UNIVERSIDAD AUTONOMA DE NUEVO LEON

FACULTAD DE AGRONOMIA

DISEÑO Y ANALISIS DEL MODELO 2 DE GRIFFING DE CRUZAS DIALELICAS

S E M I N A R I O

QUE EN OPCION AL TITULO DE
INGENIERO AGRONOMO FITOTECNISTA
PRESENTA

JOSE ALFREDO CHAPA ELIZONDO

MONTERREY, N. L. DICIEMBRE DE 1978

DIS

M

UNIVERSIDAD AUTONOMA DE NUEVO LEON

FACULTAD DE AGRONOMIA

DISEÑO Y ANALISIS DEL MODELO 2 DE GRIFFING DE CRUZAS DIALELICAS

SEMINARIO

QUE EN OPCION AL TITULO DE
INGENIERO AGRONOMO FITOTECNISTA

PRESENTA

JOSE ALFREDO CHAPA ELIZONDO

MONTERREY, N. L. DICIEMBRE DE 1978

A MIS PADRES :

Sr. Florencio CHapa Barrera y

Sra. Oralia Elizóndo de CHapa.

Con profundo amor y eterno agra

decimiento.

A MIS MAESTROS :

Con agradecimiento.

Especialmente al Ingeniero Agrónomo

Emilio Olivares Saenz,

A MIS COMPAÑEROS.

I N D I C E

I N T R O D U C C I O N

La ciencia llamada Genética, a partir de 1866, con la publicación de los resultados de Mendel, ha recibido una gran ayuda de las Matemáticas y la Estadística , permitiendo al genetista estudiar más a fondo los procesos de la herencia para el mejoramiento de plantas y animales.

Ahora qué, para aplicar los metodos de mejoramiento mas apropiados, en determinadas situaciones, es importante poder predecir el comportamiento de la progenie, pues en esta forma, se tiene un ahorro en tiempo y dinero. Así tambien es muy importante identificar progenitores , que al cruzarlos, produscan decendencia deseable de acuerdo con el criterio del fitomejorador, ya que implica que dichos progenitores son portadores de características agronómicas deseables y que al cruzarlos , su progenie sera portadora de dichas características , las cuales van a influir en un incremento en la producción.

Otros de los conceptos importantes que hay que conocer, son los componentes de la Varianza Genética, ya que al conocer la Varianza Fenotípica, no nos conduce a un entendimiento más completo de las propiedades genéticas de una población y en particular no nos revela las causas del parecido entre parientes.

Por lo tanto hay que dividir la Varianza Genética en :Varianza Aditiva (que es la responzable del parecido entre parientes y por lo tanto , la principal determinante de las propiedades-genéticas observables de la población y de la respuesta de esta a la selección), la Varianza de Dominancia (que es la suma de las desviaciones de dominancia en cada loci) y la interacción de la Varianza Aditiva y la Varianza de Dominancia.

Tambien debemos incluir como factor importante para el incremento de la producción, la obtención de semilla de hibridos superiores ya que al identificar a lineas progenitoras que posean una buena Aptitud Combinatoria Específica, nos va a dar combinaciones hibridas, que al ser comparadas con las ya existentes y se demuestre que son mas rendidoras una o varias de estas nuevas combinaciones hibridas, estas van a suplir a las anteriores, con el concebido aumento en el rendimiento y mayores ganancias para los agricultores.

CONCEPTOS DE GENETICA CUANTITATIVA

La Genética Cuantitatíva es la rama de la Genética que tiene por objeto el estudio de la herencia de las diferencias entre los indivíduos, diferencia de grado más que de clase,cuantitatívas en lugar de cualitatívas. Es decir que se ocupa de los caractéres metricos (o mensurables) tales como las dimenciones anatomicas y funciónes fisiológicas entre otros.

Las propiedades que podemos observar en una población en conexión con un caracter metrico con : Las Medias, Las Varianzas y las Covarianzas (que estan basadas en mediciones de los Valores Fenotípicos).

MODELO LINEAL FENOTIPICO Y COMPONENTES DE VARIANZA FENOTIPICA

El Valor Fenotípico de un indivíduo,siendo un caracter me trico es el valor observado cuando el caractor se mide sobre un individuo.

Falconer divide al Valor Fenotípico en componentes atribuibles a la influencia del Genotipo y el Medio Ambiente. En donde el Genotipo es el arreglo particular de genes que posee el individuo y el Ambiente son todas las circunstancias no geneticas que influyen en el Valor Fenotípico.

Las dos componentes del valor, asociadas con el Genotípo y con el Ambiente son el Valor Genotípico y la Desviación ambiental.

Podemos pensar en el Genotípo como si confiriera un cierto valor al individuo y en el ambiente como si causara una desviación a dicho valor ya sea en una o en otra dirección.

Simbolicamente lo podemos representar como :

$$F = G + A$$

donde : F = Valor Fenotípico

G = Valor Genotípico

A = Desviación Ambiental

El Valor Fenotípico Medio es igual al Valor Genotípico Medio cuando la Desviación Ambiental es igual a cero, por lo siguiente, si pudieramos replicar un Genotípo particular en un cierto numero de individuos y los midieramos bajo condiciones ambientales normales a la población, sus desviaciónes ambientales medias serian cero, y su Valor Medio Fenotipico seria igual al Valor Genotípico de un individuo (como en el caso de los ensayos de rendimiento).

La cantidad de variación se mide y se expresa como la Varianza : cuando los valores se expresan como desviaciónes con respecto a la media de la población, la Varianza es simplemente la media de dichos valores al cuadrado.

De modo que la Varianza Genotípica (Vg) es la varianza de los valores genotípicos y la Varianza Ambiental (Va) es la varianza de las Desviaciones Ambientales. La Varianza Total (Vf) es la Varianza Fenotípica y es la suma de las diferentes componentes.

