciones espaciales. Hay que tener presente que en ese caso puede haber influencia genética en los residuales porque $\frac{3}{4}$ de la varianza aditiva integra los residuales.

La figura 2 muestra el valor de residuales por filas y columnas y permiten identificar ciertos parches que sugerirían existencia de auto-correlación espacial (estructura espacial no aleatoria), reflejando que los valores de los vecinos más próximos son más parecidos que los de aquellos más alejados. Estos resultados muestran la necesidad de abordar el análisis con modelos espaciales que permitan un mejor control de los residuales.

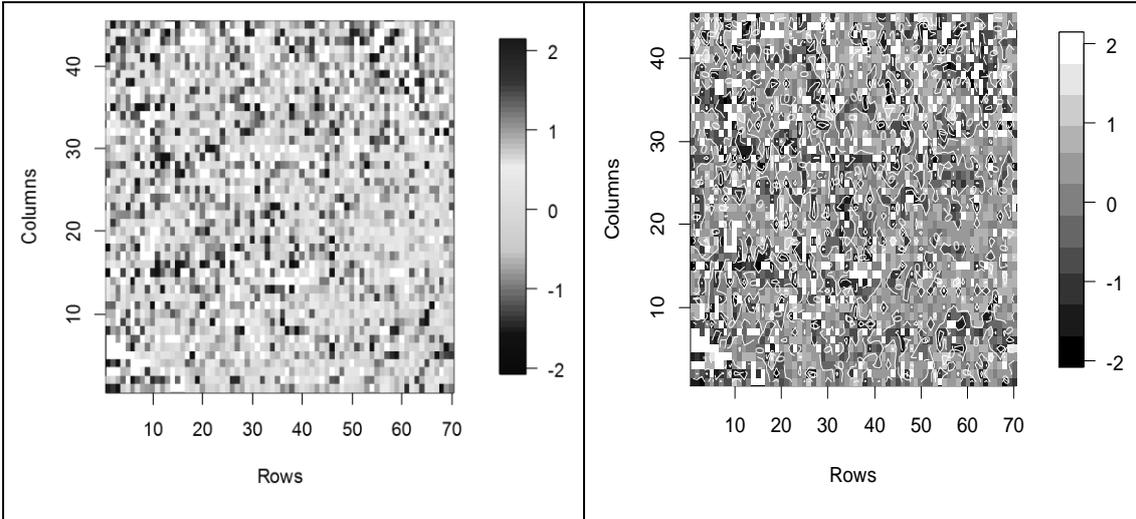


Figura 1. Residuales por filas y columnas para la variable altura en el sitio de ensayo

