



---

**UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL ESTADO DE MÉXICO**

**MAESTRÍA Y DOCTORADO EN CIENCIAS AGROPECUARIAS Y RECURSOS  
NATURALES**

**DISEÑO Y ANÁLISIS DE UN EXPERIMENTO DE CRUZAS DIALÉLICAS  
PARCIALES EN MAÍZ DE LA RAZA CACAHUACINTLE**

**TESIS**

**QUE PARA OBTENER EL GRADO DE DOCTOR EN CIENCIAS  
AGROPECUARIAS Y RECURSOS NATURALES**

**PRESENTA:**

**GERARDO JASSO BOBADILLA**

**COMITÉ DE TUTORES:**

**Dr. en C. Andrés González Huerta**

**Dra. en C. Delfina de Jesús Pérez López**

**Dr. en C. J. Ramón Pascual Franco Martínez**

**El Cerrillo Piedras Blancas, Toluca, Estado de México, noviembre del 2023**



## CONTENIDO

	<b>Página</b>
<b>LISTA DE CUADROS</b>	IX
<b>RESUMEN GENERAL</b>	X
<b>ABSTRACT</b>	XI
<b>I. INTRODUCCIÓN</b>	1
<b>II. REVISIÓN DE LITERATURA</b>	4
2.1. Cruzas dialélicas	4
2.1.1 Dialélicos parciales	4
2.1.2 Modelos y diseños para estimar parámetros genéticos	6
2.1.3 Aplicación de la técnica de Kempton y Curnow para dialélicos parciales	10
2.1.4 Búsqueda y aplicación de softwares estadísticos	12
<b>III. MATERIALES Y MÉTODOS</b>	16
3.1. Diseño y análisis de un experimento en dialélicos parciales	16
3.1.1 Muestreo	16
3.1.2 Análisis estadístico	17
3.1.3 Calcular grados libertad (GL) y suma de cuadrados (SC)	18
<b>IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN</b>	22
Artículo 1: Uso de Opstat para validar resultados en un dialélico parcial con ocho líneas de maíz evaluadas en un ambiente	23
Artículo 2: Diseño de una Cruzas dialélicas parciales simétricas en maíz cacahuacintle	46
<b>V. CONCLUSIONES GENERALES</b>	71
<b>VI. LITERATURA COMPLEMENTARIA</b>	72

## LISTA DE CUADROS

		<b>Página</b>
1.	20 cruzas muestreadas con el método de Kempton y Curnow (1961)	27
2.	Rendimiento de grano ( $t\ ha^{-1}$ ) de 20 híbridos de cruce simple de maíz	28
3.	Anava general para rendimiento de grano	30
4.	Medias aritméticas sin corregir o corregidas (arriba o debajo de la diagonal)	34
5.	Anava con partición de efectos entre cruces en aptitud combinatoria	36
6.	Las 20 cruces que serían formadas si $p= 8$ , $s=5$ , y $k=2$	53
7.	Relación de agricultores cooperantes	58
8.	40 cruces en Cacahuacintle que serían muestreadas si $n=16$ , $s=5$ , y $k=6$ . (CD, $i<j$ ; CR, $i>j$ )	61
9.	30 cruces en Cacahuacintle que serían muestreadas si $n=15$ , $s=4$ y $k=6$ . (CD, $i<j$ ; CR, $i>j$ )	62

## RESUMEN GENERAL

En este trabajo se describen los procedimientos genético - estadísticos para diseñar y analizar un experimento de cruzas dialélicas parciales utilizando la metodología delineada por Kempthorne y Curnow (1961). En una primera etapa, como material genético se utilizaron ocho líneas endogámicas de maíz (*Zea mays* L.) de una misma variedad, perteneciente a la raza Cónico, para realizar los cálculos que permitieron la obtención de un análisis de varianza general para un solo ambiente empleando un diseño experimental de bloques completos al azar con cuatro repeticiones. Posteriormente, la variabilidad asociada a la estructura de los tratamientos, representada por las cruzas dialélicas parciales, se fraccionó en efectos de aptitud combinatoria general y específica por medio de álgebra de matrices. También se estimaron los efectos de  $g_i$  y  $S_{ij}$  para cada progenitor y para cada craza. En forma complementaria, los resultados anteriores fueron validados usando el software estadístico OPSTAT, el cual también permite estimar varianzas y heredabilidades. Asimismo, se diseñó un muestreo para tres planes de cruzamientos dialélicos para ser aplicado a variedades criollas de la raza Cacahuacintle. En campo, el área destinada a esta serie de cruzamientos sería dividida en: ocho variedades alojadas en un bloque para generar 28 cruzas; 16 variedades en dos bloques para generar 40 cruzas; 16 variedades en dos bloques para generar 30 cruzas. Debido a que los paquetes estadísticos como OPSTAT, SAS y Genes no analizan series de experimentos en cruzas dialélicas parciales, para estudios futuros tendrán que elaborarse algunos artificios para generar indirectamente los estimadores de interés en este tipo de ensayos. También, las dimensiones promedio de la planta en la raza Cacahuacintle, mayores a 2.6 m, así como su sistema radicular débil, han sido algunas de las limitantes para generar un subconjunto de cruzas que permita estimar con mayor confiabilidad la estructura genética en este tipo de maíz harinoso. Quizás, el uso de algunas sustancias supresoras del crecimiento vegetal, así como diversas modificaciones en el manejo agronómico y en el paquete tecnológico que se utiliza en esta especie, permitan disminuir las alturas de planta y mazorca, que proporcionen ventajas adicionales durante el control manual de la polinización y para la generación de las cruzas entre poblaciones de Cacahuacintle contrastantes.

Palabras clave: Dialélico parcial simétrico, muestreo de las cruzas, Kempthorne y Curnow, paquete estadístico OPSTAT, matrices circulantes, parámetros genéticos.

## ABSTRACT

Statistical-genetical procedures for partial diallelic crosses are described in this work by means of the methodology proposed by Kempthorne and Curnow (1961). On the first stage, eight endogamic lines of maize (*Zea mays* L.) of the same variety belonging to the conic race were used as genetic material. These lines were used to perform an analysis of variance for one environment with a randomized complete block experimental design with four replications. Afterwards, the variability associated to the treatment structure, represented by the partial diallelic crosses, was split into general combining ability and specific combining ability using matrix algebra. The effects of  $g_i$  and  $S_{ij}$  were estimated as well, for each parent and for each crossing. Complementarily, the previous results were validated by means of the statistical software OPSTAT, which also allows to estimate variances and heritabilities. On a second stage, a sampling for three diallel cross-breeding plans was design to be applied to landrace varieties of the Cacahuacintle race. In the field, the plot intended for this series of crossings was divided this way: eight varieties housed in a block to generate 28 crossings; 16 varieties in two blocks to generate 40 crossings; 16 varieties in two blocks to generate 30 crossings. Because the statistical packages like OPSTAT, SAS and Genes are not able to analyze series of experiments on partial diallelic crosses, for further studies some artifice must be made to indirectly generate the estimators of interest in this type of essays. It is worth mentioning that the average height of a Cacahuacintle race plant is above 2.6 m, and its radicular system is weak, these two traits have limited the generation of a subset of crossings that allow to estimate with greater reliability the genetic structure in this kind of floury maize. It might be possible to use some vegetal growth suppressing substances, as well as some modifications in the agronomical management and the technological package used in this species, to achieve the decrease of plant and ear heights, which would result in getting a better control of manual pollination and the generation of crossings among contrasting populations of Cacahuacintle.

Key words: symmetric partial diallel, sampling of crossings, Kempthorne and Curnow, statistical package OPSTAT, circulant matrix, genetic parameters.

## I. INTRODUCCION

Las cruzas dialélicas son una herramienta muy importante en el mejoramiento genético vegetal y animal. Esta metodología se ha utilizado desde inicios de la década de los 1940's para estudiar la estructura genética de un grupo de progenitores y sus progenies a través del análisis de los efectos y varianzas de aptitud combinatoria general y específica en variables cuantitativas como rendimiento y calidad, así como en el estudio del vigor híbrido que los descendientes puedan mostrar en relación a sus padres. Más recientemente se ha utilizado para predecir el comportamiento promedio de un grupo de descendientes con relación a las líneas endogámicas que les dieron origen y, como un prerequisite para estudios de Genética Molecular, Genética Cuantitativa, Genética de Poblaciones y Genética de la Evolución, entre otras. Sin embargo, cuando el número de progenitores aumenta también se incrementa el número de cruzamientos que deberá evaluarse en campo, por lo que sería más conveniente emplear muestreo en el método 4 de Griffing (1956 b), a partir de un experimento dialélico parcial, como lo propuso Kempthorne y Curnow (1961).

En las últimas tres décadas el desarrollo de software ha sido indispensable para disminuir los tiempos y para ahorrar recursos económicos y humanos para el diseño, el análisis y la discusión de un experimento de cruzas dialélicas. En este contexto se han utilizado, con y sin licencia comercial, paquetes estadísticos como SAS, Agrobase, TNAUSTAT, PBTools, AGD-R, Excel de Microsoft Office, InfoStat, InfoGen, OPSTAT, INDOSTAT, y GENES, entre otros, pero de éstos sólo el primero, el noveno, el décimo y el undécimo analizan datos de un dialélico incompleto para un solo ambiente; la serie de experimentos en tiempo y espacio podría analizarse con SAS si se genera el código respectivo. Debido a que una licencia comercial anual, para una sola computadora personal, para el uso de SAS o Indostat

puede costar hasta \$50 000 (Cincuenta mil pesos 00/100 M.N.), en la última década se ha dado prioridad a la búsqueda y aplicación de software gratuito (free software). En este contexto es que se propone el presente estudio, con el propósito de estimar parámetros genéticos en un experimento de cruzas dialélicas parciales aplicado a maíz de la raza Cacahuacintle, realizando la validación de sus resultados con SAS, en su versión académica de prueba o recurriendo a una copia con más de 10 años de liberación comercial.

La búsqueda y aplicación de software gratuito disponible en los portales electrónicos de las instituciones que los generaron es indispensable para ahorrar tiempo y recursos económicos en el análisis y discusión de un experimento de cruzas dialélicas parciales, especialmente cuando los ensayos se establecen en varias localidades y diversos años. En la última década no se ha realizado la comparación de diferentes paquetes estadísticos ni se ha realizado la validación de los resultados que producen en relación con el SAS. También es deseable generar nuevos códigos para complementar su análisis genético estadístico, como en el caso de la heterosis estimada en las familias  $F_1$  con relación a la media de sus padres, al mejor de ellos o cuando se utiliza un testigo comercial, para realizar la partición de la variabilidad que existe entre las cruzas  $F_1$  usando contrastes mutuamente ortogonales o para predecir el comportamiento de los híbridos usando los datos que genera un experimento de cruzas dialélicas parciales.



De acuerdo a lo anterior se postula:

## **HIPÓTESIS**

El análisis y la discusión de una cruce dialéctica parcial se puede realizar con al menos seis paquetes estadísticos, disponibles gratuitamente en internet, y sus salidas pueden verificarse confiablemente con el Sistema para Análisis Estadístico (SAS) en su versión académica de prueba, para Windows 8 o superior.

## **OBJETIVO GENERAL**

Buscar y aplicar diversos paquetes estadísticos disponibles gratuitamente en la internet para estimar parámetros genéticos en un experimento de cruces dialécticas parciales

## **OBJETIVOS ESPECÍFICOS**

1. Realizar la búsqueda de al menos seis paquetes estadísticos disponibles gratuitamente en internet para analizar un experimento de cruces dialécticas parciales
2. Aplicar los paquetes estadísticos a datos obtenidos en experimentos realizados en años pasados
3. Validar los resultados con el Sistema para Análisis Estadístico
4. Generar un nuevo código que permita el análisis complementario de una cruce dialéctica parcial
5. Discutir las ventajas y desventajas del software gratuito utilizado en este estudio

## II. REVISIÓN DE LITERATURA

### 2.1. Cruzas dialélicas

Las cruas dialélicas fueron diseñadas antes de los 1950' pero pronto se convirtieron en una poderosa herramienta para mejoradores de plantas y animales, quienes para reconocer el mérito de varios progenitores evaluaron sus progenies a través de los efectos y varianzas de aptitud combinatoria general (ACG) y específica (ACE) (Sprague y Tatum, 1942; Griffing, 1956). Con éstas se definen nuevos patrones heteróticos o una población segregante a partir de la cual es posible aislar nuevamente plantas sobresalientes, predecir la respuesta a la selección o el comportamiento de híbridos o sintéticos formados con nuevas líneas (Hallauer y Miranda, 1988; Christie y Shattuck, 1992; González *et al.*, 2007).

Las cruas dialélicas es una práctica común en programas de mejoramiento genético, esto con la finalidad de mejorar los genotipos a utilizar para generar variedades resistentes a enfermedades e incrementar rendimientos.

#### 2.1.1 Dialélicos parciales

Un dialélico completo es impráctico cuando el número de cruas a evaluar es grande, por lo que es necesario buscar alternativas para muestrear adecuadamente un subconjunto de ellas que sean viables para su evaluación en tiempo y espacio. En este sentido, la evaluación de las progenies de una crua dialélica en varios años y localidades usando un diseño y un análisis genético-estadístico apropiado podría ser compleja, pero esencial, para determinar su estructura genética, ambiental y de interacción genotipo-ambiente, así como su contribución en la estimación de los efectos y varianzas de aptitud combinatoria, heterosis, heredabilidad, respuesta a la selección y predicción de híbridos sobresalientes (Sahagún,

1990; González et al., 2007a, b; Harriman y Nwammadu, 2016; Fasahat et al., 2016; Awata et al., 2018).

También, un análisis dialélico ayuda a estimar componentes genéticos y no genéticos de la variación, así como parámetros genéticos que permiten evaluar, clasificar y utilizar la variabilidad genética existente en cada grupo, por ejemplo, las diferencias genotípicas que se manifiestan entre padres de distintos grupos raciales. En el contexto anterior deberá considerarse: si un progenitor tiene un genotipo común o raro en el grupo al que no pertenece; si los genes dominantes aumentan o disminuyen la expresión del rasgo (dirección o dominancia); si hay grado medio de dominancia en cada grupo; la importancia relativa de los efectos medios de los genes y la dominancia en la determinación de un rasgo; si en cada grupo los genes alélicos tienen la misma frecuencia; si los genes son igualmente frecuentes en los dos grupos; grupo con mayor frecuencia de genes favorables; grupo al que los genes dominantes son más frecuentes; número relativo de genes dominantes y recesivos de cada padre; si un progenitor tiene un genotipo común o raro en el grupo al que pertenece y diferencias genotípicas entre progenitores del mismo grupo (Soriano et. al. ,1999).

Se han utilizado distintos enfoques para estudiar efectos en los cambios generales, específicos, recíprocos y habilidades combinatorias (Souza, 2015). Al respecto, en el caso de cruza dialélicas parciales, se obtiene a partir de todas las cruza simples que se generan a partir de un conjunto básico de  $p$  progenitores (Hernández et al, 2003). Es importante tomar en cuenta que cada uno de los progenitores debe estar involucrado con un numero de cruza  $s < p$ . Si existiera un agrupamiento entre familias o subconjuntos donde sean distinguidos por caracteres comunes, sería una problemática estimar los efectos entre estas.

### **2.1.2. Modelos y diseños para estimar parámetros genéticos**

Existen diversos procedimientos de mejoramiento alternativos que se adoptan para mejorar un cultivo y que son dependientes de la naturaleza y magnitud de las acciones genéticas que están involucradas en la expresión de diferentes caracteres y en la flexibilidades para realizar cada tipo de apareamiento, como las herramientas biométricas que se utilizan para la estimación de parámetros genéticos con el propósito de determinar la estructura genética en una especie vegetal o animal (Saavedra et al., 2022).

Asimismo, esta discrepancia se atribuye principalmente al método de cálculo aplicado en la estimación de esos parámetros y a la medida en que se cumplen los supuestos involucrados en cada método. Un estudio de eficiencia comparativa de algunos de los procedimientos biométricos puede ser de gran valor para la evaluación y composición genética de un cultivo en particular. El análisis de cada una de las metodologías, dependerán del modelo elegido.

En este contexto, existen modelos aleatorios que determinan las varianzas de aptitud combinatoria general (ACG), la aptitud combinatoria específica (ACE), así como las correspondientes a aditiva ( $S^2A$ ), dominancia ( $S^2D$ ), y epistática. También, es considerada la heredabilidad. Para modelos fijos se determinan los efectos de ACG y ACE.

En este sentido, también se han encontrado algunas soluciones para un dialélico completo si el número de líneas progenitoras es elevado (Kempthorne y Curnow 1961; Fyfe y Gilbert, 1963; Rojas, 1973). En éstas se abordan los análisis y la estimación de parámetros a partir de un modelo de efectos fijos, aleatorios o mixtos. También se ha sugerido derivar los mejores predictores lineales e insesgados (MPLI) (Mastache, 1999) mediante la metodología

desarrollada por Herderson (1963, 1973), Harville (1976), Harville y Carriquiry (1992), para obtener estimadores insesgados y de mínima varianza.

Ron *et al.* (1999) y Cervantes *et al.* (1999) formaron grupos de progenitores para derivar diversos tipos de familias considerando características similares para la estimación de efectos genéticos. En este tipo de investigaciones es deseable la aplicación de los mejores predictores lineales insesgados, ya sea bajo un modelo de efectos fijos o aleatorio.

En las últimas tres décadas se han realizado experimentos empíricos para estimar efectos maternos en experimentos dialélicos parciales bajo el modelo de efectos mixtos. Han sido grandes avances dentro del área de mejoramiento genético, lo que ha permitido generar nuevas variedades que permitan satisfacer necesidades de producción y alimentación para los seres humanos; el caso más común donde se encuentran con mayor frecuencia es en maíz ya, que es una especie que permite manipular fácilmente diversos tipos de cruzamiento.