Por lo tanto :

$$Vf = Vg + Va$$

Ahora que la Varianza Genotípica se subdivide a su vez en :

$$Vg = Vad + Vd + Vi$$

donde : Vf = Varianza Fenotípica

Vad= " " Aditiva

Vd = " " Dominancia

Vi = " " Interacción

Las definiciones de las Varianzas Aditiva y de Dominancia ya fueron dadas al principio de este escrito. La Varianza de interacción por Epistásis fue estudiada por Cockerham y Kempthorne y parece ser que la cantidad de Varianza con que contribuye es muy pequeña.

EL PARECIDO ENTRE PARIENTES

El parecido entre parientes es una de las propiedades basicas de los caracteres metricos, que pueden determinarse por medio de mediciones relativamente simples que se hacen en la población sin necesidad de usar técnicas experimentales especiales.

El grado de parecido proporciona así, un medio para estimar la cantidad de Varianza Aditiva, y esta proporción en relación a la Varianza Total (o sea la Heredabilidad) es la que determina principalmente cual sera el mejor metodo de mejoramiento que debe usarse.

La medición del grado de parecido entre parientes , se basa en la partición de la Varianza Fenotípica en una forma diferente, esto es , en componentes observables correspondientes a la agrupación de los individuos en familias. En donde entre los individuos de una familia existe una relación de parentesco definida, consideremos por ejemplo el agrupamiento de los individuos en familias de hermanos completos, aquí , la componente dentro de familias es la Varianza de los individuos de cada familia, con respecto a la media de la familia a la que pertenecen y la Varianza entre familias es la varianza de las medias " verdaderas " de las familias con respecto a la media de la población.

La media verdadera de la familia es la media estimada sin error a partir de un numero muy grande de individuos. Ahora , el parecido entre parientes, esto es entre hermanos completos , en el caso que estamos discutiendo, puede verse ya sea como la si militud existente entre individuos dentro de una familia o como la diferencia existente entre individuos de diferentes familias. Mientras mayor sea la similitud dentro de las familias, mayor sera la proporción de diferencia que existe entre las familias.

H E R E D A B I L I D A D

La heredabilidad de un caracter métrico es una de sus propie dades más importantes. Expresa, como hemos visto, la proporción de la varianza total que es atribuible a los efectos medios de los genes y esto es lo que determina el grado de parecido entre parientes. Pero la función más importante de la heredabilidad en el estudio genético de los caracteres métricos todavia no ha sido mencionada, esto es, su papel predictivo, que expresa la confiabilidad delValor Fenotípico como indicación del Valor Re productivo. Unicamente puede medirse los Valores Fenotípicos de los individuos, pero el Valor Reproductivo es el que determina su influencia en la siguiente generación. Por lo tanto, si el mejorador escoge individuos para que sean progenitores de acuer do con sus Valores Fenotípicos, su exito en cambiar las caracte risticas de la población puede predecirse unicamente a partir del conocimiento del grado de correspondencia entre los Valores Fenotipicos y Reproductivos. Este grado de correspondencia es medido a través de la heredabilidad ya que siendo la Varianza Aditiva la unica componente que puede ser estimada directamente a partir de las observaciones hechas en la población, en la pra ctica por lo tanto, la partición importante se refiere a la Varianza Genética Aditiva versus todo el resto, esto es Varianza Genetica no Aditiva y la Varianza Ambiental.Esto se puede expresar como :

$$h^2 = \frac{\text{Varianza Aditiva}}{\text{Varianza Fenotípica}} \times 100$$

siendo h^2 el porcentaje de heredabilidad en sentido estrecho, y representa la heredabilidad en sí y no su cuadrado.

La Heredabilidad en sentido amplio se expresa como :

$$h^2 = \frac{\text{Varianza Genética}}{\text{Varianza Fenotípica}} \times 100$$

LOS DISEÑOS DE CRUZAS DIALELICAS DE GRIFFING

La técnica de experimentación de Cruzas Dialélicas fué introducida formalmente por Sprague y Tatum (1942) los cuales desarrollaron los conceptos de Aptitud Combinatoria General y Aptitud Combinatoria Específica. De acuerdo con Griffing (1956), con los autores anteriores se inicia el uso moderno de las técnicas que envuelven Cruzas Dialélicas en la Genética Cuantitativa.

Se sabe que las Cruzas Dialélicas se componen de las cruzas simples que pueden lograrse entre los elementos de un conjunto básico de lineas progenitoras. Griffing emplea la expresión Cruzas Dialélicas para describir un procedimiento en el cual se eligen un conjunto de P líneas progenitoras y se realiza cruzas entre las propias líneas.

Según Sprague y Tatum, la Aptitud Combinatoria General se emplea para designar el comportamiento de una línea en combinaciones hibridas y el termino de Aptitud Combinatoria Específica , se emplea para designar aquellos casos en los cuales ciertas combinaciones lo hacen relativamente mejor o peor de lo que podría esperarse sobre la base del comportamiento promedio de las líneas involucradas.

El objetivo primordial de hacer Cruzas Dialélicas es el de estimar la ACG y la ACE así como las componentes geneticas de la variación entre los rendimientos de las propias cruzas, así como su capacidad productiva.

Como se puede observar, hay un maximo de P^2 cruzas posibles las cuales pueden dividirse convenientemente en tres grupos :

1º).- P Autofecundaciones.

2º).- El grupo de $\frac{P(P-1)}{2}$, cruzas F_1.

3º).- El grupo de las $\frac{P(P-1)}{2}$ cruzas recíprocas de las F_1.

Griffing (1956) distinge 4 diferentes técnicas de realizar Cruzas Dialélicas, las cuales varian dependiendo de si se ensaya o no las autofecundaciones o las cruzas recíprocas de las F_1.

Las 4 técnicas consideradas por Griffing son las siguientes :

DISEÑO # 1 : Este diseño comprende el ensayo de las autofecundaciones, un grupo de cruzas F_1 y las cruzas recíprocas de las F_1. En total, las P^2 combinaciones que son posibles de obtener se ensayan con este diseño.

DISEÑO # 2 : En este metodo se ensayan las autofecundaciones y un conjunto de cruzas F_1 , pero no se incluyen las cruzas recíprocas. En total se ensayan $\frac{P(P+1)}{2}$ combinaciones.