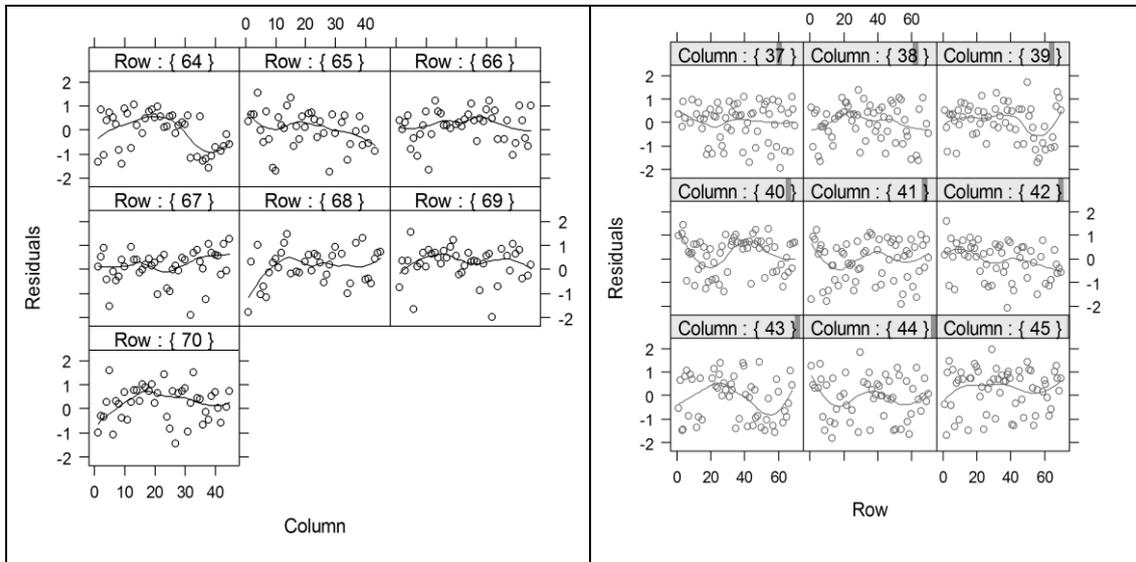


Figura 2. Residuales por filas y columnas para la variable altura en el sitio de ensayo

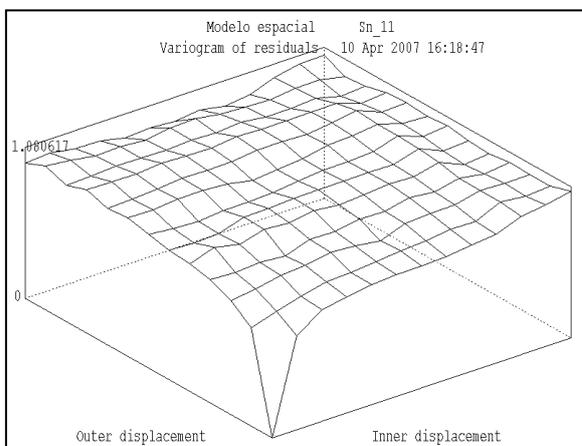


Figura 3. Variograma de residuales

2. Etapa de ajuste del modelo espacial

Los métodos analíticos aplicados permitieron obtener los siguientes resultados: Tabla 1, Fig.3

Tabla 1. Comparación de los modelos de predicción de diámetro con Logaritmos de Máxima Verosimilitud (REML log-likelihood).

Efecto aleatorio del Modelo	Modelo del Residuo	REML Log-likelihood		Varianza del Residuo	Error estándar de la diferencia
		Cambio			
Grupo + Familia	BCA	-1258,42	---	1,34	0,3503
Grupo + Familia	AR1 x AR1	-1136,38	122	1,30	0,3401

Tabla 2. Parámetros genéticos estimados para el modelo básico y el espacial. Los errores estándar se indican entre paréntesis.

Modelo	Parámetros			
	Promedio	Heredabilidad	Varianza aditiva	Ganancias %
BCA (Base)	2,070 (0,1452)	0,1687 (0,0551)	0,2669 (0,087)	12,86
Espacial	2,027 (0,1516)	0,1858 (0,0502)	0,2862 (0,077)	14,96

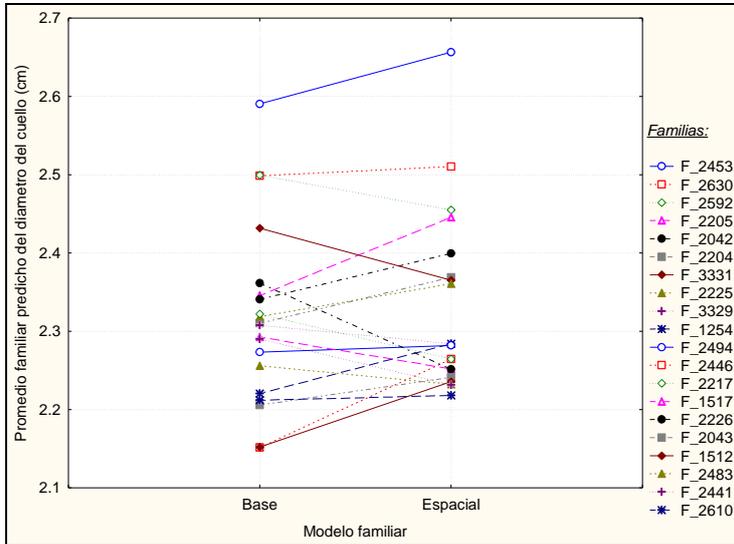


Figura 4. Comparación de promedios familiares predichos del diámetro de cuello por los modelos

La comparación entre el modelo básico de bloques completos al azar y el espacial autoregresivo se muestra en la tabla 1. El modelo espacial muestra el menor valor de Logaritmos de Máxima Verosimilitud y un cambio respecto del modelo básico que genera un valor de LRT de 244, altamente significativo. Esto indica que el modelo espacial ajusta mejor que el modelo básico. Además, la varianza del residuo y el error estándar de la diferencia son menores para el modelo espacial e indican una mayor robustez de este último.