En estudios contrastantes para dialélicos modificando otras metodologías han sido muy pocos los resultados para obtener una respuesta más objetiva. Por lo que, Matzinger, Sprague y Cokerham (1959) compararon los dialélicos completos con los experimentos I y II de Comstock y Robinson (1949); también añadieron el experimento III de Robinson (1948) en su comparación.

Para los años 1960's, Kempthorne y Curnow demostraron que el dialélico parcial era mejor que el diseño I y II, mientras que el diseño III era mejor que el dialélico parcial o completo. Por esto, Gardner y Eberhart (1966) compararon su modelo con el de los enfoques de Hayman (1954) y Griffing (1956). Además, establecieron ventajas del modelo cuando los efectos heteróticos se dividen aún más y se obtienen los efectos de aptitud combinatoria

general (ACG), aptitud combinatoria específica (ACE) y los componentes de la acción génica.

También se han comparado cinco diseños genéticos: dialélicos completos, medios, parciales, así como Carolina del norte I y II. Cada uno de estos tiene un gran mérito en el área de mejoramiento genético, pero el dialélico medio fue mejor (Kearsey, 1965). Al contrastar un dialélico completo con un parcial se concluyó que éste último había sido mejor, en particular cuando se utilizaron muestras de más de la mitad o la mitad de los padres por cada línea parental. La evaluación y la comparación de la eficiencia relativa de estas metodologías con base en sus parámetros genéticos también sería de gran valor (Murthy et. al., 1966).

En el caso específico en maíz, los primeros trabajos de hibridación indicaron que las cruzas entre líneas de baja Aptitud Combinatoria (AC) producen híbridos con un rendimiento bajo; al cruzar líneas de alta AC los rendimientos son altos; y al realizar cruzas entre líneas de baja y alta AC se obtiene un rendimiento equivalente al de cruzas entre líneas de alta AC (Johnson y Hayes, 1940).

Posteriormente, Sprague y Tatum (1942) introdujeron los conceptos de ACG y ACE (aptitud combinatoria específica), mediante los cuales Escorcia-Gutiérrez *et al.* (2010) y Pérez-López *et al.* (2014) encontraron que en cruzas simples de alto rendimiento al menos una de sus líneas fue de alta ACG y hubo efectos altos de ACE, y que las cruzas simples de más bajo rendimiento fueron aquellas cuyas dos líneas tuvieron la más baja ACG y efectos bajos de ACE; sin embargo, encontraron alta significancia en la interacción cruza  $\times$  ambientes y no mencionaron si existieron cruza con estabilidad a través de ambientes y si las hubo, qué tipo de cruza fueron las más estables.

En este contexto, un mejorador de maíz, además de identificar las mejores cruzas, necesita analizar la estabilidad de su rendimiento al evaluarlas en ambientes diferentes, para ello existen procedimientos como el método AMMI (Efectos Principales Aditivos e Interacción Multiplicativa) (Zobel *et al.*, 1988); éste consiste en combinar en un solo modelo el análisis de varianza para estudiar los efectos principales de los genotipos y ambientes, y el análisis de componentes principales (ACP) para estudiar la interacción genotipo  $\times$  ambiente (IGA) de forma multivariada. Asimismo, el algoritmo de AMMI produce gráficos de dos dimensiones para el análisis de datos de la IGA (Gauch Jr., 1988; Kempton, 1984).

Por lo que, para analizar de forma eficaz los efectos que produzcan el estudio de ambientes en relación con genotipos se debe de tener bien planteado el modelo o diseño genético estadístico para que este pueda ser aplicado con veracidad y se puedan interpretar los resultados de manera correcta y que sirva como aporte para posteriores estudios.

Griffing (1956) y Gardner (1966) propusieron métodos estadísticos para analizar datos a través de la aplicación de experimentos dialélicos. En ambos estudios se destacó que los modelos de apareamiento dialélico, propuestos por el primer autor, han sido los más utilizados para estimar parámetros genéticos, como la ACG y la ACE.

Para establecer un esquema de un dialélico parcial existen estudios tradicionales (Miranda Filho *et al.*, 1999) quienes utilizaron la metodología de mínimos cuadrados (OLS) para estimar ACG. Pero, si la tabla dialélica está conformado por un grupo de progenitores pequeño se observará una reducción importante en la proporción de híbridos estudiados. El uso del OLS tradicional para evaluar muchas líneas endogámicas con una pequeña muestra de híbridos no puede garantizar una alta precisión.

Desde un punto de vista genético-estadístico, el uso de los diseños dialélicos y la elección de un modelo de efectos fijos o aleatorios tiene fuertes implicaciones en la interpretación de resultados; la suposición de la distribución independiente de los genes en los progenitores, así como la ausencia de epistasis y ligamiento entre genes, es a veces incorrecta. Asimismo, la epistasis afecta la estimación de las varianzas de ACG y ACE. Como alternativa a lo anterior, la descripción estadística del análisis dialélico puede ser usada para contestar preguntas concernientes a la importancia de la ACE y la predictibilidad del comportamiento de los híbridos usando ACG o el comportamiento de los progenitores (Saavedra, *et.al.*, 2021).

### **2.1.3. Aplicación de la técnica de Kempthorne y Curnow para dialélicos parciales**

La elección de mejores progenitores, así como de un buen diseño de apareamiento y experimental son fundamentales para lograr un esquema exitoso de mejoramiento (Saavedra, *et. al.*, 2021). Al respecto se inventó una técnica dialélica incompleta a partir del método 4 de Griffing (1956) (Kempthorne y Curnow, 1961), usando una muestra de tamaño  $ps/2$ , donde  $s$  es el número de veces que cada progenitor ( $p$ ) es utilizado en los cruzamientos;  $p$  y  $s$  no pueden ser simultáneamente números pares pero la precisión con la que se estiman los parámetros de interés para el fitomejorador depende de ambos valores. Murthy *et al.* (1966) y Chaudhary *et al.* (1977) precisaron que el sesgo es mayor cuando  $s$  es menor que  $p/2$ . Con  $s = p - 1$  se tendrá el método 4 de Griffing (1956).

En otro estudio, excluyendo cruza recíprocas y progenitores, habrá  $N = n(n-1)/2$  cruza simples posibles entre el conjunto de “ $n$ ” líneas que van a ser probados en un dialélico completo (Narain, 1974), pero este número aumentará rápidamente con un incremento en “ $n$ ”; si  $n = 6, 20$  y  $50$ , habrá 15, 190 y 1225 cruza simples.



En condiciones desfavorables para probar más cruzas, “n” debe ser relativamente pequeño, pero la estimación de sus varianzas de A.C.G., y A.C.E, entre la población total de líneas potencialmente disponibles, estarán sujetas a mayores errores de muestreo. En este contexto, también muchas líneas de alto rendimiento podrían no ser evaluadas debido a un problema de muestreo inadecuado. Así, es necesario utilizar un plan de cruzamientos parciales para estimar con mayor precisión los parámetros genéticos que permitan caracterizar adecuadamente a las poblaciones bajo estudio. Este diseño de cruzamientos se conoce como dialélico parcial (PDC). Gilbert (1958), Kempthorne y Curnow (1961), Fyfe y Gilbert (1963), Curnow (1963), Rao y Narain (1976), Das y Sivaram (1968), Narain et al. (1974), Rao y Narain (1976), Mathur y Narain (1976), Arya (1977), Arya y Narain (1977), Narain y Arya (1981), Arya (1983), Haque (1984), Venkatesan (1985), Rao y Narain (1985), entre otros, han discutido los resultados generados con un experimento de cruzas dialélicas parciales.

Al respecto, los trabajos que se han realizado anteriormente demuestran que la aptitud combinatoria general (ACG) de las líneas no involucradas también podría estimarse utilizando enfoques GP basados en diseños para cruzas dialélicas parciales dispersos (SPDC). Esta estrategia permite una selección confiable de más líneas puras por su potencial para crear híbridos superiores. Pero, por otro lado, se encontró que las líneas que nunca o rara vez intervienen en el cruce tienen menor precisión que las involucradas.

A través de los años, los mejoradores de plantas y animales han definido con mayor precisión la estructura genética de las poblaciones sujetas a análisis por parte de ellos procurando, de manera más confiable, la estimación de parámetros genéticos a través de la predicción del genoma (PG).

En algunos trabajos empíricos realizados para estimar con mayor precisión las heredabilidades, los rasgos y los tamaños de muestra para caracterizar confiablemente a la población objetivo, se observó una alta correlación entre la disminución en la magnitud de los errores y la mayor precisión en la estimación de esos parámetros (Wang et. al., 2015). En otro estudio se analizó cuál sería la problemática para la predicción de un rasgo con baja heredabilidad, y se encontró que la desviación estándar significativa fue la causante de este problema (Wang et. al., 2017).

#### **2.1.4. Búsqueda y aplicación de softwares estadísticos**

El análisis de un experimento de cruzas dialélicas completo, sin una computadora personal (PC), es laborioso, y para ahorrar tiempo debe elegirse algún paquete estadístico, como los que a continuación se citan: SAS (<https://www.sas.com/store/index.ep>), Indostat (<https://www.indostat.org>), Microsoft Excel, AGD-R (<https://data.cimmyt.org/dataset.xhtml?persistentId=hdl:11529/10202>), Agrobases II Generación (<http://www.agronomix.com>), PB Tools (<https://pbtools.software.informer.com/2.0/>), TNAUSTAT (<https://sites.google.com/site/tnaustat>), y GSCA (<https://bioseqdata.com/gsca/gsca.htm>), entre otros; de éstos sólo Agrobases II Generación e Indostat deben adquirirse a un costo superior a \$1000.0 USD, debido a que se requieren al menos tres módulos para operarlos adecuadamente.

No obstante, lo anterior, para el análisis de experimentos de cruzas dialélicas parciales existen pocos paquetes estadísticos que permitan estimar parámetros genéticos, como los efectos y varianzas de aptitud combinatoria general y específica, así como las heredabilidades, por lo que es importante generar códigos, algoritmos y programas computacionales que permitan analizar de manera más práctica la información generada, para que ésta pueda ser analizada e interpretada correctamente.

En el caso del SAS, se han diseñado códigos y programas para las metodologías de Griffing (1956 b), Hayman (1954), Kempthorne y Curnow (1961), y Gardner y Eberhart (1966), entre otros, para analizar datos con los diseños experimentales completamente al azar, bloques completos al azar y algún tipo de látice, para uno o más factores (Martínez, 1988; Zhang y Kang, 1977; Zhang et al., 2005; Makumbi et al. 2018); si no se dispone de recursos para adquirir una licencia comercial, estudiantes de licenciatura y postgrado podrían descargar su versión académica de prueba. Profesores e investigadores también podrían solicitar una versión de SAS On Demand for Academics; en ambas situaciones, con vigencia hasta por un año, y de forma gratuita.

Una nueva línea de investigación que podría surgir considerando lo anterior, sería el desarrollo de algunas variantes complementarias para analizar los experimentos de cruzas dialélicas parciales, debido a que se detectó que existen pocos paquetes estadísticos que se encuentren disponibles gratuitamente en la internet. En la última década se ha estado usado el paquete estadístico OPSTAT para el análisis de experimentos en un solo ambiente, que es confiable y fácil de usar. Con éste se ha generado una tabla de análisis de varianza convencional más la correspondiente a la partición de los efectos entre cruzas en ACG y ACE; también proporciona varianzas genéticas promedio, errores estándar para el contraste de las estimaciones de  $g_i$  con  $g_j$ , así como heredabilidades (Jasso *et.al.*, 2021). En otro estudio González et. al. (2022) propusieron un artificio para analizar una serie de experimentos para cruzas dialélicas parciales, en la cual los efectos de años y localidades podrían estar confundidos en ambientes, cuando se usa un diseño experimental de bloques completos al azar.

AGD-R, PBTools y Genes también son buenas opciones para generar el análisis genético estadístico de un dialélico completo; éstas se pueden descargar gratuitamente de los portales electrónicos del Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT; Rodríguez et al., 2018), del Instituto Internacional de Investigación en Arroz (IRRI, 2014) y de la Universidad Federal de Vicosa, Brasil (Cruz, 2013), respectivamente. Agrobase II Generación, o versiones más recientes de éste, así como Indostat sólo pueden utilizarse con licencia comercial, pero ambos son más amigables que los softwares anteriores. Tnaustat y OPSTAT, disponibles gratuitamente en sus portales electrónicos, sólo analizan experimentos para un ambiente (año o localidad, pero no ambos). En otras investigaciones se han construido códigos, programas y algoritmos para el análisis de los métodos de Griffing o de Kempthorne y Curnow (1961), usando SAS u otro software (Mastache et al., 1999 a, b; Mastache y Martínez, 2003; Sestras et al., 2018).

El software webPDC trabaja para realizar análisis asociados a cruzas dialélicas parciales (CDP); este programa está basado en menús y ofrece una pantalla fácil con interfaz sencilla de operar. Se diseñó para apoyar a estudiantes, investigadores y técnicos para la demostración de métodos y conceptos en el análisis y validación de resultados para cruzamientos dialélicos parciales (CDP) cuando se utilizan esquemas de asociación con diseños PBIB. Este paquete está disponible en la plataforma que se encuentra en línea, pero requiere de autorización para su uso por parte del distribuidor (Taksande et. al., 2012).

En el mejoramiento del maíz se involucran dos pasos críticos, el desarrollo de líneas puras superiores, obtenidas a partir de poblaciones sobresalientes, y la identificación de combinaciones élite a partir de dos o más progenitores (Guo et al., 2013).

Con el desarrollo de nuevas tecnologías, los mejoradores generan una gran cantidad de líneas puras que necesitan ser evaluadas por su desempeño en sus cruzamientos. La principal desventaja es el número de cruzas que va creciendo rápidamente, lo que hace que su evaluación en campo requiera de más tiempo y recursos. Las tablas dialélicas parciales dispersas se están volviendo cada vez más comunes en la práctica de mejoramiento y, como la aptitud combinatoria general (ACG) es principalmente una medida de efectos aditivos, ésta es esencial en la selección de mejores líneas endogámicas. Entonces, para diferentes grupos heteróticos, los mejores progenitores se pueden cruzar con algunos probadores para evaluar sus progenies en condiciones de campo. De esta manera se puede mejorar la eficiencia y la precisión con la que se practica el mejoramiento genético en maíz (Wang et al., 2019). También se puede realizar una predicción más confiable de la ACG y mejorar la eficiencia de la selección de líneas endogámicas para acelerar la reproducción de semilla híbrida.

La búsqueda de software gratuito se hará desde Google Scholar haciendo énfasis en las dependencias gubernamentales sin fines de lucro que han generado versiones gratuitamente disponibles para investigadores y divulgadores de la ciencia y de la tecnología, así como para estudiantes de licenciatura y de postgrado de universidades públicas. Se propone consultar los portales electrónicos del CIMMYT, IRRI, CIP, y CIAT, entre otros. Adicionalmente serán consultados los correspondientes al SAS Institute, y de Microsoft Office, particularmente la hoja de cálculo de Excel.

Así mismo, se propone la obtención de datos con el Método 4 de Griffing (1956), en experimentos conducidos en campo, en varios sitios de un mismo año, o en varios sitios de algunos años, bajo un diseño experimental de bloques completos al azar o alpha látice. En este contexto, se elaborarán y validarán algunos códigos para SAS, para versiones 6.01 o

superiores (SAS,1989), que permitan complementar el análisis genético-estadístico para series de experimentos en dialélicos incompletos sin efectos maternos.

Otras recomendaciones que se deben considerar en el contexto anterior, es que, aunque SAS es el mejor paquete estadístico, es común que los mejoradores y genetistas utilicen varios softwares para analizar los datos de experimentos diseñados en las ciencias agropecuarias y biológicas. También, para muchos usuarios, es difícil descargar software gratuito debido a que hay problema de incompatibilidad entre éste y sus PC's, existen problemas técnicos durante las descargas, no se obtiene el permiso necesario, los investigadores no responden las solicitudes o el programa no funciona en versiones antiguas o recientes de Windows. (Padilla et al., 2019a; Padilla et al., 2019b; Saavedra et al., 2019).

### **III MATERIALES Y MÉTODOS**

#### **3.1 Diseño y análisis de un experimento en dialélicos parciales**

Las características que se evaluaron en este estudio, la metodología utilizada, el diseño y análisis de un experimento, así como los planes de cruzamiento y muestreo de dialélicos parciales, se describen en el artículo uno.

##### **3.1.1 Muestreo**

Existen procedimientos de muestreo para un experimento dialélico parcial aplicando el método de Kempthorne y Curnow (1961). Esto se logró usando ocho líneas de maíz que se derivan de una misma variedad de la raza Cónico, donde cada una es utilizada en cinco cruzamientos ( $s=5$ ). Con los 20 híbridos de cruce simple que se generaron se realizaron cálculos para obtener el análisis de varianza para un ambiente en un diseño experimental de bloques completos al azar con cuatro repeticiones.

Los efectos entre cruzas se dividieron en aptitud combinatoria general y específica utilizando álgebra de matrices; se estimaron los efectos de  $g_i$  y  $S_{ij}$ , para cada progenitor y en cada craza, respectivamente.

Además, se calcularon componentes de varianza y heredabilidades en sentido amplio y estrecho. En todas las etapas se indica como verificar los cálculos empleando una calculadora de escritorio y, finalmente, se validan los resultados usando el paquete estadístico Opstat.

Diseño de las cruzas

Primero deberá calcularse  $k$ , que debe ser un número entero. Así:  $k = \frac{(p+1-s)}{2}$

Los progenitores, aleatorizados y numerados consecutivamente, generarán las cruzas:

Progenitor 1 x progenitor  $k+1, k+2, k+3, \dots, k+s$

Progenitor 2 x progenitor  $k+2, k+3, k+4, \dots, k+1+s$

...