DISEÑO # 3 : Se ensayan un conjunto de cruzas F_1 y sus recíprocas, pero no se incluyen las autofecundaciones. En total, se experimentan $P(P-1)$ diferentes combinaciones.

DISEÑO # 4 : En este ultimo diseño se ensayan un grupo de cruzas F_1 pero no se incluyen las cruzas recíprocas ni las autofecundaciones. En total se tienen $\frac{P(P-1)}{2}$ combinaciones para ensayar.

ANALISIS DEL DISEÑO 2 DE GRIFFING

A) .- Características.

En estos experimentos no se consideran efectos maternos. Es desir, con estos esquemas se supone basicamente que es indife rente emplear un progenitor ya sea como hembra o como macho.

El diseño 2 ensaya un grupo de $\frac{P(P-1)}{2}$ cruzas F_1 entre los P progenitores, así como las P autofecundaciones de los propios progenitores.

El diseño no comprende las cruzas recíprocas de las F_1 como se aclara al principio.

B) .- Modelo.

$$y_{ijk} = \mu + g_i + g_j + S_{ij} + \varepsilon_{ijk}$$

$$k = 1, 2, \ldots, r \qquad i j = 1, 2, \ldots, P \quad i \leq j$$

donde :

y_{ijk} = es la observación de la cruza ij en la repetición k.

μ = es la media general.

g_i = es el efecto de la " ACG " del progenitor i.

g_j = es el efecto de la " ACG " del progenitor j.

S_{ij} = es el efecto de la " ACE " de los progenitores i, j.

ε_{ijk} = es el error experimental.

C) .- Estimación de los parametros.

(Para la estimación se considera el método de Mínimos Cuadrados).

Si el modelo es :

$$y_{ijk} = \mu + g_i + g_j + S_{ij} + \varepsilon_{ijk}$$

$$i \leq j \,, \quad 1 \leq i \,, \quad j \leq p \,, \quad k = 1, 2, \ldots, r$$

entonces :

$$\varepsilon_{ijk} = y_{ijk} - \mu - g_i - g_j - S_{ij}$$

y la suma de los errores al cuadrado es :

$$Q = \sum_{\substack{ijk \\ i \leq j}} \varepsilon_{ijk}^2 = \sum_{\substack{ijk \\ i \leq j}} \left(y_{ijk} - \mu - g_i - g_j - S_{ij} \right)^2$$

haciendo que :

$$g_i + g_j + S_{ij} = \mu_{ij}$$

se tiene :

$$Q = \sum_{\substack{ijk \\ i \leq j}} \varepsilon_{ijk}^2 = \sum_{\substack{ijk \\ i \leq j}} \left(y_{ijk} - \mu - \mu_{ij} \right)^2$$

Derivando respecto a μ e igualando a cero , se tiene :

$$\frac{dQ}{d\mu} = 2 \sum_{\substack{ijk \\ i \leq j}}^{\frac{p(p-1)r}{2}} \left(y_{ijk} - \hat{\mu} - \hat{\mu}_{ij} \right)(-1) = 0$$

$$\sum_{\substack{ijk \\ i \leq j}}^{\frac{p(p+1)r}{2}} y_{ijk} - r\left[\frac{p(p-1)}{2} + p\right]\hat{\mu} - \sum_{\substack{ijk \\ i \leq j}}^{\frac{p(p+1)r}{2}} \hat{\mu}_{ij} = 0$$

donde :

$$\frac{p(p+1)}{2} = \frac{p(p-1)}{2} + p$$

Así la primera ecuación normal es :

$$\boxed{\sum_{\substack{ijk \\ i \leq j}} y_{ijk} = r\,\frac{p(p+1)}{2}\,\hat{\mu} + r \sum_{\substack{ij \\ i \leq j}} \hat{\mu}_{ij}}$$

Derivando Q respecto a μ_{ij} e igualando a cero, se tiene :

$$\frac{dQ}{d\mu_{ij}} = 2 \sum_{k} \left(y_{ijk} - \hat{\mu} - \hat{\mu}_{ij} \right)(-1) = 0$$

$$\sum_{k} y_{ijk} - r\hat{\mu} - r\hat{\mu}_{ij} = 0$$

Así la segunda ecuación normal es :

$$r\hat{\mu} - r\hat{\mu}_{ij} = \sum_{k} y_{ijk}$$

$$i \leq j \qquad i,j = 1,2,\ldots,p$$

Conjunto de ecuaciones normales :

$$r\left[\frac{p(p+1)}{2}\right]\hat{\mu} + \sum_{\substack{ij \\ i \leq j}} \hat{\mu}_{ij} = y_{\cdots}$$

$$r\hat{\mu} + r\hat{\mu}_{ij} = y_{ij\cdot}$$

$$i \leq j \qquad i,j = 1,2,\ldots,p$$

considerando que $\sum_{ij} \mu_{ij} = 0$ y resolviendo para $\hat{\mu}$ y $\hat{\mu}_{ij}$ se tienen los siguientes estimadores :

$$\hat{\mu} = \frac{y_{...}}{\frac{1}{\frac{rp(p+1)}{2}}} = \frac{2\,y_{...}}{rp(p+1)}$$ se despeja de la primera ecuación normal.

$$\hat{\mu}_{ij} = \frac{y_{ij.}}{r} - \hat{\mu}$$ se despeja de la segunda ecuación normal.

D) .- Sumas de Cuadrados.

Como se sabe, las Sumas de Cuadrados se obtienen multiplicando de los estimadores, por los lados derechos de las ecuaciones normales.

$$SC(\mu) = \frac{2\,y_{...}}{rp(p+1)} \times y_{...} = M_{yy}$$

$$M_{yy} = \frac{2\,y^2_{...}}{rp(p+1)}$$

$$SC(\mu_{ij}) = C_{yy} = \sum_{ij} \frac{y^2_{ij.}}{r} - \hat{\mu} \sum_{\substack{ijk \\ i \leq j}} y_{ijk}$$

$$C_{yy} = \frac{\sum_{ij} y^2_{ij.}}{r} - \frac{2\,y^2_{...}}{rp(p+1)}$$

$$C_{yy} = \frac{\sum_{ij} y^2_{ij\cdot}}{r} - M_{yy}$$

En estas expresiones M_{yy} denota el factor de corrección y C_{yy} la suma de cuadrados debida a cruzas y pregenitores.