El variograma, que sirve como herramienta de diagnóstico para evaluar la presencia de variación extraña (Gilmour et al., 1997), muestra la distribución espacial de los residuales y corrobora la inexistencia de patrones espaciales. Esto contribuye a minimizar la influencia del ambiente en la evaluación genética (Fig. 3).

La figura muestra que la semivarianza ha alcanzado un valor constante; es decir, se ha logrado eliminar la autocorrelación espacial y el variograma resultante muestra un proceso estacionario. Además la semivarianza se estabiliza en un valor cercano a 1,08, la cual representa la varianza del error estimada para este modelo, e incluye la variación no espacial (los efectos genéticos no aditivos, los errores de medición y los efectos de microsítio).

Las predicciones de los promedios familiares del diámetro de cuello son diferentes en los modelos básicos y espaciales respectivamente. La comparación de las primeras 20 familias ordenadas por su desempeño predicho se muestran en la Figura 4. La magnitud de los promedios Predichos y el ordenamiento de los tratamientos tienen un efecto directo sobre la selección de los genotipos en los programas de mejoramiento genético. El gráfico muestra que existen familias que poseen mayor diámetro de cuello predicho con el modelo espacial respecto al modelo base y viceversa.

Los parámetros genéticos: promedios, heredabilidad, varianza aditiva y ganancias esperadas para ambos modelos se muestran en la tabla 2.

Los resultados muestran que la estimación de la heredabilidad del diámetro de cuello en sentido restringido con el modelo espacial es superior en 10,13 % respecto al modelo básico y es coherente con las estimaciones que muestra la bibliografía.

La varianza genética aditiva constituye un indicativo de la facilidad de identificación de genotipos superiores que proporcionarán ganancias con la selección. Para facilitar su valorización se usa el coeficiente de variación

genética aditiva (CVa) que es una ponderación de la varianza genética respecto al promedio del rasgo. El coeficiente de variación genética aditiva del diámetro es 12,42%. Coeficientes de variación genética próximos al 10% indican ganancias sustanciales por selección (López, 2004).

Las estimaciones de ganancias logradas promediando los valores de mejora estimados mediante BLUP (White and Hodge, 1989) permiten escoger el esquema de selección más conveniente.

Las ganancias genéticas para las primeras 20 familias seleccionadas por su mejor desempeño en diámetro de cuello son del 12,86 % y 14,96 % para el modelo básico y espacial respectivamente. Las ganancias para las primeras 20 familias ordenadas en un ranking mejoran con el modelo espacial un 16,33 %.

El modelo espacial detectó 6 familias extras con desempeño superior al promedio general en la predicción de los valores de mejora.

CONCLUSIONES

El estudio de los residuos permitió identificar patrones de distribución espacial permitiendo identificar la existencia de correlación espacial y la necesidad de abordar los análisis cuantitativos para un mejor control de los residuales.

La modelización del error espacial mejora la predicción de valores de mejora y la selección de genotipos.

Los parámetros genéticos estimados con los modelos espaciales son superiores y más precisos que los obtenidos con los modelos básicos, por lo que se convierten en potenciales herramientas analíticas que mejoran la evaluación de los ensayos genéticos a campo.

AGRADECIMIENTOS

Al Dr. Eduardo Cappa por el apoyo brindado en el presente trabajo durante y después de la realización del seminario-Taller “Aplicación de Modelos Mixtos para la evaluación Genética Forestal de especies nativas e introducidas”.