Progenitor  $p$  x progenitor  $k+p, k+p+1, \dots, k+p-1+s$

### 3.1.2. Análisis estadístico

El modelo estadístico para un diseño experimental de bloques completos al azar es:

$$Y_{ij} = \mu + \tau_i + \beta_j + \varepsilon_{ij}$$

Dónde:  $\mu$  es la media aritmética de los  $tr$  datos,  $\tau_i$  es el efecto del  $i$ -ésimo tratamiento,  $\beta_j$  es la contribución de la  $j$ -ésima repetición, y  $\varepsilon_{ij}$  es el error experimental o residual del modelo.

**Las etapas para obtener un Anava general son:**

**E1.** Concentrar los datos en una tabla: las hileras (subíndices **ij**) representarán cruzas y las columnas (subíndice **k**) repeticiones; en ésta calcular totales y medias aritméticas.

**E2.** Definir el formato del Anava general con base en el modelo lineal predefinido.

### 3.1.3. Calcular grados de libertad (GL) y suma de cuadrados (SC)

#### Grados de libertad (GL)

En esta sección, **t** es el número de cruzas muestreadas, por lo que **t=ps/2**.

**GL del total** =  $(ps/2)r-1 = 20(4) - 1 = 79$ ; **GL Rep** =  $r - 1 = 4 - 1 = 3$ ; **GL Cruzas** =  $(ps/2) - 1 = 20 - 1 = 19$ ; **GL del error** =  $[(ps/2) - 1](r - 1) = \text{GL Total} - \text{GL Rep} - \text{GL Cruzas} = 57$

#### Sumas de cuadrados (SC)

Aquí se introduce la restricción **i<j**. Adicionalmente, **ij ≠ 12, 18, 23, 34, 45, 56, 67 y 78**, que son las cruzas no muestreadas en el dialélico parcial, en el orden de hembra y macho.

$$\text{SC Total} = \sum_{i=1}^p \sum_{j=1}^p \sum_{k=1}^r Y_{ijk}^2 - \frac{Y_{...}^2}{\binom{p}{2}r}$$

$$\text{SC Rep} = \frac{\sum_{k=1}^r Y_{..k}^2}{\binom{ps}{2}} - \frac{Y_{...}^2}{\binom{p}{2}r}$$

$$\text{SC Cruzas} = \frac{\sum_{i=1}^p \sum_{j=1}^p Y_{ij.}^2}{r} - \frac{Y_{...}^2}{\binom{p}{2}r}$$

$$\text{SC Error} = \text{SC Total} - \text{SC Rep} - \text{SC Cruzas}$$

#### Determinar cuadrados medios (CM)

$$\text{CM Rep} = \text{SC Rep}/(r - 1); \text{CM Cruzas} = \text{SC Cruzas} /[(ps/2)-1]$$



$$\text{CM Error} = \text{SC Error} / (r-1)[(ps/2)-1]$$

### Obtención de valores F calculados

$$\text{F Rep} = \text{CM Rep} / \text{CM Error}$$

$$\text{F Trat} = \text{CM Cruzas} / \text{CM Error}$$

### Estimación de los efectos de aptitud combinatoria general (ACG)

La estimación de la ACG para cada progenitor ( $\mathbf{g}_i$ ) se hace con álgebra de matrices.

$$\underline{\mathbf{A}} \underline{\mathbf{G}} = \underline{\mathbf{H}}$$

$$\text{Su solución es: } \underline{\mathbf{G}} = \underline{\mathbf{A}}^{-1} \underline{\mathbf{H}}$$

Dónde:  $\underline{\mathbf{A}}^{-1}$  es la inversa de la matriz  $\underline{\mathbf{A}}$ ;  $\underline{\mathbf{H}}$  es un vector columna formado por los valores de las sumas corregidas de las cruzas muestreadas ( $\mathbf{Q}_i$ ), y  $\underline{\mathbf{G}}$  es otro vector columna integrado por las estimaciones de  $\mathbf{g}_i$ .

### Definición de la matriz circulante $\underline{\mathbf{A}} = [s\mathbf{I} + \mathbf{N}]$

La inversa de  $\underline{\mathbf{A}}$  se obtuvo con una calculadora de matrices (<https://matrixcalc.org.es>).

Con una calculadora de escritorio se pueden aplicar las metodologías de Kempthorne y Curnow (1961), Singh y Chaudhary (1985) o Martínez (1991). Para obtener los elementos de la primera hilera de su inversa, Martínez (1991) calculó sus raíces características como:  $\lambda_j =$

$$\sum_{l=1}^p b_{1l} \text{Cos}\left\{j \left[ \frac{2\pi(l-1)}{p} \right] \right\}, j = 1, 2, 3, \dots, p. \text{ En ésta, } \lambda_p = \sum_{l=1}^p b_{1l} = 2s$$

### Estimación de valores $\mathbf{S}_{ij}$

Los efectos de aptitud combinatoria específica ( $\mathbf{S}_{ij}$ ) para cada cruce simple se estiman como:

$$S_{ij} = \bar{Y}_{ij} - \mu - g_i - g_j$$

Dónde:  $\mu$  es la media aritmética de los  $(ps/2)r$  datos,  $\bar{Y}_{ij}$  es el valor promedio de la cruce entre los progenitores  $i, j$ ,  $g_i, g_j$  son las estimaciones de aptitud combinatoria general de las líneas  $i, j$ . Las restricciones son:  $\sum_{i=1}^p g_i = 0$  y  $\sum_{j=1}^{p-1} S_{ij} = 0$ .

### Cálculo de la SC ACG

La suma de cuadrados entre tratamientos se divide en ACG y ACE; si se conoce el valor de dos de estas tres fuentes de variación en la tabla dialéctica, la tercera se calcula por diferencia.

$$SC\ ACG = r \sum \underline{G}_i' \underline{H}_i$$

Dónde:  $r$  es el número de repeticiones,  $\underline{G}_i'$ , es la transpuesta del vector columna  $8 \times 1$  formada por los valores de  $g_i$  y  $\underline{H}_i$  es el vector columna integrado con los valores de  $Q_i$ ; se multiplica por  $r$  porque en los cálculos se utilizaron promedios aritméticos.

### Estimación de componentes de varianza y heredabilidad

$\sigma_e^2$  = cuadrado medio del error

$\sigma_s^2$  = (CM de ACE – CM del error) /  $r$

$\sigma_g^2$  =  $(p-1)(CM\ ACG - CM\ ACE) / rs(p-2)$

La varianza promedio para calcular las diferencias entre dos valores de  $g_i$  estimados se

calcula cómo:  $VM (g_i - g_j) = 2 \left\{ \frac{pa^0}{p-1} - \frac{1}{2s(p-1)} \right\} (\sigma_s^2 + \frac{\sigma_e^2}{r}) = 2$

Y su error estándar es:  $E.E (g_i - g_j) = \sqrt{VM (g_i - g_j)} = \sqrt{0.0998} = 0.3159$

La equivalencia entre las varianzas calculadas previamente y las aditivas y de dominancia se establece cuando se asume que el coeficiente de endogamia, es igual a uno, debido a que las líneas usadas en el dialélico parcial son endogámicas ( $S_7$ ). Entonces:

$$\sigma^2_A = 2 \sigma^2_g$$

La varianza genética total,  $\sigma^2_G$ , se estima cómo:  $\sigma^2_G = \sigma^2_A + \sigma^2_D = 0.1284 - 0.014 = \mathbf{0.1144}$

La heredabilidad en sentido amplio,  $H^2$ , se estima cómo:

$$H^2 = 100 (\sigma^2_G / \sigma^2_F), \text{ donde } \sigma^2_F \text{ es la varianza fenotípica} = \sigma^2_F = 2 \sigma^2_g + \sigma^2_s + (\sigma^2_e / r)$$

La heredabilidad en sentido estrecho,  $h^2$ , se estima cómo:  $h^2 = 100 (\sigma^2_A / \sigma^2_F)$

## **IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN**

## Artículo 1:

Uso de Opstat para validar resultados en un dialélico parcial con ocho líneas de maíz  
evaluadas en un ambiente

Gerardo Jasso Bobadilla<sup>1</sup>, Delfina de Jesús Pérez López<sup>2</sup>, J. Ramón Pascual Franco Martínez<sup>2</sup>, José Francisco Ramírez Dávila<sup>2</sup>, Rodolfo Serrato Cuevas<sup>2</sup>, Francisco Gutiérrez Rodríguez<sup>2</sup>, Martín Rubí Arriaga<sup>2</sup>, Jaime Mejía Carranza<sup>3</sup> y Andrés González Huerta<sup>2&</sup>

<sup>1</sup> Programa de Doctorado en Ciencias Agropecuarias y Recursos Naturales, Universidad Autónoma del Estado de México (UAEMéx), Instituto de Ciencias Agropecuarias y Rurales, Campus Universitario “El Cerrillo” (CUC). El Cerrillo Piedras Blancas, municipio de Toluca, estado de México, México (CPBTEM). Tél. (722) 2965552. Ext. 117 (pcarn@uaemex.mx). <sup>2</sup> Centro de Investigación y Estudios Avanzados en Fitomejoramiento (C.I.E.A.F.), Facultad de Ciencias Agrícolas, UAEMéx-CUC-CPBTMM. Apartado Postal 435. Tél: (722) 2965518 Ext.148.3 Centro Universitario Tenancingo, UAEMéx, Carretera Tenancingo-Villa Guerrero km. 1.5, C.P. 52400. Tél. 7141407724. Tenancingo, estado de México, México (gjabo75@gmail.com; djperezl@uaemex.mx; jrfrancom@uaemex.mx; jframirez@uaemex.mx; rserratoc@uaemex.mx; fgutierrezr@uaemex.mx; mrubia@uaemex.mx; jmejiac@uaemex.mx). & autor para correspondencia: agonzalez@uaemex.mx

## Resumen

Se describen los procedimientos de muestreo de un experimento dialélico parcial aplicando el método de Kempthorne y Curnow (1961) a ocho líneas de maíz (S7) derivadas de la misma

variedad, utilizadas cada una en cinco cruzamientos ( $s=5$ ). Para los 20 híbridos de cruza simple se indican los cálculos para obtener el análisis de varianza para un ambiente con un diseño experimental de bloques completos al azar con cuatro repeticiones. Los efectos entre cruza se dividen en aptitud combinatoria general y específica utilizando álgebra de matrices; se estiman los efectos de  $g_i$  y  $S_{ij}$ , para cada progenitor y en cada cruza, respectivamente. Además, se calculan los componentes de varianza y las heredabilidades en sentido amplio y estrecho. En todas las etapas se indica como verificar los cálculos empleando una calculadora de escritorio y, finalmente, se validan los resultados usando el paquete estadístico Opstat.

**Palabras clave:** dialélico incompleto, matriz circulante, aptitud combinatoria, heredabilidad.

### **Abstract**

The sampling procedures of a partial diallel experiment are described applying the method of Kempthorne and Curnow (1961) to eight maize lines ( $S_7$ ) derived from the same variety, each used in five crosses ( $s = 5$ ). For the 20 single-cross hybrids, the calculations are indicated to obtain the analysis of variance for an environment with a randomized complete block design with four replications. The effects between crosses are divided into general and specific combining ability using matrix algebra; The effects of  $g_i$  and  $S_{ij}$  are estimated for each parent and in each cross, respectively. In addition, the variance components and heritabilities in broad and narrow sense are calculated. In all stages it is indicated how to verify the manual calculations and, finally, the results are validated using the statistical package Opstat.

**Keywords:** incomplete diallel, circulant matrix, combining ability, heritability.

Introducción

En un experimento de cruzas dialélicas completo hay  $p^2$  combinaciones genéticas que incluyen  $p$  progenitores ( $i=j$ ),  $p(p-1)/2$  cruzas directas (CD;  $i<j$ ) y  $p(p-1)/2$  cruzas recíprocas (CR;  $i>j$ ) (Griffing, 1956). Este diseño ha sido ampliamente utilizado en fitomejoramiento (Saavedra et al., 2021) pero es impráctico cuando  $p$  aumenta debido a que CD y CR también se incrementan; una situación similar se presentó cuando se diseñaron experimentos  $2^H$ , con  $H$  variando de 2 a 8, para ser analizados con InfoStat e InfoGen; si  $H=8$  habrá 256 tratamientos y 247 interacciones. Para ahorrar tiempo y recursos podría diseñarse un factorial fraccionado que incluya sólo a un subconjunto de éstos (Pérez et al., 2021). Si 13 progenitores, 78 CD y 78 CR serán estudiados, aun para los diseños en látice rectangular habría serias limitantes (González et al., 2007).

Cochran y Cox (1958), Gomez y Gomez (1984), y Martínez (1998) mostraron los planes básicos para látice balanceado y parcialmente balanceado; se podrían aleatorizar hasta 144 tratamientos en un látice triple 12 x 12. Si en un ambiente se evalúa maíz (*Zea mays* L.) en tres repeticiones con parcelas de tres surcos de 5.0 m de longitud, cada uno distanciado a 0.80 m, para evaluar esos 144 tratamientos serían necesarios casi 6400 m<sup>2</sup> (repeticiones separadas a 2.0 m y bloques incompletos distanciados a 1.5 m). Este problema será mayor al considerar varios años, localidades o combinaciones de éstos. En el otro extremo, con  $p=4$ , las estimaciones de aptitud combinatoria general serán sesgadas debido al pequeño tamaño de muestra utilizando. Ambas limitantes han conducido al muestreo de las cruzas incluyendo más progenitores sin afectar la eficiencia de la técnica dialélica. Hinkelmann y Stern (1960), Kempthorne y Curnow (1961), Fyfe y Gilbert (1963), y Rojas (1973) diseñaron metodologías para el muestreo y análisis de un dialélico parcial.

Kempthorne y Curnow (1961) inventaron una técnica dialéctica incompleta a partir del método 4 de Griffing (1956) usando una muestra de tamaño  $ps/2$ , donde  $s$  es el número de veces que cada progenitor ( $p$ ) es utilizado en los cruzamientos;  $p$  y  $s$  no pueden ser simultáneamente números pares pero la precisión con la que se estiman los parámetros de interés para el fitomejorador dependen de ambos valores. Murthy et al. (1966) y Chaudhary et al. (1977) precisaron que el sesgo es mayor cuando  $s$  es menor que  $p/2$ . Con  $s = p - 1$  se tendrá el método 4 de Griffing (1956).

## II. Diseño de las cruzas

Primero deberá calcularse  $k$ , que debe ser un número entero. Así:  $k = \frac{(p+1-s)}{2}$

Los progenitores, aleatorizados y numerados consecutivamente, generarán las cruzas:

Progenitor **1** x progenitor **k + 1, k + 2, k + 3, ..., k + s**

Progenitor **2** x progenitor **k + 2, k + 3, k + 4, ..., k + 1 + s**

...

Progenitor **p** x progenitor **k + p, k + p + 1, ..., k + p - 1 + s**

Con **ocho** líneas de maíz,  $s = 5$  y  $k = 2$ , las 20 cruzas que serán muestreadas son:

Línea **1** x Líneas 2+1, 2+2, 2+3, 2+4, 2+5 = **1x3, 1x4, 1x5, 1x6, 1x7**

Línea **2** x Líneas 2+2, 2+3, 2+4, 2+5, 2+6 = **2x4, 2x5, 2x6, 2x7, 2x8**

Línea **3** x Líneas 2+3, 2+4, 2+5, 2+6, 2+7 = **3x5, 3x6, 3x7, 3x8**

Línea **4** x Líneas 2+4, 2+5, 2+6, 2+7, 2+8 = **4x6, 4x7, 4x8**

Línea **5** x Líneas 2+5, 2+6, 2+7, 2+8, 2+9 = **5x7, 5x8**



Línea 6 x Líneas 2+6, 2+7, 2+8, 2+9, 2+10 = **6x8**

La línea 7 se cruzaría con los machos **2+7, 2+8, 2+9, 2+10 y 2+11**, como son mayores que **p** se aplica múltiplos de **8**:  $7 \times (9-8) = 7 \times 1$ ;  $7 \times (10-8) = 7 \times 2$ ;  $7 \times (11-8) = 7 \times 3$ ;  $7 \times (12-8) = 7 \times 4$ ;  $7 \times (13-8) = 7 \times 5$ . Éstas se eliminan por ser **CR** y también las cruza originadas con la línea **8**.

**Cuadro 1.** 20 cruza muestreadas con el Método de Kempthorne y Curnow (1961).

Línea i (♀)	Línea j (♂)							
	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8
<b>P1</b>	<b>0</b>	0	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	0
<b>P2</b>	0	<b>0</b>	0	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>1</b>
<b>P3</b>	1	0	<b>0</b>	0	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>1</b>
<b>P4</b>	1	1	0	<b>0</b>	0	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>1</b>
<b>P5</b>	1	1	1	0	<b>0</b>	0	<b>1</b>	<b>1</b>
<b>P6</b>	1	1	1	1	0	<b>0</b>	0	<b>1</b>
<b>P7</b>	1	1	1	1	1	0	<b>0</b>	0
<b>P8</b>	0	1	1	1	1	1	0	<b>0</b>

$a_{ij}=1$  ó  $a_{ij}=0$  si la cruza **ixj** es ó no muestreada, respectivamente. También se indican **CR**.

### Análisis de varianza (Anava) general

El modelo estadístico para un diseño experimental de bloques completos al azar es:

$$Y_{ij} = \mu + \tau_i + \beta_j + \varepsilon_{ij}$$

Dónde:  $\mu$  es la media aritmética de los  $tr$  datos,  $\tau_i$  es el efecto del  $i$ -ésimo tratamiento,  $\beta_j$  es la contribución de la  $j$ -ésima repetición, y  $\varepsilon_{ij}$  es el error experimental o residual del modelo.