Para obtener la suma de cuadrados correspondiente a la Aptitud Combinatoria General considerando el modelo reducido :

$$\underset{i \leq j}{y_{ijk}} = \mu + \underset{1 \leq i}{g_i} + \underset{j \leq p}{g_j} + \underset{k=1,2,\ldots,r}{\varepsilon_{ijk}}$$

La suma de cuadrados de los errores bajo este modelo es :

$$Q = \sum_{\substack{ijk \\ i \leq j}} \varepsilon^2_{ijk} = \sum_{\substack{ijk \\ i \leq j}} \left(y_{ijk} - \mu - g_i - g_j \right)^2$$

Esta suma de cuadrados se puede descomponer en los siguientes términos .

$$Q = \sum_{\substack{k \\ i=j}}^{r} \left(y_{iik} - \mu - g_i - g_i \right)^2 + \sum_{\substack{jk \\ i<j}} \left(y_{ijk} - \mu - g_i - g_j \right)^2 +$$

$$+ \sum_{\substack{jk \\ j<i}} \left(y_{jik} - \mu - g_j - g_i \right)^2 + \sum_{\substack{i'jk \\ i \neq i' \quad j \neq i \quad i \leq j}} \left(y_{i'jk} - \mu - g_{i'} - g_j \right) = 0$$

Derivando Q con respecto a g_i se tiene :

$$\frac{dQ}{dg_i} = 2\sum_{\substack{k\\ i=j}}(y_{iik}-\mu-2g_i)(-2)+2\sum_{\substack{j\,k\\ i<j}}(y_{ijk}-\mu-g_i-g_j)(-1)+$$

$$+2\sum_{\substack{j\,k\\ j<i}}(y_{jik}-\mu-g_j-g_i)(-1)=0$$

$$2\sum_{\substack{k\\ i=j}}^{r}(y_{iik}-\mu-2g_i)+\sum_{\substack{j\,k\\ i<j}}(y_{ijk}-\mu-g_i-g_j)+$$

$$+\sum_{\substack{j\,k\\ j<i}}(y_{jik}-\mu-g_j-g_i)=0$$

$$2y_{ii\bullet}-2r\mu-4rg_i+\sum_{\substack{j\\ i<j}}y_{ij\bullet}-r\sum_{\substack{j\\ i<j}}\mu-$$

$$-r\sum_{\substack{j\\ i<j}}(g_i+g_j)+\sum_{\substack{j\\ j<i}}y_{ji\bullet}-r\sum_{\substack{j\\ j<i}}\mu-r\sum_{\substack{j\\ j<i}}(g_j+g_i)=0$$

$$2r\mu+r\sum_{\substack{j\\ i<j}}\mu+r\sum_{\substack{j\\ j<i}}\mu+4rg_i+$$

$$+r\sum_{\substack{j\\ i<j}}(g_i+g_j)+r\sum_{\substack{j\\ j<i}}(g_j+g_i)=2y_{ii\bullet}+\sum_{\substack{j\\ i<j}}y_{ij\bullet}+\sum_{\substack{j\\ j<i}}y_{ji\bullet}$$

$$2r\mu+r(p-1)\mu+4rg_i+r(p-1)g_i+r\sum_{\substack{j\\ j\neq i}}g_j=$$

$$= 2\,y_{ii\cdot} + \sum_{\substack{j \\ i<j}} y_{ij\cdot} + \sum_{\substack{j \\ j<i}} y_{ji\cdot}$$

$$2r\mu + rp\mu - r\mu + 4rg_i + rpg_i - rg_i \underbrace{-rg_i + rg_i}_{0} +$$

$$+ r\sum_{\substack{j \\ j\neq i}} g_j = Y_i$$

$$r\mu(2+p-1) + 4rg_i + rpg_i - rg_i - rg_i + r\sum_j g_j = Y_i$$

$$r\mu(p+1) + rg_i(4+p-1-1) + r\sum_j g_j = Y_i$$

$$r\mu(p+1) + rg_i(p+2) + r\sum_j g_j = Y_i$$

$$r(p+1)\mu + r(p+2)g_i + r\sum_j g_j = Y_i$$

Haciende $\sum_j g_j = 0$, se tiene :

$$\hat{g}_i = \frac{Y_i}{r(p+2)} - \frac{\cancel{K}(p+1)\hat{\mu}}{\cancel{K}(p+2)}$$

$$\hat{g}_i = \frac{Y_i}{r(p+2)} - \frac{\cancel{(p+1)}}{(p+2)}\,\frac{2\,Y_{\cdots}}{r\cancel{(p+1)}p} = \frac{Y_i}{r(p+2)} - \frac{2\,Y_{\cdots}}{rp(p+2)}$$

$$i = 1, 2, \ldots, p$$

y la Suma de Cuadrados para la A.C.G. es :

$$G_{yy} = \frac{\sum_i Y_i^2}{r(p+2)} - \frac{4\,Y_{\cdot\cdot\cdot}^2}{rp(p+2)}$$

E) .- Ecuaciones de Sumas de Cuadrados :

$$M_{yy} = \frac{2\,y_{\cdot\cdot\cdot}^2}{rp(p+1)} \qquad C_{yy} = \frac{\sum_{ij} y_{ij\cdot}^2}{r} - \frac{2\,y_{\cdot\cdot\cdot}^2}{rp(p+1)}$$

$$S_{yy} = C_{yy} - G_{yy} \qquad SC_{(\text{TOTAL corr.})} = \sum_{\substack{ijk \\ i \leq j}} y_{ijk}^2 - \frac{2\,y_{\cdot\cdot\cdot}^2}{rp(p+1)}$$

$$E_{yy} = SC_{(\text{TOTAL})} - G_{yy} - S_{yy}$$

$$G_{yy} = \frac{\sum_i y_i^2}{r(p+2)} - \frac{4\,y_{\cdot\cdot\cdot}^2}{rp(p+2)} \qquad Y_i = 2\,y_{ii\cdot} + \sum_{\substack{j \\ i<j}} y_{ij\cdot} + \sum_{\substack{j \\ j<i}} y_{ji\cdot}$$

F) .- Esperanza Matemática de los Cuadrados Medios.