REFERENCIAS

- Cappa, E. 2007. Seminario Taller “Aplicación de Modelos Mixtos en la evaluación genética forestal”. Buenos Aires, Argentina. Abril de 2007.
- Cappa, E. 2011. Seminario Taller “Toma de datos a campo, digitalización, validación, almacenamiento, administración y análisis genéticos básicos de datos fenotípicos de ensayos genéticos de especies forestales nativas e introducidas”. Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, INTA Castelar. Buenos Aires, Abril de 2011.
- Cappa, E. 2012. Seminario Taller “Aplicación de Modelos Mixtos para la evaluación Genética Forestal de especies nativas e introducidas”. Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, INTA Castelar. Buenos Aires, Abril de 2012.
- DUTKOWSKI, G. et al. 2006. Spatial analysis enhances modelling of a wide variety of traits in forest genetic trials. *Can. J. For. Res.* 36: 1851–1870 (2006).
- DUTKOWSKI, G. et al. 2002. Spatial analysis methods for forest genetic trials. *Can. J. For. Res.* 32: 2201–2214 (2002)
- COSTA E SILVA, J. DUTKOWSKI, G. AND GILMOUR A. (2001). Analysis of early tree height in forest genetic trials is enhanced by including a spatially correlated residual. *Can. J. For. Res.* 31: 1887–1893
- FRENCIA ET AL, 2009. Caracterización de las sub-zonas RIAN. Descripción Agronómica y Ecológica determinadas por las sub-zonas RIAN de la Provincia del Chaco. Departamento de Información Económica y Social. Laboratorio de Teledetección. Disponible en <http://dies.chaco.gov.ar/files/documents/informes/laboratorio-caracterizacion-de-las-sub-zonas-rian.pdf>
- HENDERSON, C.R. (1984). Applications of Linear Models in Animal Breeding. University of Guelph. Ontario, U.S.A. 462 pp.
- Herranz ruíz, T.; López, C. 2009. Ajuste de Modelos Mixtos para la mejora genética de *Prosopis Chilensis* en el Chaco árido Argentino.
- Guilmour, A.; Cullis, B.; Verbyla, A. 1997. Accounting for natural and extraneous variation in the analysis of field experiments. *Journal agricultural, biological, and environmental statistics*. Volume 2, number 3, pages 269-293
- Mata Pombo, R. Zas, R, Sánchez E. 2008. Control de la autocorrelación espacial mediante diseños experimentales y métodos de análisis espacial en ensayos de progenie de *Pinus pinaster*. Actas de la IV Reunión sobre Genética Forestal. Cuadernos de la Sociedad Española de Ciencias Forestales. 24: 139-145.
- Mora Garcés, A. y Ramírez, G. 2000. Consideraciones prácticas sobre el análisis estadístico espacial de experimentos forestales de campos. *Revista Forestal Venezolana*, 44(2) 21-28 p.
- Namkoong G., 1984. Inbreeding, hybridization and conservation in provenances of tropical trees. In : Joint Meeting of IUFRO working Parties of Provenance and Genetic Improvement Strategies in Tropical Forest Trees. Mutare, 7 pp.
- López, C. et al. 2008. ANÁLISIS ESPACIAL DE ENSAYOS GENÉTICOS CON MODELOS MIXTOS. XIII reunión Científica del Grupo Argentino de Biometría.
- López, C.; Salto, C.; Venturini, M.; Ewens, M. 2008. Análisis espacial de ensayos de Familias de polinización abierta de *Eucalyptus tereticornis SMITH*. Boletín del CIDEU 6-7-47-55.
- López, C. 2004. Variación Genética en Procedencias y Progenies de *Eucalyptus camaldulensis* Introducidas en el Noroeste Argentino. Tesis Doctoral. Universidad Politécnica de Madrid, Escuela Técnica Superior de Ingenieros de Montes. España. 89 pp.
- LÓPEZ, C. 2005 Mejoramiento genético en *Eucalyptus camaldulensis* y *Prosopis*. En Mejores árboles para más forestadores. Secretaria de Agricultura Ganadería Pesca y Alimentación
- SEARLE, S. R. (1971). Linear models. John Wiley & Son, New York. 532 pp.
- White, T. L.; Hodge, G.R. 1989. Prediction Breeding Values with Applications in Forest Tree Improvement. Kluwer Academic Publishers. Dordrech, Netherlands. 367pp.
- Willian, R. L.; Olesen, K. y Barner, H. 1993. La variación natural como base del mejoramiento genético forestal.
- Zas, R, et al. 2008. Autocorrelación Espacial: un problema común...mente olvidado. Actas de la IV Reunión sobre Genética. Actas 24: 139-145. 2008.