**Las etapas para obtener un Anava general son:**

**E1.** Concentrar los datos en una tabla: las hileras (subíndices **ij**) representarán cruza y las columnas (subíndice **k**) repeticiones; calcular totales y medias aritméticas (Cuadro 2).

**Cuadro 2.** Rendimiento de grano ( $t\ ha^{-1}$ ) de 20 híbridos de cruza simple de maíz.

Cruza (ij)	Repeticiones (k)				Total	Media
	R1	R2	R3	R4		
<b>1x3</b>	7.56	4.50	8.68	8.43	29.17	7.292
<b>1x4</b>	6.62	7.33	6.87	7.16	27.98	6.995
<b>1x5</b>	7.10	6.87	6.70	5.83	26.50	6.625
<b>1x6</b>	7.36	4.81	7.64	7.64	27.45	6.862
<b>1x7</b>	6.06	6.68	5.20	6.37	24.31	6.077
<b>2x4</b>	6.35	6.16	6.56	6.66	25.73	6.432
<b>2x5</b>	7.58	5.33	7.85	7.41	28.17	7.042
<b>2x6</b>	8.66	7.29	8.35	6.75	31.05	7.762
<b>2x7</b>	6.91	6.62	7.02	7.12	27.67	6.917
<b>2x8</b>	7.62	9.41	6.99	7.41	31.43	7.857
<b>3x5</b>	6.99	5.70	6.27	6.75	25.71	6.427
<b>3x6</b>	6.62	5.23	9.16	7.95	28.96	7.240
<b>3x7</b>	6.27	5.83	6.62	6.60	25.32	6.330
<b>3x8</b>	6.87	5.12	7.56	7.73	27.28	6.820

<b>4x6</b>	5.73	4.37	5.20	8.08	23.38	5.845
<b>4x7</b>	6.95	6.66	6.45	6.08	26.14	6.535
<b>4x8</b>	7.70	5.31	7.08	8.33	28.42	7.105
<b>5x7</b>	6.18	5.62	6.14	5.83	23.77	5.942
<b>5x8</b>	6.89	5.75	7.89	8.08	28.61	7.152
<b>6x8</b>	5.77	5.68	8.20	6.83	26.48	6.620
<b>Total</b>	137.79	120.27	142.43	143.04	<b>543.53</b>	<b>135.877</b>

---

**E2.** Definir el formato del Anava general (Cuadro 3).

### Calcular grados de libertad (GL)

En esta sección, **t** es el número de cruzas muestreadas, por lo que **t=ps/2**.

**GL del total = (ps/2)r-1 = 20(4) - 1 = 79; GL Rep = r - 1 = 4 - 1 = 3; GL Cruzas =**

**(ps/2) - 1 = 20 - 1 = 19; GL del error = [(ps/2) - 1](r - 1) = GL Total - GL Rep - GL**

**Cruzas = 57**

### Estimar sumas de cuadrados (SC)

Aquí se introduce la restricción **i<j**. Adicionalmente, **ij ≠ 12, 18, 23, 34, 45, 56, 67 y 78**, que son las cruzas no muestreadas en el dialélico parcial, en el orden de hembra y macho.

$$\text{SC Total} = \sum_{i=1}^p \sum_{j=1}^p \sum_{k=1}^r Y_{ijk}^2 - \frac{Y_{...}^2}{\frac{psr}{2}} = (7.56^2 + 6.62^2 + \dots + 6.83^2) - [(543.53)^2 / 80] = \mathbf{86.9}$$

$$\text{SC Rep} = \frac{\sum_{k=1}^r Y_{..k}^2}{\binom{ps}{2}} - \frac{Y_{...}^2}{\binom{psr}{2}} = \frac{137.79^2 + \dots + 143.04^2}{20} - \frac{543.53^2}{20(4)} = \mathbf{17.07}$$

$$\text{SC Cruzas} = \frac{\sum_{i=1}^p \sum_{j=1}^p Y_{ij}^2}{r} - \frac{Y^2}{\left(\frac{ps}{2}\right)} = \frac{29.17^2 + 27.98^2 + 26.50^2 + \dots + 26.48^2}{4} - \frac{543.53^2}{20(4)} = \mathbf{22.439}$$

$$\text{SC Error} = \text{SC Total} - \text{SC Rep} - \text{SC Cruzas} = 86.898 - 17.07 - 22.439 = \mathbf{47.384}$$

### Determinar cuadrados medios (CM)

$$\text{CM Rep} = \text{SC Rep} / r - 1 = 17.07 / 3 = \mathbf{5.691}; \text{CM Cruzas} = \text{SC Cruzas} / [(ps/2) - 1] = 22.439 / 19 = \mathbf{1.181};$$

$$\text{CM Error} = \text{SC Error} / (r-1)[(ps/2)-1] = 47.384 / 57 = \mathbf{0.8312}$$

### Obtener valores de F calculados

$$\text{F Rep} = \text{CM Rep} / \text{CM Error} = 5.691 / 0.8312 = \mathbf{6.846}$$

$$\text{F Trat} = \text{CM Cruzas} / \text{CM Error} = 1.181 / 0.8312 = \mathbf{1.42}$$

### Concentrar los cálculos anteriores en el formato del Anava general

**Cuadro 3.** Anava general para rendimiento de grano.

Fuente de variación	Grados de libertad	Suma de cuadrados	Cuadrados medios	Valores de F		
				Calculado	Tablas	
					5 %	1 %
Repeticiones	3	17.07	5.69	6.84**	2.78	4.16
Cruzas	19	22.43	1.18	1.42 ns	1.75	2.22
Error	57	47.38	0.83			
Total	79	86.89				

\*\* , altamente significativo (p=0.01); ns, no significativo (p=0.05). CV= 13.4 %

Definición de la matriz circulante  $\underline{\mathbf{A}} = [s\mathbf{I} + \mathbf{N}]$

$$\underline{\mathbf{A}}_{8 \times 8} = \begin{bmatrix} 5 & 0 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 0 \\ 0 & 5 & 0 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 \\ 1 & 0 & 5 & 0 & 1 & 1 & 1 & 1 \\ 1 & 1 & 0 & 5 & 0 & 1 & 1 & 1 \\ 1 & 1 & 1 & 0 & 5 & 0 & 1 & 1 \\ 1 & 1 & 1 & 1 & 0 & 5 & 0 & 1 \\ 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 0 & 5 & 0 \\ 0 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 0 & 5 \end{bmatrix}$$

La suma en cada hilera (r) o columna (c) es:  $\sum_{r=0}^{p-1} \mathbf{a}_r = \sum_{c=0}^{p-1} \mathbf{a}_c = 2\mathbf{s} = 2(5) = 10$

La inversa de  $\underline{\mathbf{A}}$  se obtuvo con una calculadora de matrices (<https://matrixcalc.org.es>). Así:

$$\underline{\mathbf{A}}^{-1}_{8 \times 8} = \begin{bmatrix} 0.238 & 0.027 & -0.029 & -0.044 & -0.047 & -0.044 & -0.029 & 0.027 \\ 0.027 & 0.238 & 0.027 & -0.029 & -0.044 & -0.047 & -0.044 & -0.029 \\ -0.029 & 0.027 & 0.238 & 0.027 & -0.029 & -0.044 & -0.047 & -0.044 \\ -0.044 & -0.029 & 0.027 & 0.238 & 0.027 & -0.029 & -0.044 & -0.047 \\ -0.047 & -0.044 & -0.029 & 0.027 & 0.238 & 0.027 & -0.029 & -0.044 \\ -0.044 & -0.047 & -0.044 & -0.029 & 0.027 & 0.238 & 0.027 & -0.029 \\ -0.029 & -0.044 & -0.047 & -0.044 & -0.029 & 0.027 & 0.238 & 0.027 \\ 0.027 & -0.029 & -0.044 & -0.047 & -0.044 & -0.029 & 0.027 & 0.238 \end{bmatrix}$$

La suma en cada hilera (r) o columna (c) es:  $\sum_{r=0}^{p-1} \mathbf{a}^r = \sum_{c=0}^{p-1} \mathbf{a}^c = \frac{1}{2s} = \frac{1}{2(5)} = 0.1$

Cuando sólo se dispone de una calculadora de escritorio podrían aplicarse las metodologías de Kempthorne y Curnow (1961), Singh y Chaudhary (1985) o Martínez (1991). Para obtener los elementos de la primera hilera de su inversa, Martínez (1991) calculó sus raíces

características cómo:  $\lambda_j = \sum_{l=1}^p b_{1l} \cos\left\{j \left[\frac{2\pi(l-1)}{p}\right]\right\}$ ,  $\mathbf{j} = 1, 2, 3, \dots, p$ . En ésta,  $\lambda_p =$

$$\sum_{l=1}^p b_{1l} = 2\mathbf{s}$$

$$\lambda_1 = b_{11} \cos\left(\frac{2\pi(1-1)}{8}\right) + b_{12} \cos\left(\frac{2\pi(2-1)}{8}\right) + b_{13} \cos\left(\frac{2\pi(3-1)}{8}\right) + b_{14} \cos\left(\frac{2\pi(4-1)}{8}\right) +$$

$$b_{15} \cos\left(\frac{2\pi(5-1)}{8}\right) + b_{16} \cos\left(\frac{2\pi(6-1)}{8}\right) + b_{17} \cos\left(\frac{2\pi(7-1)}{8}\right) \\ + b_{18} \cos\left(\frac{2\pi(8-1)}{8}\right)$$

Las cruzas **1x2** y **1x8** no fueron muestreadas (**b<sub>12</sub>** y **b<sub>18</sub>** = 0) y serán eliminadas de esta fórmula; en **b<sub>11</sub>** su coeficiente es **s=5** y en los **b**'s restantes es **1**; después de reagrupar sus componentes:

$$\lambda_1 = 5 \cos(0) + \cos\left(\frac{\pi}{2}\right) + \cos\left(\frac{3\pi}{4}\right) + \cos(\pi) + \cos\left(\frac{5\pi}{4}\right) + \cos\left(\frac{3\pi}{2}\right)$$

$$= 5 - 0.00000367 - 0.7071 - 1 - 0.7071 + 0.000011 = \mathbf{2.5858}$$

$$\lambda_2 = 5 \cos(0) + \cos(\pi) + \cos\left(\frac{3\pi}{2}\right) + \cos(2\pi) + \cos\left(\frac{5\pi}{2}\right) + \cos(3\pi)$$

$$= 5 - 1 + 0.000011 + 1 - 0.0000183 - 1 = \mathbf{4.0}$$

**Similarmente:  $\lambda_3 = 5.4141$ ;  $\lambda_4 = 6$ ;  $\lambda_5 = 5.4140$ ;  $\lambda_6 = 4$ ;  $\lambda_7 = 2.5857$ ;  $\lambda_8 = 2s = 10.0$**

Kemphorne y Curnow (1961) estimaron las  $\lambda$ 's cómo:

$$\lambda_j = s - \frac{\sin(n-2)\frac{j\pi}{n}}{\sin\frac{j\pi}{n}} = \frac{s[\sin(\frac{j\pi}{n})] - \sin(n-s)(\frac{j\pi}{n})}{\sin(\frac{j\pi}{n})}$$

Dónde: **j=1,2,..., n-1**;  **$\lambda_n = 2s$** , y **s** es el número de cruzas muestreadas por progenitor.

$$\lambda_1 = \frac{5[\sin(\frac{\pi}{8})] - \sin(8-5)(\frac{\pi}{8})}{\sin(\frac{\pi}{8})} = \frac{5[\sin(0.3927)] - \sin(1.1781)}{\sin(0.3927)} = \mathbf{2.5857}$$

$$\lambda_2 = \frac{5[\sin(\frac{2\pi}{8})] - \sin(8-5)(\frac{2\pi}{8})}{\sin(\frac{2\pi}{8})} = \frac{5[\sin(0.7854)] - \sin(2.3562)}{\sin(0.7854)} = \mathbf{4.0}$$

Las  $\lambda$ 's restantes son idénticas a las calculadas con el método de Martínez (1991). Con éstas se obtienen los elementos de la primera hilera de la inversa de la matriz **A**.

$$\mathbf{a}^0 = \left(\frac{1}{n}\right) \left[ \frac{1}{\lambda_1} + \frac{1}{\lambda_2} + \dots + \frac{1}{\lambda_8} \right] = \left(\frac{1}{8}\right) \left[ \frac{1}{2.5857} + \frac{1}{4.0} + \frac{1}{5.4142} + \frac{1}{6.0} + \frac{1}{5.4142} + \frac{1}{4} + \frac{1}{2.5857} + \frac{1}{10.0} \right] =$$

**0.2387**

Los otros elementos de la primera hilera se calculan así:

$$\mathbf{a}^j = \left(\frac{1}{n}\right) \sum_{l=1}^n \frac{1}{\lambda_l} \cos \frac{j(n-l)}{n} (2\pi) \quad \text{En ésta, } j=1,2,\dots,n-1$$

$$\mathbf{a}^1 = \left(\frac{1}{8}\right) \left[ \frac{1}{\lambda_1} \cos \frac{1(8-1)(2\pi)}{8} + \frac{1}{\lambda_2} \cos \frac{1(8-2)(2\pi)}{8} + \frac{1}{\lambda_3} \cos \frac{1(8-3)(2\pi)}{8} + \frac{1}{\lambda_4} \cos \frac{1(8-4)(2\pi)}{8} + \right. \\ \left. \frac{1}{\lambda_5} \cos \frac{1(8-5)(2\pi)}{8} + \frac{1}{\lambda_6} \cos \frac{1(8-6)(2\pi)}{8} + \frac{1}{\lambda_7} \cos \frac{1(8-7)(2\pi)}{8} + \frac{1}{\lambda_8} \cos \frac{1(8-8)(2\pi)}{8} \right]$$

$$= \left(\frac{1}{8}\right) \left[ \frac{1}{\lambda_1} \cos \frac{7\pi}{4} + \frac{1}{\lambda_2} \cos \frac{(3\pi)}{2} + \frac{1}{\lambda_3} \cos \frac{(5\pi)}{4} + \frac{1}{\lambda_4} \cos (\pi) + \frac{1}{\lambda_5} \cos \frac{(3\pi)}{4} + \frac{1}{\lambda_6} \cos \frac{(\pi)}{2} + \right.$$

$$\left. \frac{1}{\lambda_7} \cos \frac{(\pi)}{4} + \frac{1}{\lambda_8} \cos (0) \right] = \left(\frac{1}{8}\right) (0.2734 + 0.00000275 - 0.1306 - 0.1666666 -$$

$$0.1306 - 0.00000092 + 0.27347 + 0.1) = \frac{0.219}{8} = \mathbf{0.027} \quad \text{Este es el valor de la hilera 1,}$$

**columna 2.**

Los otros elementos se calculan similarmente; como la matriz es simétrica y circulante, para obtener los de la siguiente hilera simplemente se desplazan los de la anterior una columna a la derecha. Este procedimiento se repite hasta completar todas las hileras en la inversa de la matriz.

### **Cálculo de la suma corregida de las cruvas muestreadas (Qi)**

El factor de corrección (FCQ) se calcula con las mismas restricciones que para **SC Cruzas**:

$$\mathbf{FCQ} = \frac{2 \sum_{i=1}^p \sum_{j=1}^p \bar{Y}_{ij}}{ps} = \frac{2(135.877)}{8(5)} = \frac{2 \sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^p Y_{ij}}{ps} = \frac{2Y_{...}}{ps} = \frac{2(543.53)}{8(5)} = \mathbf{6.794 \text{ t ha}^{-1}}$$

Las medias corregidas de las 20 cruzas se calculan como la diferencia entre el promedio aritmético de cada una de ellas y FCQ. **Para la craza 1x3 = 7.292 – 6.794 = 0.498.** Los valores restantes se muestran en el cuadro 4.

**Cuadro 4.** Medias aritméticas sin corregir o corregidas (arriba o abajo de la diagonal).

Línea i	Línea j (♂)							
(♀)	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8
P1	-	-	7.292	6.995	6.625	6.862	6.077	-
P2	-	-	-	6.432	7.042	7.762	6.917	7.857
P3	0.498	-	-	-	6.427	7.240	6.330	6.820
P4	0.201	-0.361	-	-	-	5.845	6.535	7.105
P5	-0.168	0.248	-0.366	-	-	-	5.942	7.152
P6	0.068	0.968	0.446	-0.948	-	-	-	6.620
P7	-0.716	0.123	-0.463	-0.258	-0.851	-	-	-
P8	-	1.063	0.026	0.311	0.358	-0.173	-	-

La suma de los  $Q_i$  es cero y éstos se calculan cómo:

$$Q_1 = 1x3 + 1x4 + 1x5 + 1x6 + 1x7 = 0.498 + 0.201 - 0.168 + 0.068 - 0.716 = -0.118$$

$$Q_2 = 2x4 + 2x5 + 2x6 + 2x7 + 2x8 = -0.361 + 0.248 + 0.968 + 0.123 + 1.063 = 2.041$$

$$Q_3 = 0.140; Q_4 = -1.057; Q_5 = -0.781; Q_6 = 0.360; Q_7 = -2.168; Q_8 = 1.585$$

#### Estimación de los efectos de aptitud combinatoria general (ACG)

La estimación de la ACG para cada progenitor ( $g_i$ ) se hace con álgebra de matrices.

$$\underline{A} \underline{G} = \underline{H} \quad \text{Su solución es: } \underline{G} = \underline{A}^{-1} \underline{H}$$



Dónde:  $\underline{\mathbf{A}}^{-1}$  es la inversa de la matriz  $\underline{\mathbf{A}}$ ;  $\underline{\mathbf{H}}$  es un vector columna formado por los valores de las sumas corregidas de las cruza muestreadas ( $\mathbf{Q}_i$ ), y  $\underline{\mathbf{G}}$  es otro vector columna integrado por las estimaciones de  $\mathbf{g}_i$ .