Los Cuadrados Medios se obtienen dividiendo las sumas de cuadrados entre sus respectivos grados de libertad . La esperanza matemática de las sumas de cuadrados se obtiene considerando las propiedades probabilísticas de los elementos del modelo mencionadas anteriormente. Mediante un procedimiento algebráico laborioso, es posible encontrar los siguientes resultados :

$$E(C_{yy}) = E\left|\sum_{\substack{ij \\ i\leq j}} \frac{y_{ij.}^2}{r} - \frac{2y_{...}^2}{rp(p+1)}\right| =$$

$$= \frac{(p+2)(p-1)}{2}\sigma_e^2 + r(p+2)(p-1)\sigma_g^2 + \frac{r(p+2)(p-1)}{2}\sigma_s^2$$

$$E(G_{yy}) = E\left|\sum_{i}\frac{y_i^2}{r(p+2)} - \frac{4y_{...}^2}{rp(p+2)}\right| =$$

$$= (p-1)\sigma_e^2 + r(p+2)(p-1)\sigma_g^2 + r(p-1)\sigma_s^2$$

$$E(S_{yy}) = E\left|C_{yy} - G_{yy}\right| = \frac{p(p-1)}{2}\sigma_e^2 + \frac{rp(p-1)}{2}\sigma_s^2$$

Analisis de Varianza y Esperanzas de los Cuadrados Medios en el Diseño 2 de Griffing en Bloques Completos al Azar.

Fuentes de Variación	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Valores Esperados de los Cuadrados Medios
Bloques	$r-1$	$\sum_{k} \frac{2\,y^2_{\bullet\bullet k}}{p(p+1)} - \frac{2\,y^2_{\bullet\bullet\bullet}}{rp(p+1)}$	
Cruzas	$\frac{p(p+1)}{2}-1$	C_{yy}	$\sigma_e^2+2r\sigma_g^2+r\sigma_s^2$
ACG	$p-1$	G_{yy}	$\sigma_e^2+r(p+2)\sigma_g^2+r\sigma_s^2$
ACE	$\frac{p(p-1)}{2}$	S_{yy}	$\sigma_e^2+r\sigma_s^2$
Error	por diferencia	por diferencia	σ_e^2
Total	$\frac{rp(p+1)}{2}-1$	$\sum_{ijk} y^2_{ijk} - \frac{2\,y^2_{\bullet\bullet\bullet}}{rp(p+1)}$	

En esta tabla se presentan las esperanzas matemáticas de los cuadrados medios.
Su derivación puede verse en Martínez Garza (1975) .

G) .- Prueba de Hipótesis :

Para probar la hipótesis $H_o: \sigma_S^2 = 0$ se calcula el cociente:

$$F_c = \frac{CM(ACE)}{CME}$$

$CM(ACE)$ = Cuadrado Medio de la Aptitud Combinatoria Específica.

CME = Cuadrado Medio del Error.

este cociente, bajo la hipótesis y cuando los errores e_{ijk} si gue una distribución normal, se distribuye como una F con los grados de libertad de la Aptitud Combinatoria Específica en el numerador y los grados de libertad del Error en el denominador.

El criterio de prueba es el siguiente :

" Si la F calculada mediante el cociente CM(ACE)/CME es menor que la F tabulada al nivel de significancia de seado se acepta la hipotesis planteada, en caso contra rio se rechaza ".

Para probar la hipotesis $H_o: \sigma_g^2 = 0$ se calcula el cociente:

$$F_c = \frac{CM(ACG)}{CM(ACE)}$$

$CM(ACG)$ = Cuadrado Medio de la Aptitud Combinatoria General.

$CM(ACE)$ = Cuadrado Medio de la Aptitud Combinatoria Específica.

como los errores se distribuyen normal, F_c se distribuye como una F con (P - 1) grados de libertad en el numerador y con $\frac{P(P-1)}{2}$ grados de libertad en el denominador.

Entonces si F calculada mediante el cociente anterior es menor que la F de tablas al nivel de significancia deseado se acepta la hipótesis planteada, en caso contrario se rechaza.

H) .- Pruebas de hipótesis sobre los efectos de la ACG Y ACE.

Si se supone que los g_i y S_{ij} son variables fijas en el modelo, es posible realizar algunas comparaciones entre los g_i y S_{ij}, utilizando las siguientes varianzas de los efectos y diferencias entre efectos :

$$Var(\hat{g}_i) = \frac{P-1}{rP(P+2)}\hat{\sigma}_e^2$$

$$Var(\hat{S}_{ii}) = \frac{P(P-1)}{r(P+1)(P+2)}\hat{\sigma}_e^2$$

$$Var(\hat{S}_{ij}) = \frac{p^2+p+2}{r(p+1)(p+2)}\hat{\sigma}_e^2, \quad i \neq j$$

$$Var(\hat{g}_i - \hat{g}_j) = \frac{2}{r(p+2)}\hat{\sigma}_e^2, \quad i \neq j$$

$$Var(\hat{S}_{ii} - \hat{S}_{jj}) = \frac{2(p-2)}{r(p+2)}\hat{\sigma}_e^2, \quad i \neq j$$

$$Var(\hat{S}_{ij} - \hat{S}_{ik}) = \frac{2(p+1)}{r(p+2)}\hat{\sigma}_e^2$$

$$(i \neq j, k; j \neq k)$$

$$Var(\hat{S}_{ij} - S_{k\ell}) = \frac{2p}{r(p+2)}\hat{\sigma}_e^2$$

$$(i \neq j, k, \ell; j \neq k, \ell; k \neq \ell).$$

como un ejemplo del desarrollo algebraico para obtener las varianzas de los estimadores de los efectos a continuación se presenta la forma de obtener la varianza de $\hat{g}_i$.

