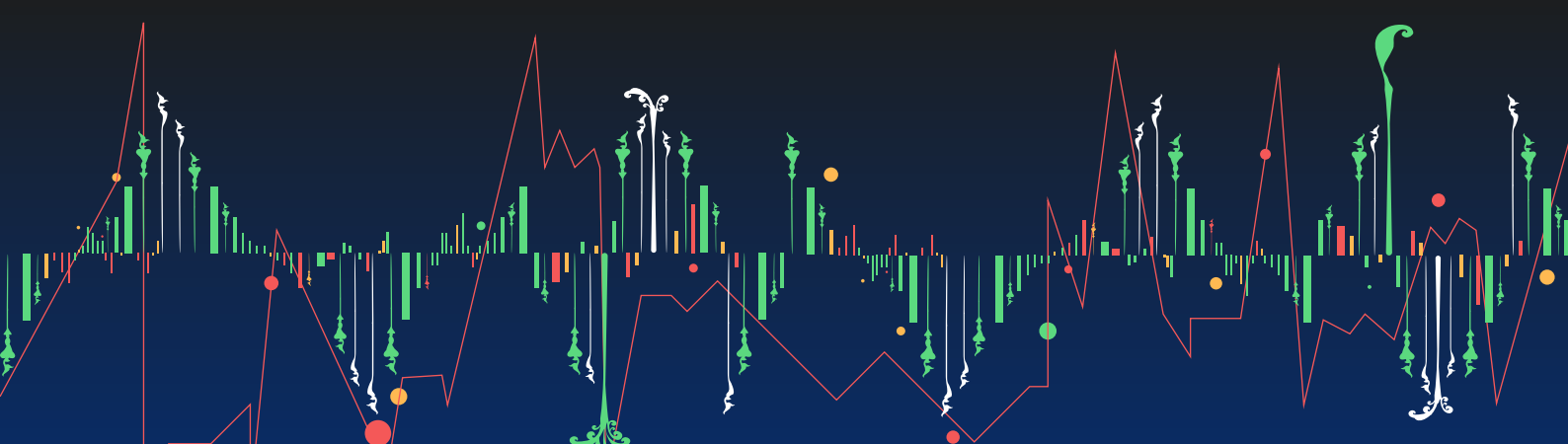


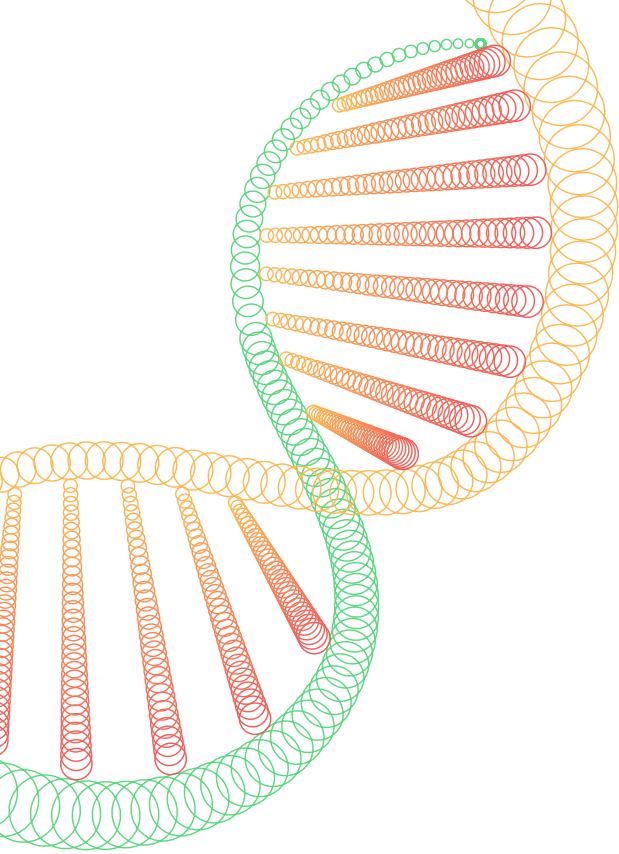


# ANÁLISIS ESTADÍSTICO PARA EL MEJORAMIENTO GENÉTICO VEGETAL

TULIO CÉSAR LAGOS BURBANO

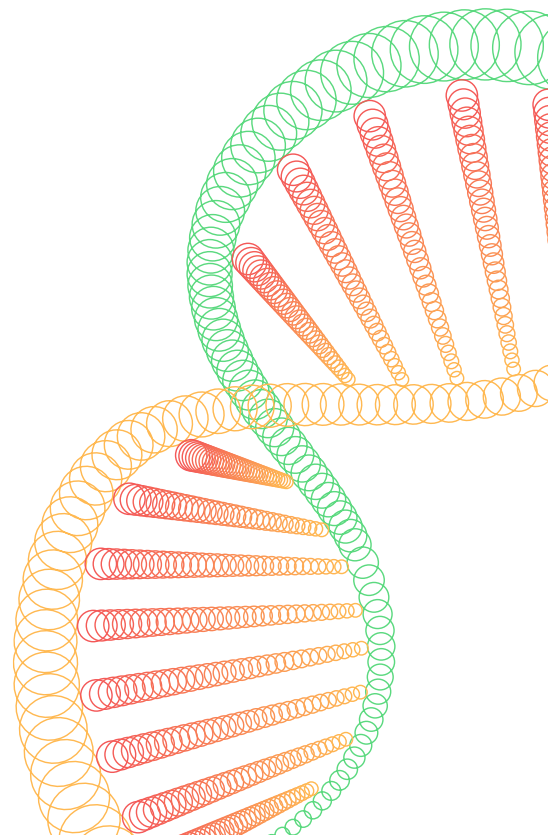


**Editorial**  
Universidad de Nariño



# Editorial

Universidad de **Nariño**



# **ANÁLISIS ESTADÍSTICO PARA EL MEJORAMIENTO GENÉTICO VEGETAL**



# ANÁLISIS ESTADÍSTICO PARA EL MEJORAMIENTO GENÉTICO VEGETAL



TULIO CÉSAR LAGOS BURBANO

Profesor Titular. Ing. Agrónomo, Ph.D. Universidad de Nariño,  
Facultad de Ciencias Agrícolas, Grupo de Investigación en Producción  
de Frutales Andinos GPFA.

San Juan de Pasto - Nariño, Colombia; e-mail:  
tclagosb@udenar.edu.co; <https://orcid.org/0000-0001-9222-4674>



**Editorial**  
Universidad de Nariño



Lagos-Burbano, Tulio César. (2023).

Análisis estadístico para el mejoramiento genético vegetal. Editorial Universitaria, Universidad de Nariño, Facultad de Ciencias Agrícolas, Grupo de Investigación en Producción de Frutales Andinos-GPFA.

557p.

ISBN digital: 978-628-7509-50-4

ISBN impreso: 978-628-7509-86-3

1. Fitomejoramiento-población, 2. Cultivos – evaluación, 3. Interacción genotipo por ambiente – materiales genéticos, 4. Índices de selección – colección de mejoramiento, 5. Diseños genéticos – parentales, 6. Correlaciones – análisis de sendero.



Sección de Biblioteca  
"Alberto Quijano Guerrero"

## ***Análisis estadístico para el mejoramiento genético vegetal***

© Tulio César Lagos Burbano

© Editorial Universidad de Nariño

***ISBN Digital:*** 978-628-7509-50-4

Primera Edición

***Revisión y corrección de estilo:*** Mg. Manuel E. Martínez R.

***Diseño y diagramación:*** Manuel Insandar.

Fecha de publicación: Marzo, 2023

Ciudad Universitaria – Torobajo - Pasto – Nariño

Hecho en Colombia, Made in Colombia

Prohibida la reproducción total o parcial, por cualquier medio o con cualquier propósito, sin autorización escrita de su autor o de la Editorial Universidad de Nariño.