Así:  $\underline{\mathbf{G}}_{8 \times 1} = \underline{\mathbf{A}}^{-1}_{8 \times 8} \underline{\mathbf{H}}_{8 \times 1}$

$$\begin{bmatrix} \mathbf{0.238} & \mathbf{0.027} & -\mathbf{0.029} & -\mathbf{0.044} & -\mathbf{0.047} & -\mathbf{0.044} & -\mathbf{0.029} & \mathbf{0.027} \\ \mathbf{0.027} & \mathbf{0.238} & \mathbf{0.027} & -\mathbf{0.029} & -\mathbf{0.044} & -\mathbf{0.047} & -\mathbf{0.044} & -\mathbf{0.029} \\ -\mathbf{0.029} & \mathbf{0.027} & \mathbf{0.238} & \mathbf{0.027} & -\mathbf{0.029} & -\mathbf{0.044} & -\mathbf{0.047} & -\mathbf{0.044} \\ -\mathbf{0.044} & -\mathbf{0.029} & \mathbf{0.027} & \mathbf{0.238} & \mathbf{0.027} & -\mathbf{0.029} & -\mathbf{0.044} & -\mathbf{0.047} \\ -\mathbf{0.047} & -\mathbf{0.044} & -\mathbf{0.029} & \mathbf{0.027} & \mathbf{0.238} & \mathbf{0.027} & -\mathbf{0.029} & -\mathbf{0.044} \\ -\mathbf{0.044} & -\mathbf{0.047} & -\mathbf{0.044} & -\mathbf{0.029} & \mathbf{0.027} & \mathbf{0.238} & \mathbf{0.027} & -\mathbf{0.029} \\ -\mathbf{0.029} & -\mathbf{0.044} & -\mathbf{0.047} & -\mathbf{0.044} & -\mathbf{0.029} & \mathbf{0.027} & \mathbf{0.238} & \mathbf{0.027} \\ \mathbf{0.027} & -\mathbf{0.029} & -\mathbf{0.044} & -\mathbf{0.047} & -\mathbf{0.044} & -\mathbf{0.029} & \mathbf{0.027} & \mathbf{0.238} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} -\mathbf{0.118} \\ \mathbf{2.041} \\ \mathbf{0.140} \\ -\mathbf{1.057} \\ -\mathbf{0.781} \\ \mathbf{0.360} \\ -\mathbf{2.168} \\ \mathbf{1.585} \end{bmatrix}$$

$$= \begin{bmatrix} \mathbf{0.1977} \\ \mathbf{0.5853} \\ \mathbf{0.1028} \\ -\mathbf{0.3137} \\ -\mathbf{0.3005} \\ -\mathbf{0.1071} \\ -\mathbf{0.4879} \\ \mathbf{0.3236} \end{bmatrix}$$

El valor de  $\mathbf{g}_1$  se obtiene como la sumatoria de los productos de la primera hilera de la inversa de la matriz  $\underline{\mathbf{A}}$  con la única columna de la matriz  $\underline{\mathbf{H}}$ , es decir:

$$\mathbf{g}_1 = [(0.238)(-0.118) + (0.027)(2.041) + (-0.029)(0.114) + \dots + (0.027)(1.585)] = \mathbf{0.1977}$$

También:  $\mathbf{g}_2 = \mathbf{0.5853}$ ;  $\mathbf{g}_3 = \mathbf{0.1028}$ ;  $\mathbf{g}_4 = -\mathbf{0.3137}$ ;  $\mathbf{g}_5 = -\mathbf{0.3005}$ ;  $\mathbf{g}_6 = -\mathbf{0.1071}$ ;  $\mathbf{g}_7 = -\mathbf{0.4879}$ ;

$\mathbf{g}_8 = \mathbf{0.3236}$

### Estimación de valores $\mathbf{S}_{ij}$

Los efectos de aptitud combinatoria específica ( $\mathbf{S}_{ij}$ ) para cada cruza simple se estiman cómo:

$$S_{ij} = \bar{Y}_{ij} - \mu - g_i - g_j$$

Dónde:  $\mu$  es la media aritmética de los  $(ps/2)r$  datos,  $\bar{Y}_{ij}$  es el valor promedio de la cruce entre los progenitores  $i, j$ ,  $g_i, g_j$  son las estimaciones de aptitud combinatoria general de las líneas  $i, j$ . Las restricciones son:  $\sum_{i=1}^p g_i = 0$  y  $\sum_{j=1}^{p-1} S_{ij} = 0$ .

Para las cruces que involucran al **progenitor 1**, se tendrá:

$$S_{13} = \bar{Y}_{13} - \mu - g_1 - g_3 = 7.292 - 6.794 - 0.1977 - 0.1028 = 0.1974$$

$$\text{Similarmente: } S_{14} = 0.3172; S_{15} = -0.066; S_{16} = -0.0223; S_{17} = -0.4265$$

### Cálculo de la SC ACG

La suma de cuadrados entre tratamientos se divide en ACG y ACE; si se conoce el valor de dos de estas tres fuentes de variación en la tabla dialéctica, la tercera se calcula por diferencia.

$$SC\ ACG = r \sum \underline{G}_i' \underline{H}_i$$

Dónde:  $r$  es el número de repeticiones,  $\underline{G}_i'$ , es la transpuesta del vector columna  $8 \times 1$  formada por los valores de  $g_i$  y  $\underline{H}_i$  es el vector columna integrado con los valores de  $Q_i$ ; se multiplica por  $r$  porque en los cálculos se utilizaron promedios aritméticos.

$$SC\ ACG = 4[(0.1977)(-0.118) + (0.5853)(2.041) + \dots + (0.3236)(1.585)] = 13.1370$$

$$SC\ ACE = SC\ Cruzas - SC\ ACG = 22.439 - 13.1370 = 9.3019$$

**Cuadro 5.** Anava con partición de efectos entre cruces en aptitud combinatoria

Fuente de variación	Suma de cuadrados	Cuadrados medios	Valores de F Calculado Tablas

	<b>Grados</b>				<b>5 %</b>	<b>1 %</b>
	<b>de</b>					
	<b>libertad</b>					
Repeticiones	3	17.07	5.69	6.84**	2.78	4.16
<b>Cruzas</b>	<b>(19)</b>	<b>(22.43)</b>	1.18	1.42 ns	1.75	2.22
<b>ACG</b>	<b>7</b>	<b>13.137</b>	<b>1.876</b>	<b>2.25*</b>	<b>2.18</b>	<b>2.98</b>
<b>ACE</b>	<b>12</b>	<b>9.302</b>	<b>0.775</b>	<b>0.93 ns</b>	<b>1.93</b>	<b>2.53</b>
Error	57	47.38	0.83			
Total	79	86.89				

Nota: **GL ACG** =  $p - 1 = 8 - 1 = 7$ ; **GL ACE** =  $GL \text{ Cruzas} - GL \text{ ACG} = 19 - 7 = 12$ .

También, **GL ACE** =  $[p(s-2)/2] = [8(5-2)/2] = 12$ .

Del cuadro anterior puede concluirse que sólo entre repeticiones y entre efectos de aptitud combinatoria general hubo diferencias significativas ( $p=0.05$  y  $p=0.01$ , respectivamente). Estos resultados indican que el bloqueo en el área experimental, establecido en sentido perpendicular al gradiente de heterogeneidad ambiental, fue eficiente. Esto contribuyó a disminuir el error experimental. Con relación al rendimiento de grano de las 20 cruzas muestreadas, en éstas los efectos genéticos aditivos fueron de mayor importancia que los no aditivos (dominancia y/o epistasis), por lo que este grupo de ocho progenitores de maíz podría utilizarse eficientemente en la formación de variedades sintéticas. En las generaciones segregantes ( $F_2$  o superior), provenientes del apareamiento aleatorio entre este grupo de líneas endogámicas, podrían seleccionarse plantas destinadas a la obtención de nuevas y mejores variedades de polinización libre.

### **Estimación de componentes de varianza y heredabilidad**

$$\sigma_e^2 = \text{cuadrado medio del error} = \mathbf{0.8312}$$

$$\sigma_s^2 = (\text{CM de ACE} - \text{CM del error}) / r = (0.7751 - 0.8312) / 4 = \mathbf{-0.014}$$

$$\sigma_g^2 = (p-1)(\text{CM ACG} - \text{CM ACE}) / rs(p-2) = 7(1.8767 - 0.7751) / 4(5)(6) = \mathbf{0.0642}$$

La varianza promedio para calcular las diferencias entre dos valores de  $g_i$  estimados se

$$\text{calcula cómo: } \mathbf{VM} (g_i - g_j) = 2 \left\{ \frac{pa^\circ}{p-1} - \frac{1}{2s(p-1)} \right\} (\sigma_s^2 + \frac{\sigma_e^2}{r}) = 2 \left\{ \frac{8(0.238)}{7} - \frac{1}{2(5)(7)} \right\} (-0.014 + \frac{0.8312}{4})$$

$$= 2(0.272 - 0.014286) (0.1938) = \mathbf{0.0998}$$

$$\text{Y su error estándar es: } \mathbf{E.E} (g_i - g_j) = \sqrt{\mathbf{VM} (g_i - g_j)} = \sqrt{\mathbf{0.0998}} = \mathbf{0.3159}$$

La equivalencia entre las varianzas calculadas previamente y las aditivas y de dominancia se establece cuando se asume que el coeficiente de endogamia, es igual a uno, debido a que las líneas usadas en el dialélico parcial son endogámicas ( $S_7$ ). Entonces:

$$\sigma_A^2 = 2 \sigma_g^2 = 2(0.0642) = \mathbf{0.1284}; \sigma_D^2 = \sigma_s^2 = \mathbf{-0.014}$$

$$\text{La varianza genética total, } \sigma_G^2, \text{ se estima cómo: } \sigma_G^2 = \sigma_A^2 + \sigma_D^2 = 0.1284 - 0.014 = \mathbf{0.1144}$$

La heredabilidad en sentido amplio,  $H^2$ , se estima cómo:

$$\mathbf{H^2} = \mathbf{100} (\sigma_G^2 / \sigma_F^2) = 100 (0.1144/0.3222) = \mathbf{35.5 \%}$$
, donde  $\sigma_F^2$  es la varianza fenotípica.

$$\sigma_F^2 = 2 \sigma_g^2 + \sigma_s^2 + (\sigma_e^2 / r) = 0.1284 - 0.014 + 0.2078 = \mathbf{0.3222}$$

La heredabilidad en sentido estrecho,  $h^2$ , se estima cómo:

$$\mathbf{h^2} = \mathbf{100} (\sigma_A^2 / \sigma_F^2) = 100 (0.1284/0.3222) = \mathbf{39.85 \%}$$

La estimación negativa de la varianza de aptitud combinatoria específica (efectos genéticos no aditivos) sugiere que hubo una subestimación en la heredabilidad en sentido amplio (35.5 %) comparativamente con la estimación de la heredabilidad en sentido estrecho (39.85 %). El valor de  $h^2$  sugiere que la variabilidad fenotípica total medida en las 20 cruzas simples de maíz está relacionada con genes aditivos que determinan el rendimiento de grano. En este contexto se asume que el 39.8 % de la variabilidad fenotípica total estimada en esta variable cuantitativa se atribuye a las diferencias que existen entre los progenitores endogámicos, cuyos efectos predominantes son aditivos.

### Resultados obtenidos con OPSTAT

Character 1

#### ANALYSIS OF VARIANCE TABLE FOR RBD

Source of Variation	DF	Sum of Squares	Mean Squares	F-Calculated	Significance
Replications	3	17.074			
<b>Treatments</b>	<b>19</b>	<b>22.438</b>	<b>1.181</b>	<b>1.421</b>	<b>0.15415</b>
Error	57	47.385	0.831		
Total	79	86.897			

#### MEAN AND STANDARD ERROR TABLE

Cross	Mean	Standard Error
1 X 3	7.293	1.665
1 X 4	6.995	0.272
1 X 5	6.625	0.480
1 X 6	6.863	1.191
1 X 7	6.077	0.552
2 X 4	6.433	0.193
2 X 5	7.043	1.001
2 X 6	7.763	0.774
2 X 7	6.918	0.187
2 X 8	7.858	0.925
3 X 5	6.428	0.494
3 X 6	7.240	1.468
3 X 7	6.330	0.320
3 X 8	6.820	1.033
4 X 6	5.845	1.378
4 X 7	6.535	0.317
4 X 8	7.105	1.127
5 X 7	5.943	0.230
5 X 8	7.153	0.927
6 X 8	6.620	1.018

**Nota de los autores:** los errores estándar de la tabla anterior corresponden a  $\sqrt{\sigma_{ij}^2}$

G.C.A effect are

0.198	0.586	0.103	-0.314	-0.300	-0.107	-0.488	0.324
-------	-------	-------	--------	--------	--------	--------	-------

**COMBINING ABILITY ANALYSIS**

Source of Variation	DF	Sum of Squares	Mean Squares	F-Calculated	Significance
Replications	3	17.074	5.691		
Crosses	19	22.438	1.181	1.421	0.15415
Due to GCA	7	13.142	1.877	2.258*	0.04230
Due to SCA	12	9.296	0.775	0.932	0.52237
Error	57	47.385	0.831		
Total	79	86.897			

**Estimation of Component of Variances**

SIGMASQ-G	0.064
SIGMASQ-S	-0.014
SIGMASQ-A	0.129
SIGMASQ-D	-0.014
Average variance(gi-gj)	0.100
S.E.(gi-gj) (E.E.)	0.316

**Nota de los autores:** la equivalencia entre las varianzas reportadas en el cuadro anterior, con las de la sección de estimación de heredabilidades, es  $\sigma^2_g$ ,  $\sigma^2_s$ ,  $\sigma^2_A$ ,  $\sigma^2_D$ , VM, respectivamente.

Heritability (Narrow Sense) = **1.12**

## **Conclusiones**

La obtención de la inversa de la matriz **A** es muy laboriosa cuando se utiliza una calculadora de escritorio, pero la estimación de sus raíces características,  $\lambda$ 's, se simplifica cuando se aplica el método de Kempthorne y Curnow (1961), en comparación con el de Martínez (1991), y ambos conducen a resultados similares; con éstas, también es más fácil estimar los elementos de su primera hilera. Como la matriz  $\mathbf{A}^{-1}$  es simétrica y circulante, los elementos de la segunda hilera se obtienen desplazando los de la primera a la siguiente columna y, así sucesivamente. Si no es posible el uso de software, ambas metodologías serán de gran utilidad. Adicionalmente, se observó que hay pocos paquetes estadísticos para el análisis de un dialélico incompleto que estén disponibles gratuitamente. El software **Opstat** analiza experimentos en un solo ambiente; éste verificó fácil, rápida y confiablemente los análisis obtenidos con la calculadora de escritorio, incluidos la varianza promedio y los errores estándar para cualquier contraste de  $\mathbf{g}_i$  con  $\mathbf{g}_j$ . Si se ignora  $\mathbf{S}_{ij}$  en el modelo genético, se puede estimar el potencial de producción de las cruzas simples usando los dos métodos de Kempthorne y Curnow (1961). Como la varianza de dominancia fue negativa el software estimó  $\mathbf{h}^2$  incorrectamente.

## **Bibliografía citada**



- Chaudhary, B. D., Kakar, S.N., Singh, R.K. 1977. Comparison of diallel and its modifications. *Silvae Genetica* 26: 61-120.
- Fyfe, J. L., Gilbert, N. 1963. Partial Diallel Crosses. *Biometrics* 19: 278-286.
- Griffing, B. 1956. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Aust. J. Biol. Sci.* 9:463-493.
- Gomez, K., A., Gomez, A. A. 1984. *Statistical Procedures for Agricultural Research*. 2nd Edition. John Wiley and Sons, Inc. Singapore. 690 pp.
- González, H., A., Sahagún, C., J., Pérez, L., D.J. 2007. Estudio de ocho líneas de maíz en un experimento dialélico incompleto. *Revista Ciencias Agrícolas Informa* 16(1):3-9.
- Hinkelmann, K., Stern, K. 1960. Kreuzungspläne zur selektionszüchtung bei Waldbäumen. *Silvae Genetica* 9: 121-133.
- Kempthorne, O., Curnow, R., N. 1961. The partial diallel cross. *Biometrics* 17: 229-250.
- Martínez, G. A. 1991. Análisis de los Experimentos Dialélicos a través del Procedimiento IML de SAS. Colegio de Postgraduados, Chapingo, estado de México. *Comunicaciones en Estadística y Cómputo*. Centro de Estadística y Cálculo Vol. 10(2): 1-36.
- Martínez, G., A. 1998. *Diseños Experimentales: métodos y elementos de teoría*. Editorial Trillas, México, D. F., 756 p.
- Murthy, B. R., Arunachalam, V., Anand, I.J. 1966. Diallel and partial diallel analysis of some yield factors in *Linum usitatissimum*. *Heredity* 22: 35-41.

- Pérez, L., D.J., Franco, M., J.R.P., Gutiérrez, R., F., Hernández, A., J., Balbuena, M., A., González, H., A. 2021. Diseño de experimentos factoriales 2<sup>n</sup> para su análisis con InfoStat e InfoGen. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas* 12(6): 1087-1099.
- Rojas, M., B. A. 1973. Design and analysis of diallel crosses. Department of Experimental Statistics. New Mexico State University. 14 p.
- Saavedra, G., C., Pérez, L., D.J., González, H., A., Franco, M., J.R.P., Rubí, A., M., Ramírez, D., J. F. 2021. Métodos de Griffing: revisión sobre su importancia y aplicación en fitomejoramiento convencional. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas* 12(7): 1275-1286.
- Singh, R. K., Chaudhary, B. D. 1985. *Biometrical Methods in Quantitative Genetic Analysis*. Revised Edition 1985. Kalyani Publishers. New Delhi-Ludhiana, Printed in India, 318 p.
- Sheoran, O.P., Tonk, D.S., Kaushik, L.S., Hasija, R. C., Pannu, R. S. 1998. *Statistical Software Package for Agricultural Research Workers*. Recent Advances in Information Theory, Statistics and Computer Application by D. S. Hooda and R. C. Hasija Department of Mathematics Statistics, CCS HAU, Hisar (139-143; <https://14.139.232.166/opstat>).