Si $\underline{X}$ es una variable aleatoria entonces :

$$Var(X) = E\left[X - E(X)\right]^2 =$$

$$Var\left[\hat{g}_i\right] = E\left[\hat{g}_i - E(\hat{g}_i)\right]^2$$

COMO $\hat{g}_i = \dfrac{y_i}{r(p+2)} - \dfrac{2y_{\cdot\cdot\cdot}}{rp(p+2)}$, SE TIENE

$$Var(\hat{g}_i) = E\left[\frac{y_i}{r(p+2)} - \frac{2y_{\cdot\cdot\cdot}}{rp(p+2)} - E\left(\frac{y_i}{r(p+2)} - \frac{2y_{\cdot\cdot\cdot}}{rp(p+2)}\right)\right]^2 =$$

$$= \frac{1}{r^2(p+2)^2} E\left[y_i - \frac{2y_{\cdot\cdot\cdot}}{p} - E\left(y_i - \frac{2y_{\cdot\cdot\cdot}}{p}\right)\right]^2 =$$

$$= \frac{1}{r^2(p+2)^2} E\left\{y_i - E(y_i) - \frac{2}{p}\left[y_{\cdot\cdot\cdot} - E(y_{\cdot\cdot\cdot})\right]\right\}^2 =$$

OBSERVESE QUE:

$$y_i - E(y_i) = 2y_{ii\cdot} + \sum_{\substack{j \\ i<j}} y_{ij\cdot} + \sum_{\substack{j \\ j<i}} y_{ji\cdot} - E\Big(2y_{ii\cdot} + \sum_{\substack{j \\ i<j}} y_{ij\cdot} + \sum_{\substack{j \\ j<i}} y_{ji\cdot}\Big).$$

$$= 2(r\mu + 2rg_i + rS_{ii} + \varepsilon_{ii\cdot}) + \sum_{\substack{j \\ i<j}} (r\mu + rg_i + rg_j + rS_{ij} + \varepsilon_{ij\cdot}) + \sum_{\substack{j \\ j<i}} (r\mu + rg_i + rg_j + rS_{ij} + \varepsilon_{ji\cdot}) -$$

$$-2E(r\mu + r2g_i + rs_{ii} + \varepsilon_{ii\cdot}) - E\sum_{\substack{j\\ i<j}}(r\mu + rg_i + rg_j +$$

$$+ rs_{ij} + \varepsilon_{ij\cdot}) - E\sum_{\substack{j\\ j<i}}(r\mu + rg_i + rg_j + rs_{ij} + \varepsilon_{ji\cdot})$$

se eliminan terminos iguales en la resta, ya que la esperanza de una constante es igual a la constante.

Aquí la unica variable aleatoria es ε_{ijk} y ademas es tal que

$$E(\varepsilon_{ijk}) = 0$$

entonces

$$y_i - E(y_i) = 2\varepsilon_{ii\cdot} + \sum_{\substack{j\\ i<j}} \varepsilon_{ij\cdot} + \sum_{\substack{j\\ j<i}} \varepsilon_{ji\cdot}$$

ademas observese que :

$$\frac{2}{p}\left[y_{\cdots} - E(y_{\cdots})\right] =$$

$$= \frac{2}{p}\left[\sum_{\substack{ijk\\ i\leq j}}(\mu + g_i + g_j + s_{ij} + \varepsilon_{ijk}) - E\sum_{\substack{ijk\\ i\leq j}}(\mu + g_i + g_j + s_{ij} + \varepsilon_{ijk})\right]$$

$$= \frac{2}{p}\left[\sum_{\substack{ijk\\ i\leq j}} \varepsilon_{ijk}\right]$$

entonces

$$Var(\hat{g}_i) = \frac{1}{r^2(p+2)^2} E\left[2\varepsilon_{ii\cdot} + \sum_j \varepsilon_{ij\cdot} + \sum_j \varepsilon_{ji\cdot} - \frac{2}{p}\sum_{ijk} \varepsilon_{ijk}\right]^2 =$$

$$Var(\hat{g}_i) = \frac{1}{r^2(p+2)^2} E\Bigg[4\varepsilon^2_{ii\cdot} + \sum_{\substack{j \\ i<j}} \varepsilon^2_{ij\cdot} + \sum_{\substack{j \\ j<i}} \varepsilon^2_{ji\cdot} + \frac{4}{p^2} \sum_{\substack{ijk \\ i\leq j}} \varepsilon^2_{ijk} -$$

$$- \frac{8}{p}\varepsilon^2_{ii\cdot} - \frac{4}{p} \sum_{\substack{j \\ i<j}} \varepsilon^2_{ij\cdot} - \frac{4}{p} \sum_{\substack{j \\ j<i}} \varepsilon^2_{ji\cdot} + \text{dobles productos}\Bigg]$$

nota : los dobles productos son de la forma $\varepsilon_i \varepsilon_{i'}$ $i \neq i'$

entonces $E(\varepsilon_i \varepsilon_{i'}) = 0$

$$Var(\hat{g}_i) = \frac{1}{r^2(p+2)^2}\Bigg[4r\sigma^2_e + (p+1)r\sigma^2_e + 2\frac{\cancel{2}}{\cancel{p}}\frac{\cancel{p}(p+1)r\sigma^2_e}{\cancel{2}} -$$

$$- \frac{8}{p} r\sigma^2_e - \frac{4}{p}(p-1)r\sigma^2_e\Bigg] =$$

$$Var(\hat{g}_i) = \frac{p-1}{rp(p+2)}\sigma^2_e$$

Con los estimadores de las varianzas de la diferencia de efectos es posible hacer comparaciones entre los g_i así como entre los S_{ij}.

Por ejemplo si se desea probar la hipótesis $H_0: g_i = g_j$, es posible realizarla mediante el calculo del estadistico :

$$t = \frac{\hat{g}_i - \hat{g}_j}{\sqrt{Var(\hat{g}_i - \hat{g}_j)}}$$

el cual se distribuye como una T con los grados de libertad del error, bajo la hipótesis y si los errores se distribuyen normal.

El criterio de prueba es : si la T calculada mediante el cociente anterior, es menor que la T de tablas al nivel de significancia deseado se acepta la hipótesis, en caso contrario se rechaza.