## ***DEDICATORIA***

A la memoria de mi madre Alba Liz  
A mi padre Víctor Juan  
A mis hijos Andrés, Nicolás y Liz  
A mi nieto César Sebastián  
A mi señora Ana Lucía  
A mis hermanos Juan José y Elizabeth  
A mis sobrinos

# TABLA DE CONTENIDO

---

|                                                                             |            |
|-----------------------------------------------------------------------------|------------|
| <b>Prefacio.....</b>                                                        | <b>8</b>   |
| <b>CAPÍTULO 1.....</b>                                                      | <b>14</b>  |
| <i>Elementos de Álgebra Matricial.....</i>                                  | <i>14</i>  |
| <b>CAPÍTULO 2.....</b>                                                      | <b>70</b>  |
| <i>Componentes de varianza y heredabilidad.....</i>                         | <i>70</i>  |
| <b>CAPÍTULO 3.....</b>                                                      | <b>150</b> |
| <i>Correlaciones y Análisis de Sendero.....</i>                             | <i>150</i> |
| <b>CAPÍTULO 4.....</b>                                                      | <b>236</b> |
| <i>Modelos de Selección e Índices de Selección.....</i>                     | <i>236</i> |
| <b>CAPÍTULO 5.....</b>                                                      | <b>299</b> |
| <i>Diseños Genéticos.....</i>                                               | <i>299</i> |
| <b>CAPÍTULO 6.....</b>                                                      | <b>418</b> |
| <i>Interacción genotipo por ambiente, adaptabilidad y estabilidad...418</i> |            |
| <b>Anexos.....</b>                                                          | <b>508</b> |
| <b>SOBRE EL AUTOR.....</b>                                                  | <b>554</b> |

## **Prefacio**

Una de las principales preocupaciones que tienen los investigadores de las ciencias agrícolas es poder alimentar a la población humana; especialmente en zonas deprimidas, donde la capacidad del suelo no puede sostener a sus pobladores y el hambre es una de las causas de los altos índices de mortalidad. Ante el rápido crecimiento de la población humana a nivel mundial, se hace inminente aumentar la producción y los rendimientos de las especies agrícolas. Para lograrlo se han hecho dos propuestas: la primera es duplicar el área bajo cultivo, lo cual es contraproducente debido a los grandes problemas ambientales que esto ocasionaría, ya que los mejores suelos están en uso; la segunda, más razonable, es la de alcanzar la máxima eficiencia en la producción mediante el uso de sistemas y técnicas agrícolas que resultan de la investigación en áreas como el mejoramiento genético de plantas, la fisiología vegetal, la fitopatología y otras disciplinas relacionadas con la agricultura.

El aporte del mejoramiento genético tradicional de plantas al incremento de la producción de cultivos en el mundo es indiscutible. Sin embargo, muchos aspectos afectan la eficiencia del mejoramiento e impiden un aumento significativo de los rendimientos. Por un lado, la erosión genética de los cultivos se ha incrementado aceleradamente. El uso de variedades genéticamente homogéneas ha hecho que se estreche la base genética de estos, por consiguiente, es latente el problema de la susceptibilidad a plagas y enfermedades; por otro lado, los recursos sobre los cuales se basa la agricultura se han deteriorado de manera generalizada; así, la erosión del suelo, la deforestación y el desequilibrio en el ciclo hídrico, son los principales problemas que afrontan los sistemas de producción.

El desarrollo de los cultivos y de todos los sistemas productivos, en general, dependen de la función productiva dada por la ecuación fenotipo

= genotipo + ambiente + interacción genotipo x ambiente. En esta ecuación, determinar aquel genotipo que maximice la expresión del fenotipo y lleve la expresión de la interacción hacia cero es una labor del mejoramiento genético. El mejoramiento genético vegetal conocido clásicamente como fitomejoramiento tiene dos principios fundamentales: el primero es identificar, entre la variabilidad genética existente para un cultivo, aquellos individuos que a nivel genético sean sobresalientes; y segundo, una vez identificados, probar que esa superioridad de origen genético sea la garantía para la sostenibilidad de los sistemas de producción. Los agricultores y los consumidores finales son quienes pueden beneficiarse de estos principios.