Artículo 2:

## **DISEÑO DE UNA CRUZA DIALÉLICA PARCIAL SIMÉTRICA EN MAÍZ CACAHUACINTLE**

Gerardo Jasso Bobadilla<sup>1§</sup>, Andrés González Huerta<sup>2</sup>, Delfina de Jesús Pérez López<sup>2</sup>, J. Ramón Pascual Franco Martínez<sup>2</sup>, Jaime Mejía Carranza<sup>3</sup>, José Francisco Ramírez Dávila<sup>2</sup>, Francisco Gutiérrez Rodríguez<sup>2</sup>, y Rodolfo Serrato Cuevas<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Programa de Doctorado en Ciencias Agropecuarias y Recursos Naturales, Universidad Autónoma del Estado de México (UAEMéx), Facultad de Ciencias Agrícolas, Campus Universitario “El Cerrillo”, Toluca, estado de México, México. Tel. +52 (722) 2965552 Ext. 117 ([pcarn@uaemex.mx](mailto:pcarn@uaemex.mx)).<sup>2</sup> Centro de Investigación y Estudios Avanzados en Fitomejoramiento (C.I.E.A.F.). Facultad de Ciencias Agrícolas. UAEMéx. Apdo. Postal 435. Tel: +52 (722) 2965518 Ext. 148.<sup>3</sup>Centro Universitario Tenancingo, UAEMéx. Carretera Tenancingo-Villa Guerrero km 1.5. CP 52400. Tel: +52 7141407724. Tenancingo, estado de México, México. ([agonzalezh@uaemex.mx](mailto:agonzalezh@uaemex.mx), Orcid id 0000 0001 6055 7597; [djperezl@uaemex.mx](mailto:djperezl@uaemex.mx), Orcid id 0000 0003 1621 5690; [jfrancom@uaemex.mx](mailto:jfrancom@uaemex.mx)), Orcid id 0009 0002 2139 6203); [jmejiac@uaemex.mx](mailto:jmejiac@uaemex.mx), Orcid id 0000-0003-3876-0788; [jframirezd@uaemex.mx](mailto:jframirezd@uaemex.mx), Orcid id 0000 0002-8625-4655; [fgutierrezr@uaemex.mx](mailto:fgutierrezr@uaemex.mx), Orcid id 0000-0003-1464-0976; [rserratoc@uaemex.mx](mailto:rserratoc@uaemex.mx), Orcid id 0000-0002-5639-4542.

§ Autor para correspondencia: [gjassob105@alumno.uaemex.mx](mailto:gjassob105@alumno.uaemex.mx); Orcid id 0009 0001 8357 0660.

## **Resumen**

Las cruzas dialélicas son una herramienta muy importante en el mejoramiento genético vegetal y animal. Se han usado para estimar el potencial de producción de cruzas simples, al obtener los parámetros genéticos de los componentes del rendimiento de los progenitores que integran una craza. Esta información es útil ya que permite elegir las mejores líneas endogámicas para formar un híbrido de dos o más progenitores. Para un experimento de cruzas dialélicas completas hay  $p^2$  combinaciones genéticas posibles que incluyen progenitores ( $i=j$ ),  $p(p-1)/2$  cruzas directas (CD;  $i<j$ ) y  $p(p-1)/2$  cruzas recíprocas (CR;  $i>j$ ) siendo impráctico al haber un incremento en el número de progenitores, lo que genera un mayor gasto en tiempo y recursos. Por lo que se diseñó un muestreo para un subconjunto de cruzamientos a partir del método 4 de Griffing, describiéndose una técnica para un dialélico incompleto generada con la metodología que proponen Kempthorne y Curnow formando 40 cruzamientos que se obtendrán a partir de la siembra de 16 variedades criollas de la raza cacahuacintle en un lote de cruzamiento dividido en bloques incompletos al azar establecido siguiendo el paquete tecnológico de los productores de la zona de Calimaya de Díaz González así como el manejo agrónomico al mismo. El análisis y discusión de este experimento será abordado con algún paquete estadístico como SAS, OPSTAT y GENES con alguna modificación en su código que permita el análisis para al menos un experimento.

**Palabras clave:** parámetros genéticos, dialélico incompleto, paquete tecnológico, manejo agrónomico.

## **Abstract**

Diallel crosses are a very important tool in plant and animal breeding. They have been used to estimate the production potential of simple crosses, by obtaining genetic parameters of yield components of the progenitors that make up a cross. This information is useful because it allows to choose the best endogamic lines to make up a hybrid between two or more parents. For a complete diallel cross experiment there are  $p^2$  possible genetic combinations that include progenitors ( $i=j$ ),  $p(p-1)/2$  direct crosses (CD;  $i<j$ ) and  $p(p-1)/2$  reciprocal crosses (CR;  $i>j$ ) thus being impractical when there is an increment in the number of progenitors, because it involves more time and resources. Hence, a sampling plan was designed for a subset of crossings using Griffing's method 4. A technique for an incomplete diallel cross is described using the methodology proposed by Kempthorne and Curnow. 40 crosses will be obtained from 16 creole varieties of cacahuacintle breed sowed in a crossing plot divided in random incomplete blocks, established following the technological package and agricultural management of the farmers in the Calimaya of Diaz Gonzalez area. The analysis and discussion of the experiment will be approached with some statistical package such as SAS, OPSTAT and GENES with a modification that allows the analysis for at least one experiment.

## **Keywords:**

Genetic parameters, incomplete diallelic, technological package, agronomic management.

## **Marco bibliográfico**

Como ha sido mostrado en Saavedra *et al.* (2021), desde la década de los 1940's la cruce dialélica (**CD**), compuesta de todos los apareamientos simples que se pueden formar con un

grupo de progenitores, se ha convertido en un plan común de investigación para el mejoramiento genético en plantas y animales. Su uso inició con el desarrollo de los conceptos de aptitud combinatoria general y específica (**ACG** y **ACE**, respectivamente), acuñados por Sprague y Tatum (1942). La **CD** es empleada para estimar los componentes genéticos de la variación que existe entre los rendimientos de las cruzas que la conforman (Hayman, 1954 a, b; Jinks y Hayman, 1953; Griffing, 1956 a, b; Kempthorne, 1956, 1957).

La **CD** también se ha utilizado para estimar el potencial de producción en cruzas simples formadas con **n** materiales genéticos. Esta información podría utilizarse para elegir las mejores líneas endogámicas que permitan formar un híbrido de dos, tres, cuatro o más progenitores. Aun cuando en la mayoría de los experimentos conducidos con **CD** no han sido estimados los efectos maternos, podrían incluirse las cruzas recíprocas para realizar su estimación. Las grandes interrogantes que surgieron con relación al diseño y al análisis de una **CD** a través de los años y/o localidades, también denominados ambientes de evaluación, no fue posible resolverlas hasta que Singh (1972 a, b) desarrolló los procedimientos genético-estadísticos apropiados para su estimación en múltiples ambientes.

Sin cruzas recíprocas, que son las que resultarían de la autofecundación o del apareamiento realizado entre plantas de la misma línea, hay  $n(n-1) / 2$  cruzas diferentes que se pueden formar con esos **n** progenitores. Este número se incrementará significativamente al incluir más progenitores en el experimento de **CD**; con **n**= 10, 20 ó 30 habrá 45, 190 ó 435 cruzas entre dos líneas. Con restricciones económicas para evaluar las **CD** en varios ambientes, formados por la combinación de años, localidades o ambos, sólo será posible incluir pocos cruzamientos pero la estimación de la varianza de **ACG** relacionada con la población

formada con todas las líneas endogámicas disponibles estará sujeta a un mayor error de muestreo y muchas líneas con mayor potencial podrían no ser evaluadas. En este contexto sería más deseable considerar otro diseño genético que incluya más progenitores pero que permita muestrear sólo a un subconjunto de ellos, sin pérdida de eficiencia; la recomendación sería utilizar cruza x probador, para la formación de mestizos, o un dialélico incompleto.

En un experimento de cruzas dialélicas completo hay  $p^2$  combinaciones genéticas que incluyen  $p$  progenitores ( $i=j$ ),  $p(p-1)/2$  cruzas directas (**CD**;  $i<j$ ), y  $p(p-1)/2$  cruzas recíprocas (**CR**;  $i>j$ ) (Griffing, 1956). Este diseño ha sido ampliamente utilizado en fitomejoramiento (Saavedra *et al.*, 2021) pero es impráctico cuando  $p$  aumenta debido a que **CD** y **CR** también se incrementan. Una situación similar se presentó cuando se diseñaron experimentos  $2^H$ , con  $H$  variando de 2 a 8, para ser analizados con InfoStat e InfoGen, pero si  $H=8$  habrá 256 tratamientos y 247 interacciones. Para ahorrar tiempo y recursos podría diseñarse un experimento factorial fraccionado que incluya sólo a un subconjunto de éstos (Pérez *et al.*, 2021). Si 13 progenitores, 78 **CD** y 78 **CR** serán estudiados, aun para los diseños experimentales en Látice rectangular habría serias limitantes (González *et al.*, 2007).

Cochran y Cox (1958), Gomez y Gomez (1984), y Martínez (1998), entre otros, mostraron los planes básicos para látice balanceado y parcialmente balanceado; se podrían aleatorizar hasta 144 tratamientos en un látice triple 12 x 12. Si en un ambiente se evalúa maíz (*Zea mays* L.) de la raza Cacahuacintle, en tres repeticiones, con parcelas de tres surcos de 5.0 m de longitud, cada hilera distanciada a 0.80 m, para evaluar esos 144 tratamientos serían necesarios casi 6 500 m<sup>2</sup> (repeticiones separadas a 2.0 m y bloques incompletos separados a 1.5 m). Este problema será mayor al considerar varios años, localidades o combinaciones de



éstos. En el otro extremo, con cuatro progenitores, las estimaciones de aptitud combinatoria general serán sesgadas debido al pequeño tamaño de muestra utilizando.

La cruce dialéctica parcial (**CDP**) fue sugerida por G. W. Brown en 1948 y fue usada por primera vez en la Universidad Estatal de Iowa, en los Estados Unidos de Norteamérica (Jensen, 1959). En ésta, el mejorador asume que puede manejar  $ns/2$  apareamientos, donde  $n$  y  $s$  son el número de progenitores y de veces que cada uno de éstos es considerado en el plan de cruzamientos, pero si  $n$  es par  $s$  debe ser non y viceversa. Hinkelmann y Stern (1960), Kempthorne y Curnow (1961), Fyfe y Gilbert (1963), y Rojas (1973), entre otros, diseñaron metodologías para muestreo y análisis de un dialéctico parcial en un diseño experimental de bloques completos al azar (**DBCA**). Kempthorne y Curnow (1961) describieron una técnica dialéctica incompleta a partir del método 4 de Griffing (1956); la precisión con la que se estiman los parámetros de interés para el fitomejorador depende de  $n$  y  $s$ . Murthy *et al.* (1966) y Chaudhary *et al.* (1977) precisaron que el sesgo es mayor cuando  $s$  es menor que  $p/2$ ; con  $s = p - 1$  se tendrá el método 4 de Griffing (1956).

### **Introducción al muestreo de las cruces**

El número de cruces que serían muestreadas se calcula considerando  $p$ ,  $s$ , y  $k$ . Los dos primeros fueron definidos previamente y  $k$ , un número entero, se calcula cómo:

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

Los  $p$  progenitores, aleatorizados y numerados consecutivamente, generarán las cruces:

Progenitor 1 x progenitor  $k + 1, k + 2, k + 3, \dots, k + s$

Progenitor 2 x progenitor  $k + 2, k + 3, k + 4, \dots, k + 1 + s$

, ... ,

Progenitor  $p$  x progenitor  $k + p, k + p + 1, \dots, k + p - 1 + s$

Como ejemplo preliminar, si un fitomejorador dispone de ocho variedades criollas de maíz de la raza Cacahuacintle, que en lo sucesivo serán denominadas variedades de Cacahuacintle y, además,  $s = 5$  y  $k = 2$ , las 20 cruzas por muestrear serán:

Variedad 1 x variedades  $2+1, 2+2, 2+3, 2+4, 2+5 = 1x3, 1x4, 1x5, 1x6, 1x7$ .

Variedad 2 x variedades  $2+2, 2+3, 2+4, 2+5, 2+6 = 2x4, 2x5, 2x6, 2x7, 2x8$ .

Variedad 3 x variedades  $2+3, 2+4, 2+5, 2+6, 2+7 = 3x5, 3x6, 3x7, 3x8$ .

Variedad 4 x variedades  $2+4, 2+5, 2+6, 2+7, 2+8 = 4x6, 4x7, 4x8$ .

Variedad 5 x variedades  $2+5, 2+6, 2+7, 2+8, 2+9 = 5x7, 5x8$ .

Variedad 6 x variedades  $2+6, 2+7, 2+8, 2+9, 2+10 = 6x8$ .

La variedad hembra identificada como 7 se cruzaría con los machos  $2+7, 2+8, 2+9, 2+10$  y  $2+11$ , como éstas son mayores que  $p$  se aplican múltiplos de 8 y se obtendrían las cruzas:  $7x(9-8) = 7x1$ ;  $7x(10-8) = 7x2$ ;  $7x(11-8) = 7x3$ ;  $7x(12-8) = 7x4$ ;  $7x(13-8) = 7x5$ . Sin embargo, éstas se eliminan por ser **CR**. Este mismo criterio se aplica para las cruzas formadas con la variedad 8 (Cuadro 1).

**Cuadro 1. Las 20 cruzas que serían formadas si  $p=8$ ,  $s=5$ , y  $k=2$ .**

Variedad	Variedad j (♂)							
i (♀)	V1	V2	V3	V4	V5	V6	V7	V8
V1	0	0	1	1	1	1	1	0
V2	0	0	0	1	1	1	1	1
V3	1	0	0	0	1	1	1	1
V4	1	1	0	0	0	1	1	1
V5	1	1	1	0	0	0	1	1
V6	1	1	1	1	0	0	0	1
V7	1	1	1	1	1	0	0	0
V8	0	1	1	1	1	1	0	0

$a_{ij}=1$  ó  $a_{ij}=0$  si la cruce  $ixj$  es o no muestreada, respectivamente. También se indican **CR**.

Este tipo de metodologías también están relacionadas con los diseños circulantes que fueron discutidos por Kemthorne (1953); en éstos, cuando se han calculado los valores para la primera hilera de la matriz circulante, la siguiente hilera se genera simplemente desplazando esos valores a la siguiente columna (Jasso *et al.*, 2022).

### Aspectos metodológicos relevantes

#### Modelos genético-estadísticos

Para la evaluación de un dialélico completo se utilizan dos tipos de modelos: los estadísticos, que permiten determinar cuanta variabilidad existe entre familias, y los genéticos, que

contribuyen al fraccionamiento de la variabilidad que existe entre éstas, en efectos o varianzas de aptitud combinatoria, así como en el tipo de acción génica predominante en el material evaluado. En ambos modelos frecuentemente se incluyen familias de autohermanos, medios hermanos y hermanos completos (Saavedra *et al.*, 2020).

El modelo estadístico para analizar un diseño experimental de bloques completos al azar (DBCA) es:

$$Y_{ij} = \mu + \tau_i + \beta_j + \varepsilon_{ij}$$

Dónde:  $\mu$  es la media aritmética de los  $tr$  datos,  $\tau_i$  es el efecto del  $i$ -ésimo tratamiento,  $\beta_j$  es la contribución de la  $j$ -ésima repetición, y  $\varepsilon_{ij}$  es el error experimental o residual del modelo.  $\tau_i$  corresponderá a las cruzas formadas con las  $n$  líneas endogámicas de la raza Cónico (Jasso *et al.*, 2022) o con las  $p$  variedades de polinización libre de Cacahuacintle que son consideradas en esta propuesta.

El modelo genético para analizar variables cuantitativas en un ensayo de cruzas dialélicas parciales en un DBCA es (Kempthorne y Curnow, 1961):

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

Dónde:  $\mu$ ,  $\beta_k$ ,  $\varepsilon_{ijk}$  se definieron previamente;  $g_i$  y  $g_j$ , son efectos de aptitud combinatoria general causados por ambos progenitores;  $S_{ij}$  son los efectos no aditivos vinculados a la aptitud combinatoria específica de la craza formada por los padres  $i$ ,  $j$ . En este modelo se asume que  $g_i$ ,  $S_{ij}$ , y  $\varepsilon_{ijk}$  se distribuyen normal e independientemente, con media cero y varianzas  $\sigma^2_g$ ,  $\sigma^2_s$ , y  $\sigma^2_e$ , respectivamente. También se considera que cada variable analizada, como el rendimiento de grano o elote en maíz de la raza Cacahuacintle, en la craza

identificada como  $ixj$ , consiste de un efecto de ésta, un efecto de la repetición, un error asociado a desviaciones aleatorias entre parcelas y, si la hubiera, al causado por segregación genética dentro de cada cruce. En el modelo anterior, el efecto general causado por los tratamientos,  $T_{ij}$ , es igual a  $T_{ij} = g_i + g_j + S_{ij}$ , y la interacción de éstos con las repeticiones es igual al error experimental, cuando no hay epistasis.