I) .- Estimación de los Parametros .

Considerando las esperanzas de los cuadrados medios que se presentan en la tabla de analisis de varianza es posible encontrar los siguientes estimadores insesgados para los parametros $\sigma_e^2, \sigma_s^2, \sigma_g^2$.

$$\hat{\sigma}_e^2 = CME$$

$$\hat{\sigma}_s^2 = \frac{CM(ACE) - CME}{r}$$

$$\hat{\sigma}_g^2 = \frac{CM(ACG) - r\hat{\sigma}_s^2 - \hat{\sigma}_e^2}{r(p+2)}$$

donde $\hat{\sigma}_e^2$, $\hat{\sigma}_s^2$, $\hat{\sigma}_g^2$ denotan los estimadores de σ_e^2, σ_s^2, σ_g^2 respectivamente. Estos estimadores se usan para estimar las componentes geneticas de la variación.

A continuación se presenta un ejemplo sencillo para completar el tema :

Supongamos que se tienen 3 lineas, entonces se pueden hacer 3 cruzas simples y 3 autofecundaciones.

Considerando el diseño 2 de Griffing, el experimento se estableció en el campo encontrandose los siguientes resultados :

se sabe que

$$\frac{P(P-1)}{2} + P = \frac{P(P+1)}{2}$$

entonces $\dfrac{3\,(\,3+1\,)}{2} = 6$

son 3 cruzas simples y 3 autofecundaciones.

$$\left.\begin{array}{ccc} 11 & 12 & 13 \\ & 22 & 23 \\ & & 33 \end{array}\right\} \quad \begin{array}{ccc} 33 & 37 & 48 \\ & 45 & 51 \\ & & 57 \end{array}$$

$i \leq j$

cruzas = 11	12	13	22	23	33	
10	12	14	14	16	19	85
11	12	16	15	17	19	90
12	13	18	16	18	19	96
33	37	48	45	51	57	271

TABLA DE REPRECENTACION DE DATOS

y_{111}	y_{121}	y_{131}	y_{221}	y_{231}	y_{331}	$y_{\bullet\bullet 1}$
y_{112}	y_{122}	y_{132}	y_{222}	y_{232}	y_{332}	$y_{\bullet\bullet 2}$
y_{113}	y_{123}	y_{133}	y_{223}	y_{233}	y_{333}	$y_{\bullet\bullet 3}$
$y_{11\bullet}$	$y_{12\bullet}$	$y_{13\bullet}$	$y_{22\bullet}$	$y_{23\bullet}$	$y_{33\bullet}$	$y_{\bullet\bullet\bullet}$

Sumas de Cuadrados :

$$M_{yy} = \frac{2\,y_{\bullet\bullet\bullet}^2}{rp(p+1)} = \frac{2(271)^2}{(3)(3)(4)} = \underline{4080.0555}$$

$$G_{yy} = \frac{\sum_i^p y_i^2}{r(p+2)} - \frac{4\,y_{\bullet\bullet\bullet}^2}{rp(p+2)} =$$

$$Y_1 = 2\,y_{11\bullet} + \sum_{\substack{j\\1<j}} y_{1j\bullet} + \sum_{\substack{j\\j<1}} y_{j1\bullet} = 2\,y_{11\bullet} + y_{12\bullet} + y_{13\bullet} =$$

$$Y_1 = 2(33) + 37 + 48 = \underline{151}$$

CRUZAS =

11	12	13

$$Y_2 = 2\,y_{22\bullet} + \sum_{\substack{j\\2<j}} y_{2j\bullet} + \sum_{\substack{j\\j<2}} y_{j2\bullet} = 2\,y_{22\bullet} + y_{23\bullet} + y_{12\bullet}$$

$$Y_2 = 2(45) + 51 + 37 = \underline{178}$$

CRUZAS =

12	
22	23

$$Y_3 = 2\,y_{33\bullet} + \sum_{\substack{j\\3<j}} y_{3j\bullet} + \sum_{\substack{j\\j<3}} y_{j3\bullet} = 2\,y_{33\bullet} + y_{13\bullet} + y_{23\bullet} =$$

$$Y_3 = 2(57) + 48 + 51 = \underline{213}$$

CRUZASS

13
23
33

$$Y_1 + Y_2 + Y_3 = 151 + 178 + 213 = \underline{542}$$

$$G_{yy} = \frac{\sum_i^p Y_i^2}{r(p+2)} - \frac{4\,y_{\bullet\bullet\bullet}^2}{rp(p+2)}$$

$$G_{yy} = \frac{(151)^2 + (178)^2 + (213)^2}{3(5)} - \frac{4(271)^2}{(3)(3)(5)} =$$

$$G_{yy} = \underline{128.8445}$$

$$C_{yy} = \frac{\sum_{ij\cdot} y^2_{ij\cdot}}{r} - \frac{2\,y^2_{\cdot\cdot\cdot}}{rp(p+1)}$$

$$C_{yy} = \frac{y^2_{11\cdot} + y^2_{12\cdot} + y^2_{13\cdot} + y^2_{22\cdot} + y^2_{23\cdot} + y^2_{33\cdot}}{r} - \frac{2(271)^2}{(3)(3)(4)} =$$

$$C_{yy} = \frac{(33)^2 + (37)^2 + (48)^2 + (45)^2 + (51)^2 + (57)^2}{3} - \frac{2(271)^2}{(3)(3)(4)} =$$

$$C_{yy} = \underline{132.2778}$$

$$S_{yy} = C_{yy} - G_{yy} = 132.2778 - 128.8445 =$$

$$S_{yy} = \underline{3.4333}$$

$$SC_{(TOTAL)} = \sum_{\substack{ijk \\ i \leq j}} y^2_{ijk} = y^2_{111} + y^2_{112} + \ldots + y^2_{333} =$$

$$SC_{(TOTAL)} = 10 + 11 + \ldots + 19 = \underline{4227}$$

$$E_{yy} = SC_{(TOTAL)} - M_{yy} - G_{yy} - S_{yy} =$$

$$E_{yy} = 4227 - 4080.0555 - 128.8445 - 3.4333$$

$$E_{yy} = \underline{14.6667}$$

TABLA DE ANALISIS DE VARIANZA

FV	GL	SC	CM	F calc.	F teorica .05	F teorica .01
MEDIA	1	4080.0555				
ACG	2	128.8445	64.42225	52.7089930	3.89	6.93
ACE	3	3.4333	1.14443	0.9363523	3.49	5.95
ERROR	12	14.6667	1.22222			
TOTAL	18	4227.0000				

donde

FV : fuente de variación.