Con relación a la estructura genética vinculada a un dialélico incompleto, las progenies de la misma cruce son clasificados como hermanos completos y las de cruces diferentes con un progenitor común son medios hermanos. Si las líneas o los progenitores son una muestra aleatoria de una población grande, el efecto que se origine en cada cruce puede representarse cómo:

$$T_{ij} = g_i + g_j + S_{ij}$$

Además:

$$\sigma_g^2 = \text{Cov (H.S.)}$$

$$\sigma_s^2 = \text{Cov (F.S.)} - 2 \text{Cov (H.S.)}$$

Dónde: H.S., y F. S., son las covarianzas entre medios hermanos y hermanos completos, respectivamente. Si la población de referencia manifiesta apareamiento aleatorio, no es endogámica y existe ausencia de ligamiento factorial (Kempthorne y Curnow, 1961):

$$\text{Cov (H.S.)} = (1/4) \sigma_A^2 + (1/16) \sigma_{AA}^2 + \dots,$$

$$\text{Cov (F.S.)} = (1/2) \sigma_A^2 + (1/4) \sigma_D^2 + (1/4) \sigma_{AA}^2 + \dots,$$

En estas covarianzas, sus componentes principales son varianzas aditivas, aditiva x aditiva y dominante.

Con  $F=0$ :

$$\sigma_g^2 = (1/4) \sigma_A^2 + (1/16) \sigma_{AA}^2 + \dots,$$

$$\sigma_s^2 = (1/4) \sigma_D^2 + (1/8) \sigma_{AA}^2 + \dots,$$

En ausencia de epistasis, la proporción de la varianza aditiva con relación a la genética es:

$$\sigma_g^2 / (\sigma_g^2 + \sigma_s^2)$$

El grado de dominancia promedio es:

$$(2\sigma_s^2 / \sigma_g^2)^{(1/2)}$$

Si  $F=0$ , la varianza del error ( $\sigma_e^2$ ) tendrá una componente debida a variabilidad genética dentro de cruzas; será igual a la varianza genética total menos la covarianza de hermanos completos. Esta última será igual a cero sólo si  $F$ , el coeficiente de endogamia, es igual a uno ( $F=1$ ). La variabilidad ambiental relacionada con  $\epsilon_{ijk}$  consistirá de la que exista entre parcelas y entre plantas y, la competencia entre y dentro de éstas últimas, también deberá considerarse en el modelo genético. El uso de submuestreo dentro de las unidades experimentales será de gran utilidad para determinar el error muestral (González et al., 2023), que es una de las componentes del modelo genético que permitiría probar con mayor precisión los efectos y/o varianzas de ACG y ACE.

## **Establecimiento del experimento en campo**

### **Descripción del área de estudio**

Este estudio podría realizarse en el año 2024 en un terreno de un agricultor cooperante del municipio de Calimaya de Díaz González, situado a 17 km de la capital mexiquense. Sus colindancias con otros municipios son: al norte con Toluca, al sur con Tenango del Valle, al oriente con Mexicatzingo y Santa María Rayón y al poniente con el volcán Xinantecatl. La cabecera municipal se localiza a 19°09'30'' de latitud norte y 99°37'17'' de longitud oeste del meridiano de Greenwich, a 2650 metros sobre el nivel del mar (msnm). Su clima predominante es templado subhúmedo con tendencia al frío, con temperatura media anual de 12,8°C, mínima y máxima de -4.0 y 26°C, respectivamente. Sus suelos son sueltos (tipo andosol), encontrándose desde el arcillo limoso hasta los franco-arenoso y arenoso, éstos últimos formados por el arrastre de materiales sedimentados hacia las partes más bajas, problema que las lluvias originan durante la época de máxima precipitación, cuyo cauce se originó en las partes altas aledañas al volcán Xinantecatl y que ha contribuido al aumento de la superficie erosionada. Los suelos son muy friables, derivados de cenizas volcánicas, pH ácido (entre 3.8 y 6.0) y descansa sobre un sustrato volcánico de pumicita suelta (tepojal) que se encuentra entre 40 y 100 cm, con condiciones particularmente benignas para el control natural de patógenos, especialmente pudriciones de mazorca y grano causadas por *Fusarium* spp. También se ha observado que las condiciones climatológicas frías del periodo invernal causan ausencia de plagas insectiles de los granos almacenados que afectan con mayor rapidez a los granos de textura suave y amilácea, como los de Cacahuacintle (Ramos y Gerón, 1998; Tarango, 1997; González et al., 1999; González et al., 2006).

## Material biológico

Como progenitores serán consideradas 16 variedades criollas de maíz Cacahuacintle, las cuales podrían colectarse durante el invierno del 2024 y 2025 (diciembre-enero), en las localidades de Zaragoza de Guadalupe, San Marcos de la Cruz, San Lorenzo Cuauhtenco, Santa María Nativitas y Cabecera Municipal. Estas colectas serían elegidas aleatoriamente de un padrón de 30 agricultores cooperantes, quienes han participado voluntariamente en la realización de otros estudios en este municipio (González *et al.*, 2006; Jasso *et al.*, 2019).

Las variedades criollas serían donadas por los agricultores cooperantes que se muestran en el Cuadro 2.

**Cuadro 2. Relación de agricultores cooperantes**

Municipio de Calimaya de Díaz González	
Nombre	Localidad
Leobardo Jasso	Cabecera municipal
Miguel Romero	Cabecera municipal
Cosme Mendoza	Cabecera municipal
Esteban López	Cabecera municipal
Isaac Carmona	San Marcos de la Cruz
Pablo Bobadilla	San Marcos de la Cruz
Miguel Estévez	San Marcos de la Cruz
Federico Colín	San Lorenzo Cuauhtenco
Ubaldo Colín	San Lorenzo Cuauhtenco
Raúl Guadarrama	San Lorenzo Cuauhtenco



Ascensión Esquivel	Santa María Nativitas
Melitón Muciño	Santa María Nativitas
Pascual Rosales	Santa María Nativitas
Ariel Colín	Zaragoza de Guadalupe
Carmelo Delgado	Zaragoza de Guadalupe
Cupertino Delgado	Zaragoza de Guadalupe

### **Diseño genético**

Las cruzas intervarietales serán generadas con la metodología propuesta por Kemthorne y Curnow (1961), para un dialélico incompleto simétrico sin apareamientos recíprocos. Con  $n = p = 16$ ,  $s = 5$  y  $k=6$ , se formarían 40 cruzas (Cuadro A). Adicionalmente, se diseña otra opción con  $n=15$  y  $s=4$  para generar 30 cruzas (Cuadro B); en ambos cuadros se incluyen sus cruzas recíprocas, previendo algún problema para generar los cruzamientos directos.

Para asegurar 2.0 kg de semilla en cada cruce se realizarán 40 polinizaciones; se estima una pérdida de 10 mazorcas en cada apareamiento y que cada mazorca cosechada rendirá 80 g de semilla de buena calidad.

### **Fecha de siembra**

Para garantizar que todos los cruzamientos planificados sean realizables, se establecerán en un mismo terreno dos lotes de polinización. Con base en la disponibilidad de humedad residual en los suelos para esa región, las fechas propuestas serían entre 1 y 10, y 11 y 20 de abril del 2024, aislado de otros predios donde se establezca este u otro tipo de maíz.

### **Distribución de las variedades en campo**

En la Figura 1 se muestra la aleatorización de las 16 variedades progenitoras de Cacahuacintle para la fecha 1. En el lote habrá 16 parcelas trazadas en dos bloques incompletos, con ocho variedades dentro de cada uno. Cada parcela estará conformada por ocho hileras de 10.0 m de longitud, distanciados cada una a 0.80 m. Los bloques incompletos estarán separados a 2.0 m y el ancho de cada uno de éstos será de 52.0 m. En los extremos de ambos lotes se sembrará maíz Cacahuacintle a 83 333 plantas por ha (distancia entre plantas igual a 15 cm), dejando 4.0 m a la izquierda y a la derecha y 6.0 m en las partes superior e inferior. Con estas medidas la dimensión aproximada de cada lote de cruzamientos será de 3600 m<sup>2</sup>. La fecha 2 se aleatorizará de manera independiente a la fecha 1. Se utilizará rafia para delimitar ambos bloques dentro de cada fecha de siembra; en sus extremos será colocada una estaca de madera de 60 cm de altura. Con cal agrícola se delimitará su perímetro, el área que corresponda a cada progenitor, y a los bloques incompletos.

<b>Fecha 1</b>							
101	102	103	104	105	106	107	108
<b>C1</b>	<b>C16</b>	<b>C5</b>	<b>C8</b>	<b>C11</b>	<b>C4</b>	<b>C13</b>	<b>C9</b>
109	110	111	112	113	114	115	116
<b>C2</b>	<b>C15</b>	<b>C7</b>	<b>C4</b>	<b>C10</b>	<b>C12</b>	<b>C3</b>	<b>C6</b>

En el cuadro anterior, las parcelas están numeradas consecutivamente, de izquierda a derecha; el primer número indica la fecha de siembra. Los cultivares de Cacahuacintle, aleatorizados dentro de cada fecha, se identificarían como C1, C2, C3, ..., C16.

**Cuadro A. 40 cruzas en Cacahuacintle que serían muestreadas si  $n=16$ ,  $s=5$ , y  $k=6$ . (CD,  $i<j$ ; CR,  $i>j$ )**

Vi (♀)	Vj (♂)															
	V1	V2	V3	V4	V5	V6	V7	V8	V9	V10	V11	V12	V13	V14	V15	V16
V1							X	X	X	X	X					
V2								X	X	X	X	X				
V3									X	X	X	X	X			
V4										X	X	X	X	X		
V5											X	X	X	X	X	
V6												X	X	X	X	X
V7	X												X	X	X	X
V8	X	X												X	X	X
V9	X	X	X												X	X
V10	X	X	X	X												X
V11	X	X	X	X	X											
V12		X	X	X	X	X										
V13			X	X	X	X	X									
V14				X	X	X	X	X								

V15					X	X	X	X	X							
V16						X	X	X	X	X						

**Cuadro B. 30 cruzas en Cacahuacintle que serían muestreadas si  $n=15$ ,  $s=4$ , y  $k=6$ . (CD,  $i < j$ ; CR,  $i > j$ ).**

Vi (♀)	Vj (♂)														
	V1	V2	V3	V4	V5	V6	V7	V8	V9	V10	V11	V12	V13	V14	V15
V1							X	X	X	X					
V2								X	X	X	X				
V3									X	X	X	X			
V4										X	X	X	X		
V5											X	X	X	X	
V6												X	X	X	X
V7	X												X	X	X
V8	X	X												X	X
V9	X	X	X												X
V10	X	X	X	X											
V11		X	X	X	X										
V12			X	X	X	X									
V13				X	X	X	X								
V14					X	X	X	X							
V15						X	X	X	X						

### **Manejo agronómico en el lote de polinización**

La preparación mecánica del suelo se realizará con un implemento agrícola llamado rotor, para incorporar los residuos de tallos y hojas de maíz que aun permanezcan en el suelo desde el ciclo agrícola anterior. Posteriormente éste se arará y rastreará usando tractor; durante casi dos meses no habrá movimiento de tierra (enero-febrero). Con la llegada de las primeras lluvias se efectuará una última rastra, uno o dos días antes del surcado, con la finalidad de no perder humedad residual ya que en esta zona no hay riego. El surcado en la Fecha 1 se hará a 0.80 m entre hileras. Inmediatamente se trazará el lote de cruzamientos y se sembrarán manualmente las 16 variedades criollas de Cacahuacintle (Figura 1). En la siembra o con el surcado, se aplicarán **73** unidades de nitrógeno (N), 184 de fósforo (P) y 0 de potasio (K). Sin fertilizante químico podrían aplicarse 3500 kg por ha<sup>-1</sup> de gallinaza.

Como el distanciamiento entre plantas será de 20 cm, para manejar una densidad de población de 62500 plantas por ha y, para ahorrar tiempo durante la siembra manual, se depositarán tres semillas por “golpe”; cuando las plántulas tengan entre 12 y 15 cm se eliminará la más débil en cada mata. En cada lote de cruzamiento se aplicarían 64 N ,46 P y 60 K, más 540 kg de materia orgánica, ésta última incorporada previamente.

En general, para una ha<sup>-1</sup>, los agricultores contemplan en su paquete tecnológico una dosis de fertilización de 330 unidades de N, 368 de P y 120 de K, pero si se sustituye el fertilizante químico por la materia orgánica (3500 kg) la dosis que utilizarían sería de 257 N, 184 P y 120 K. En siembra comercial esta dosis de fertilización variará, dependiendo de los recursos financieros de que dispongan los agricultores de esta región.

El control de maleza será manual, mecánico y químico; en éste último serán aplicados 0.5 L y 0.3 kg de Carfentrazone Etil+ 2,4-D, Gesaprim Calibre 90 y 0.2 kg de Diurón; éstos serán mezclados físicamente para controlar maleza de hoja ancha. Para maleza de hoja angosta, como pastos, se aplicará Paraquat en dosis de 0.5 L por ha. Éstos se aplicarán antes de los 95 días de haberse realizado la siembra. Para el control preventivo de insectos se aplicará 0.5 L de Dimetoato y 200 ml de Deltalmetrina. También, se utilizarán productos foliares de amplio espectro para favorecer el llenado de grano; se aplicará 0.5 L de Impulsor (bioestimulante) y 0.5 L de Sintek (inmunopotencializador), entre los 100 y 115 días de efectuada la siembra y previo a la floración femenina. Para un mejor llenado de grano se aplicará 1 kg de potasio por ha<sup>-1</sup>. Estas aspersiones se harán cuando los estigmas aún están cubiertos por el totomoxtle para evitar daños durante la polinización y la fecundación. Ésta es una observación que pocos han identificado correctamente, llegándose a confundir con el efecto ocasionado por el daño de plagas o enfermedades.

La propuesta anterior está relacionada con un paquete tecnológico basado en la experiencia de los agricultores cooperantes que producen maíz raza cacahuacintle en este municipio mexiquense. Las dosis que serán aplicadas en el lote de cruzamiento se calcularán a partir de la superficie sembrada considerando el ciclo vegetativo y reproductivo del maíz. Si hubiera algún daño extremo originado por insectos, enfermedades o, por un factor abiótico, se repetirían las dosis indicadas anteriormente.

### **Control manual de la polinización**

Previo a esta actividad serán identificadas plantas que muestren competencia completa entre hileras y dentro de ellas; serán elegidas las de menor altura para facilitar la labor de referencia. Después del espigamiento se harán recorridos cada dos días en ambos lotes de

cruzamiento para identificar plantas con anteras visibles que empiecen a derramar polen, inmediatamente se practicará el jiloteo introduciendo una bolsa de glassine entre el tallo y el elote en desarrollo (jilote), esta bolsa de material encerado permanecerá sobre el jilote y cuando los estigmas tengan un desarrollo protuberante, con una longitud entre 2.0 y 2.5 cm, se colectará polen de varias plantas en una bolsa de papel de fondo automático del # 20, preferentemente entre las 9:00 y 11:00 am, y éste se trasladará a las parcelas que tengan en común a un progenitor. La bolsa de glassine será rota en su parte superior y al interior de ésta se espolvoreará el polen, se hará una trenza en su extremo superior e inmediatamente se colocará una bolsa de papel del # 25. La bolsa de papel, colocada entre el jilote y el tallo, será engrapada por ambos extremos hacia su parte central. En su parte frontal se anotará, con marcador de cera, el tipo de cruza, la fecha en la que ésta se realizó y un número consecutivo, comprendido entre 1 y 40. Durante toda la etapa de formación de grano, y previo a la cosecha manual, se harán recorridos diarios durante un mes y, cada cuatro días posteriormente, para verificar que las bolsas de papel no estén rotas, desengrapadas o desprendidas del tallo de las plantas; si éste fuera el caso, esas bolsas tendrían que reemplazarse.

### **Identificación de parcelas y de plantas dentro del lote de cruzamientos**

En el lote de cruzamiento serán colocados dos tipos de etiquetas, entre mayo y junio del 2024. Al inicio de cada parcela se colocará una etiqueta grande (10 x 15 cm), en la parte central de la primera planta que sea la más visible. Posteriormente, en las hileras centrales de cada parcela, serán colocadas 40 etiquetas (3.5 x 7.0 cm) por cruza y habrá en total 200 etiquetas por progenitor hembra. Los dos tipos de etiquetas serán rotulados con marcadores de cera.

### **Cosecha, secado, desgrane y selección de material**

Las mazorcas provenientes de cada cruza serán cosechadas manualmente después de que éstas logren la madurez fisiológica, la cual se presentará en su mayor porcentaje al final de noviembre del 2024. Esta actividad se realizará por tipo de cruza entre el 5 y 15 de diciembre. Se utilizarán costales de rafia o de henequén y las mazorcas serán trasladadas al invernadero Núm. 1 de la Facultad de Ciencias Agrícolas de la UAEMéx. Como opción, el material cosechado podría resguardarse en un cuarto o bodega en la cabecera municipal de referencia. Antes de desgranar cada una de las mazorcas cosechadas, en forma individual, éstas serán expuestas al sol, dentro del invernadero o fuera del cuarto o de la bodega, durante 15 días, para que el grano tenga entre 13 y 16 % de humedad. Esta actividad evitará daños causados por hongos y bacterias. Preferentemente, se hará una selección visual de mazorcas sanas evitando desgranar la parte superior e inferior de cada una de éstas debido a que el grano es más pequeño o más grande, respectivamente, pero más heterogéneo que el que se produce en la parte central de la mazorca; si no hay suficiente semilla en algunas cruza, deberá practicarse selección visual adicional en los granos provenientes de ambos extremos de la mazorca. Después de mezclar el grano proveniente de las mazorcas cosechadas en cada parcela, éste será pesado y almacenado en recipientes de aluminio o de plástico o en bolsas de plástico de cierre automático. Dentro y fuera de cada una de estas se mostrará visiblemente su identificación; la rotulación se hará con marcador de tinta permanente.

### **Uso de software gratuito**

Se han encontrado tres paquetes estadísticos para realizar análisis genético estadístico para un sólo experimento de cruza dialélicas parciales; en este contexto las opciones son: SAS (Statistical Analysis System), Opstat y Genes. De éstos, sólo los dos últimos se encuentran



disponibles gratuitamente sin ninguna restricción, y SAS podría utilizarse con el mismo propósito en su versión académica de prueba o en su modalidad de SAS on Demand for Academics. Jasso *et al.* (2022) evaluaron ocho progenitores en un solo ambiente y Pérez *et al.* (2022) diseñaron algunos artificios para analizar una serie de experimentos. En ambas situaciones se utilizó un diseño experimental de bloques completos al azar aplicado a ocho líneas endogámicas de maíz de la raza Cónico con el uso de Opstat software. Esta misma situación podría abordarse si se utilizará el programa para SAS elaborado por Martínez (1991); con una modificación en su código y con el diseño de algunos artificios, éste permitiría el análisis simultáneo de diversas variables en una serie de experimentos en tiempo, en espacio, o en ambos, pero esta última opción aún podría llevar más de un año debida a que una parte teórica para el análisis de este tipo de ensayos aún no ha sido desarrollada (Pérez *et al.*, 2022).

### **Literatura citada**

- Awata, L. A. O., Tongoona, P., Danquah, E., Efie, B. E., Marchelo-Dragga, P. W. 2018. Common Mating Designs in Agricultural Research and Their Reliability in Estimation of Genetic Parameters. *IOSR Journal of Agriculture and Veterinary Science* 11(7):16-36.
- Christie, B. R., Shattuck, V. I. 1992. The Diallel Cross: Design, Analysis, and Use for Plant Breeders. *Plant Breeding Reviews* 9(1):9-36.
- Chaudhary, B. D., Kakar, S. N., and Singh, R. K. 1977. Comparison of diallel and its modifications. *Silvae Genetica* 26(1):61-120.
- Fyfe, J. L., and Gilbert, N. 1963. Partial diallel crosses. *Biometrics* 19(2):278-286.

- Griffing, B. 1956. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Aust. J. Biol. Sci.* 9(4):463-493.
- Gomez, K. A., and Gomez, A. A. 1984. *Statistical procedures for agricultural research*. 2<sup>nd</sup> (Ed). John Wiley and Sons, Inc. Singapore. 690 p.
- González, H. A., Aguilar, L. B., Nájera, F. I., Calvo, G., Sahagún, J., Pérez, D. J., Landeros, V., Serrato, R. 1999. Problemática ambiental y análisis económico de la agricultura del municipio de Calimaya de Díaz González, México. En: *Memoria del Primer Seminario Internacional Tecnología-Industria-Territorio*. UAQ-IPN (Coord.) Querétaro, México.
- González, H. A., Sahagún, C. J., Pérez, L. D. J., Domínguez, L. A., Landeros, F. V., Serrato, C. R. 2006. Diversidad fenotípica del maíz Cacahuacintle en el Valle de Toluca, México. *Revista Fitotecnia Mexicana* 29(3):255-261.
- González, H. A., Sahagún, C. J., y Pérez, L. D. J. 2007. Estudio de ocho líneas de maíz en un experimento dialélico incompleto. *Rev. Cienc. Agríc. Inf.* 16(1):3-9.
- Hinkelmann, K., and Stern, K. 1960. Kreuzungspläne zur selektionszüchtung bei waldbäumen. *Silvae Genetica*. 9(3):121-133.
- Jasso, B. G., Pérez, L. D, J., González, H, A., Sangermán, J, D, M., Navarro B, A. 2019. Estudio Preliminar para determinar diferencias fenotípicas y tamaño de muestra en maíz Cacahuacintle. *Rev. Mex. Cienc. Agríc.* 10 (8):1771-1782.
- Jasso, B. G., González, H, A., Pérez, L. D, J., Franco, M, J. R. P., Rubí, A. M., y Mejía, C. J. 2022. Uso de Opstat para validar resultados en un dialélico parcial con ocho líneas de maíz evaluadas en un ambiente. *Rev. Mex. Cienc. Agr.* 13 (1): 41-52.
- Kemphorne, O., and Curnow, R. N. 1961. The partial diallel cross. *Biometrics*. 17(2):229-250.

- Martínez, G. A. 1991. Análisis de los experimentos dialélicos a través del procedimiento IML de SAS. Colegio de Postgraduados, Chapingo, estado de México. Comunicaciones en Estadística y Cómputo. Centro de Estadística y Cálculo. 10(2):1-36.
- Martínez, G. A. 1998. Diseños experimentales: métodos y elementos de teoría. (Ed) Trillas, México, D. F. 756 p.
- Miranda, F., J. B., Vencovsky, R. 1999. The Partial Circulant Diallel Cross at the Interpopulation level. *Genetics and Molecular Biology* 22:249-255.
- Muntaz, A., Zafar, F., Aamar, S.S. 2015. A Review on Mating Designs. *Nature and Science* 13(2): 98-105.
- Murthy, B. R., Arunachalam, V., and Anand, I. J. 1966. Diallel and partial diallel analysis of some yield factors in *Linum usitatissimum*. *Heredity* 22(1):35-41.
- Pérez, L. D. J., Franco, M. J. R. P., Gutiérrez, R. F., Hernández, A. J., Balbuena, M. A., González, H. A. 2021. Diseño de experimentos factoriales  $2^n$  para su análisis con infoStat e infoGen. *Rev. Mex. Cienc. Agríc.* 12(6):1087-1099.
- Ramos, R. A., Gerón, X. F. 1998. Origen y Distribución Geográfica, Diversidad y Potencial Productivo de la Raza de Maíz Cacahuacintle. En: Memoria del Seminario Mesoamericano sobre Agrodiversidad en la Agricultura Campesina. UAEMéx. Toluca, México, pp: 89-94.
- Rojas, M. B. A. 1973. Design and analysis of diallel crosses. Department of Experimental Statistics. New Mexico State University. 14 p.
- Tarango, M. V. M. 1997. Plan de Desarrollo Municipal 1997-2000. H. Ayuntamiento Constitucional de Calimaya de Díaz González, pp: 25-40.

- Saavedra, G. C., Pérez, L. D. J., González, H. A., Franco, M. J. R. P., Rubí, A. M., y Ramírez, D. J. F. 2021. Métodos de Griffing: revisión sobre su importancia y aplicación en fitomejoramiento convencional. *Rev. Mex. Cienc. Agríc.* 12(7):1275-1286.
- Shunmugathai, R., Srinivasan, M. R. 2012. Robustness of PDC Plan using BIB Mating Designs against unavailability of One or More Observations. *International Journal of Mathematics and Scientific Computing* 2(2):32-40.
- Silva, C.M., Miranda, F. J.B., Mendes, U.C., Reis, E. F. 2017. Partial Diallel Cross for Predicting Yield of Semiexotic Maize Populations. *Genetics and Molecular Research* 16(1): 1-16.
- Singh, R. K., and Chaudhary, B. D. 1985. *Biometrical Methods in Quantitative Genetic Analysis*. Revised (Ed). Kalyani Publishers. New Delhi-Ludhiana, printed in India. 318 p.

## V. CONCLUSIONES GENERALES

Los cálculos realizados para la obtención de la inversa de la matriz  $A$ , usando una calculadora de escritorio fueron laboriosos, pero éstos se simplifican con la estimación de sus raíces características, cuyo procedimiento fue descrito en Kempthorne y Curnow (1961). La metodología descrita por Martínez (1991) conduce a resultados semejantes, y ambas son confiables en la estimación de los elementos de la matriz de referencia.

Como la matriz  $A^{-1}$  es circulante y simétrica, los elementos de la segunda hilera se obtienen simplemente desplazando en una posición, a la derecha, los correspondientes a la hilera anterior, y así sucesivamente.

En la literatura especializada y en diversos sitios de la internet se encontró que existen pocos softwares estadísticos que se apliquen al análisis de un dialélico parcial.

La aplicación del paquete estadístico Opstat permite analizar experimentos en un solo ambiente, pero éste fue de gran utilidad al permitir la verificación de los cálculos manuales de forma confiable.

Si en el modelo genético se asume que los efectos aditivos son de mayor importancia que los no aditivos, lo que implica ignorar  $S_{ij}$ , el potencial de producción de las cruzas simples determinado con los dos métodos propuestos por Kempthorne y Curnow (1961) sería más confiable.

La definición del número de cruzas que serán evaluadas en un dialélico incompleto simétrico, sin cruzas recíprocas, es de gran relevancia para considerar cuantos recursos económicos y cuánto tiempo será destinado a su evaluación en campo.

## VI. LITERATURA COMPLEMENTARIA

- Awata, L. A. O. Tongoona, P. Danquah, E. Efié, B. E. and Marchelo-Dragna, P. W. 2018. Common mating designs in agricultural research and their reliability in estimation of genetic parameters. *IOSR. J. Agric. Vet. Sci.* 11(7):16-36.
- Cruz, C. D. 2013. Genes – extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. *Acta Scientiarum. Agronomy* 38(4), 547-552.
- Christie, B. R. and Shattuck, V. I. 1992. The diallel cross: design, analysis and use for plant breeders. *Plant Breeding Reviews.* 9(1):9-36.
- Fasahat, P.; Rajabi, A.; Rad, J. M. and Derera, J. 2016. Principles and utilization of combining ability in plant breeding. *Biom. Bio. Inter. J.* 4(1):1-22.
- Fyfe, J. L., Gilbert, N. 1963. Partial Diallel Crosses. *Biometrics* 19: 278-286.
- Gauch Jr. H. G. 1988. Model selection and validation for yield trials with interaction. *Biometrics* 44:705-715, <http://dx.doi.org/10.2307/2531585>
- Griffing, B. 1956. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Aust. J. Biol. Sci.* 9(4):463-493.
- Guo, T. Li, H. Yan, J. Tang, J. Li, J. Zhang, Z. Zhang, L. Wang, J. 2013. Predicción del rendimiento de F1 híbridos entre líneas endocriadas recombinantes derivadas de dos líneas endocriadas de maíz elite, *Theor. aplicación Genética.* 126 189–201.
- González, H. A.; Sahagún, C. J. y Pérez, L. D. J. 2007a. Estudio de ocho líneas de maíz en un experimento dialélico incompleto. *Rev. Cienc. Agríc. Inf.* 16(1):3-9.

- Hallauer, A. R.; Miranda, F. O. J. B. 1988. Quantitative Genetics in Maize Breeding. Iowa State University Press, Ames. Second Edition. USA. 468 p.
- Harriman, J. C. and Nwammadu, C. A. 2016. Utilization of diallel analyses for heritability, GCA and SCA studies in crop improvement. *Am. Adv. J. Biol. Sci.* 2(5):159-167.
- Hernández L, G., Martínez, G, Á., Mastache, A., Rendón, S G. 2003. Mejor predictor lineal insesgado familiar en experimentos parciales de cruzas dialélicas sin efectos maternos. *Revista Fitotecnia Mexicana*, vol. 26, núm 4, pp. 331-340
- Jasso, B, G. González, H, A. Pérez, L. D. J. Franco, M, J, R, P. Rubí, A, M. Mejía, J. 2021. Uso de Opstat para validar resultados en un dialélico parcial con ocho líneas de maíz evaluadas en un ambiente. *Rev. Mex. Cienc. Agríc.* 13(1):41-52.
- Johnson I. J. and H. K. Hayes. 1940. The value in hybrid combinations of inbred lines of corn selected from single crosses by the pedigree method of breeding. *Journal of the American Society of Agronomy* 32:479-485, <http://dx.doi.org/10.2134/agronj1940.00021962003200070001x>
- Kearsey, M. J. 1965. Biometrical analysis of a random mating population: A comparison of five experimental designs. *Heredity*, 20, 205-235.
- Kemphorne, O., and Curnow, R. N. 1961. The partial diallel cross. *Biometrics*. 17(2):229-250.
- Kempton R. A. 1984. The use of biplots in interpreting variety by environment interactions. *The Journal of Agricultural Science* 103:123-135, <https://doi.org/10.1017/S0021859600043392>

- Makumbi, D.; Alvarado, G.; Crossa, J. and Burgueño, J. 2018. Sashaydiall: a sas program for hayman's diallel analisis. *Crop Sci.* 58(4):1605-1615.
- Mastache, L. A. A. Martínez, G. A. y Castillo, M. A. 1999a. Los mejores predictores lineales e insesgados (MPLI) en los diseños dos y cuatro de griffing. *Agrociencia.* 33(1):81-91.
- Mastache, L. A. A.; Martínez, G. A. and Castillo, M. A. 1999b. Los mejores predictores lineales e insesgados (MPLI) en los diseños uno y tres de griffing. *Agrociencia.* 33(3):349-359.
- Mastache, L. A. A. and Martínez, G. A. 2003. Un algoritmo para el análisis, estimación y predicción en experimentos dialélicos balanceados. *Rev. Fitot. Mex.* 26(3):191-200.
- Martínez, G. A. 1998. Diseños experimentales: métodos y elementos de teoría. (Ed) Trillas, México, D. F. 756 p.
- Miranda, F., J. B., Vencovsky, R. 1999. The Partial Circulant Diallel Cross at the Interpopulation level. *Genetics and Molecular Biology* 22:249-255.
- Murthy, B. R., Arunachalam, V., Anand, I.J. 1966. Diallel and partial diallel analysis of some yield factors in *Linum usitatissimum*. *Heredity* 22: 35-41.
- Narain, P., C. S. Rao, and Nioman, A. K. 1974. Partial diallel crosses based on extended triangular association scheme. *Indian J. Genet.* 34,309-317.
- Padilla, L. A.; González, H. A.; Pérez, L. D. J.; Rubí, A. M.; Gutiérrez, R. F. y Franco, M. J. R. P. 2019a. InfoStat, InfoGen y SAS para contrastes mutuamente ortogonales en experimentos en bloques completos al azar en parcelas subdivididas. *Rev. Mex. Cienc. Agríc.* 10(6):1417-1431.



- Padilla, L. A.; González, H. A.; Pérez, L. D. J.; Rubí, A. M.; Gutiérrez, R. F.; Ramírez, D. J. F.; Franco, M. J. R. P. y Serrato, C. R. 2019b. Programas para SAS e InfoStat para analizar una serie de experimentos en parcelas subdivididas. En: temas selectos en la innovación de las ciencias agropecuarias. Alfaomega Grupo Editor SA. de CV. Primera edición (Salgado y otros, eds.). México, DF. 724 p. ISBN: 9786075384115.
- Saavedra, G. C. 2019. Estimación de parámetros genéticos en maíz con dos metodologías usando datos de una cruce dialélica completa. I. Un ambiente. Tesis de Maestro en Fitomejoramiento. Facultad de Ciencias Agrícolas, Universidad Autónoma del Estado de México. Toluca, Estado de México. 96 p.
- Saavedra, G, C. López, P, D, J. González, H, A. Franco, M, J, R, P. Rubí, A, M. Ramírez, D, J, F. 2021. Métodos de Griffing: revisión sobre su importancia y aplicación en Fitomejoramiento convencional. Rev. Méx. De Cienc. Agri. 12 (7): 1275-1286.
- SAS Institute, Inc. 1989. SAS/IML software: Usage and reference. Version 6. First Edition. Cary, N. C.
- Sestraș A. F.; Jäntschi, L. and Bolboacă, S. D. 2018. Using the Griffing's experimental design method I, model II. Apple breeding - a case study as a proposed methodology of the statistical and genetic analysis. Genetika. 50(1):107-120.
- Sprague, G.F., Tatum, L.A. 1942. General *versus* specific combining ability in single crosses of corn. J. Amer. Soc. Agron. 34(1):923-932.
- Soriano, V, J, M. Cruz, D, C. Cardoso, A, A. 1999. Theory and Analysis of Partial Diallel Crosses. Genetics and molecular Biology. 22 (4): 591-599.

- Souza, A, C. 2015. Variabilidade genética em três populações de milho. Dissertação (Mestrado em Agronomia - Produção Vegetal) - Universidade Federal de Goiás, Regional Jataí, Jataí.
- Taksanade, N. Sharama, A. Varghese, C. Jaggi, S. Lal, S, B. 2012. Web-Enabled Software for generation and Analysis of Partial Diallel Crosses. *Journal of the Indian Society of Agricultural Statistics*. 66 (2). 343-350.
- Wang, X. Yang, Z. Xu, C. 2015. A comparison of genomic selection methods for breeding value prediction, *Sci. Bull.* 60 925–935.
- Wang, X. Li, L. Yang, Z. Zheng, X. Yu, S. Xu, C. Hu, Z. 2017. Predicting rice hybrid performance using univariate and multivariate GBLUP models based on North Carolina mating design II, *Heredity* 118 302–310.
- Wang, X. Xu, P. Li, L. Liu M, Xu, C. Hu, Z. 2019. Efficiency of linear selection index in predicting rice hybrid performance, *Mol. Breed.* 39 77.
- Zhang, Y. and Kang, M. S. 1977. DIALLEL-SAS: A SAS Program for Griffing's diallel analyses. *Agron. J.* 89(2):176-182.
- Zhang, Y.; Kang, M. S. and Lamkey, K. R. 2005. DIALLEL-SAS05: A comprehensive program for Griffing's and Gardner-Eberhart analysis. *Agron. J.* 97(4):1097-1106.
- Zobel R. W., M. J. Wright and H. G. Gauch Jr. (1988) Statistical analysis of a yield trial. *Agronomy Journal* 80:388-393, <http://dx.doi.org/10.2134/agronj1988.000219620080000300>