GL : grados de libertad.

SC : suma de cuadrados.

CM : cuadrados medios.

F calc. : F calculada.

para ACG se rechaza la hipótesis planteada ya que la F calculada es mayor que la F teorica a ambos niveles de significancia, y se concluye que existe una diferencia altamente significativa en la Aptitud Combinatoria General de los progenitores.

para ACE se acepta la hipótesis planteada de igualdad o no existencia de Aptitud Combinatoria Específica entre los progenitores, pues la F calculada es menor que la F teorica a ambos niveles de significancia.

A continuación se realizan los pasos para hacer la comparación de estimadores de la ACG por el metodo de la Diferencia Minima Significativa.

$$\hat{g}_i = \frac{y_i}{r(P+2)} - \frac{2y_{...}}{rP(P+2)} \qquad \text{se sabe que: } \sum \hat{g}_i = 0$$

$$\hat{g}_1 = \frac{y_1}{r(P+2)} - \frac{2y_{...}}{rP(P+2)} = \frac{151}{(3)(5)} - \frac{2(271)}{(3)(3)(5)}$$

$$\hat{g}_1 = 10.066666 - 12.044444 = \underline{-1.977778}$$

$$\hat{g}_2 = \frac{178}{(3)(5)} - \frac{2(271)}{(3)(3)(5)} =$$

$$\hat{g}_2 = 11.866666 - 12.044444 = -\underline{0.177778}$$

$$\hat{g}_3 = \frac{213}{(3)(5)} - \frac{2(271)}{(3)(3)(5)} = 14.2 - 12.04 = \underline{\underline{2.155556}}$$

Para probar la hipótesis $H_0 : g_i = g_j$, es posible realizarla mediante el calculo del estadistico :

$$t = \frac{\hat{g}_i - \hat{g}_j}{\sqrt{Var(\hat{g}_i - \hat{g}_j)}}$$

DONDE:

$$Var(\hat{g}_i - \hat{g}_j) = \frac{2}{r(P+2)} \sigma_e^2 \qquad i \neq j$$

$$Var(\hat{g}_i - \hat{g}_j) = \frac{2}{3(3+2)} \times 1.2222 = \underline{0.1629628}$$

$$H_0 : \hat{g}_1 = \hat{g}_2 \qquad vs \qquad H_A : \hat{g}_1 \neq \hat{g}_2$$

$$t = \frac{\hat{g}_1 - \hat{g}_2}{\sqrt{Var(\hat{g}_i - \hat{g}_j}} = \frac{(-1.977778) - (-0.177778)}{0.4036865} = \left| -4.4589056 \right|$$

T tabulada (gl=5) a 0.05 = 2.015 y a 0.01 = 3.365

" como T calculada es mayor que la T de tablas a ambos niveles de significancia, se rechaza la hipótesis planteada y se concluye que existe una diferencia altamente significativa entre las ACG de los progenitores $\hat{g}_1$ y $\hat{g}_2$."

$$H_0: \hat{g}_1 = \hat{g}_3 \quad vs \quad H_A: \hat{g}_1 \neq \hat{g}_3$$

$$t = \frac{(-1.977778) - 2.155556}{\sqrt{0.1629628}} = \left| -10.23897 \right|$$

T tabulada (gl=5) a 0.05 = 2.015 y a 0.01 = 3.365

" como T calculada es mayor que la T de tablas a ambos niveles de significancia, se rechaza la hipótesis planteada y se concluye que existe una diferencia altamente significativa entre las ACG de los progenitores $\hat{g}_1$ y $\hat{g}_3$".

$$H_0: \hat{g}_2 = \hat{g}_3 \quad vs \quad H_A: \hat{g}_2 \neq \hat{g}_3$$

$$t = \frac{(-0.177778) - 2.155556}{\sqrt{0.1629628}} = \left| -5.78006 \right|$$

T tabulada (gl=5) a 0.05 = 2.015 y a 0.01 = 3.365

" como T calculada es mayor que la T de tablas a ambos niveles de significancia, se rechaza la hipótesis planteada y se concluye que existe una diferencia altamente significativa entre las ACG de los progenitores $\hat{g}_2$ y $\hat{g}_3$".

B I B L I O G R A F I A

FALCONER, D. S. (1976). Introducción a la Genética Cuantitativa. Edit. C.E.C.S.A. México. 6a. Impresión.

GRIFFING, B. (1956). Concept of General and Specific Combining Ability in Relation to Diallel Crossing Systems. Austr. Jour. Biol. Sc. 9:463-491.

LUNA, D. A. (1977). Las Cruzas Dialélicas y el Mejoramiento Genético de las Plantas. Seminario Técnico N° 11 Vol. IV, C.I.A.N.E. México.

MARTINEZ GARZA, A. (1975). Diseño y Análisis de los Experimentos de Cruzas Dialélicas. Centro de Estadística y Calculo, Colegio de Postgraduados, CHapingo Méx.

OLIVARES SAENZ, E. (1978). Análisis de Covarianza en el Diseño Dos de Griffing de Cruzas Dialélicas. Tesis de Maestría en Ciencias. Colegio de Postgraduados, CHapingo México.

OSTLE B. (1970). Estadística Aplicada. Edit. Limusa-Wiley S. A. México.

VALDEZ LOZANO, C. (1977). Estudio de la Actividad de la Nitrato Reductasa con Relación al Rendimiento de Grano y Proteína, en Cruzamientos Dialelicos en Cebada. Tesis de Maestría en *Ciencias, Rama de Genética*. Colegio de Postgraduados, E.N.A. , CHapingo México.