Teniendo en cuenta lo anterior, alrededor del mundo se ha producido una copiosa literatura que ha aportado tanto conocimiento básico como aplicado a la disciplina del mejoramiento genético vegetal. Los fitomejoradores disponen de libros clásicos y de revistas prestigiosas para sustentar la literatura de los problemas de sus investigaciones; sin embargo, en estos recursos bibliográficos no se explican a profundidad los modelos ni las herramientas estadísticas empleadas. En el mejor de los casos se desarrollan parcialmente, sin dar ejemplos concretos con datos simulados o provenientes de alguna investigación. Como puede observarse, existe un vacío en los tipos de análisis estadístico que pueden aplicarse a los datos derivados de la investigación en mejoramiento genético vegetal.

Al no disponer de las herramientas y de los procedimientos estadísticos, los esfuerzos y el tiempo para el análisis de la información generada en los trabajos de investigación de fitomejoramiento son de gran magnitud. Además, los costos excesivos de los libros, el acceso restringido a las revistas especializadas y la publicación en inglés de la mayoría de la

literatura, son una limitante que puede retardar la producción del conocimiento en nuestra región. Por ello, el objetivo del libro de investigación “**Análisis estadístico para el mejoramiento genético vegetal**” es desarrollar progresivamente el análisis de la información y los modelos estadísticos propios del mejoramiento genético vegetal, con datos provenientes de investigaciones en cultivos como *Solanum tuberosum*, *Solanum quitoense*, *Solanum betaceum* y *Physalis peruviana*, entre otros.

Además del aporte científico en las especies de plantas antes citadas, este libro de investigación es una contribución a la proyección social del conocimiento de la Universidad de Nariño, dado que será un instrumento de consulta para los estudiantes de pregrado y postgrado, docentes e investigadores que trabajan en las disciplinas de biometría, biología, genética y mejoramiento genético vegetal. El libro surge de la necesidad de analizar la vasta información disponible en las bases de datos de las investigaciones. También de la necesidad de disponer del análisis estadístico, y en algunos casos, de desarrollar las herramientas matemáticas necesarias para futuros trabajos de investigación en mejoramiento genético vegetal.

La cantidad de información y de colecciones de trabajo en mejoramiento genético vegetal es profusa, por lo tanto, los programas de mejoramiento genético en el mundo han desarrollado métodos para seleccionar subconjuntos centrales. Estos no abarcan toda la información disponible y potencial de la especie que se está mejorando. La primera estrategia para trabajar con un conjunto de individuos que provean los requerimientos mínimos de caracteres de interés, y dotados con la materia prima del mejoramiento genético que es la variabilidad genética, es formar grupos de accesiones o introducciones divergentes a nivel genético. Una vez definidos los grupos, es necesario tomar al azar individuos de cada grupo

con el fin de establecer su potencial genético para contribuir al logro de los objetivos y al avance del programa de fitomejoramiento. En este sentido, se han desarrollado modelos estadísticos para establecer los parámetros genéticos de parentales que pueden ser útiles para producir variedades o híbridos.

En sintonía con lo planteado hasta ahora, el libro de investigación se ha estructurado en seis capítulos. El capítulo uno desarrolla los elementos generales del álgebra lineal. Se parte de la definición de una matriz, se atienden los elementos que la componen, se habla de las matrices especiales, de las operaciones con matrices, entre otras nociones fundamentales por su aplicación en el estudio de modelos lineales de rango completo, especialmente en la regresión simple y múltiple, el análisis de correlación y de sendero. Igualmente, los conceptos del álgebra matricial son la base para las técnicas de análisis de datos al caracterizar y establecer la variabilidad de una colección de genotipos. Dentro de estas técnicas se pueden mencionar el Análisis Multivariado de Componentes Principales, el Análisis de Correspondencias Múltiples, el Análisis de Clasificación y el ANálisis Discriminante.

En el capítulo dos, relacionado con los componentes de varianza y heredabilidad, se describirán las principales herramientas estadísticas para establecer las varianzas del modelo productivo: fenotipo = genotipo + ambiente + interacción genotipo x ambiente, para que a partir de ellas, desarrollar los conceptos de heredabilidad en sentido estricto y en sentido amplio. Además, se describirá como en los últimos 25 años se han aplicado modelos del mejoramiento genético animal a los principios de heredabilidad y selección en plantas con base en modelos mixtos, los cuales pueden ser balanceados o desbalanceados. Uno de estos modelos es el mejor predictor lineal insesgado (en inglés BLUP); un método estándar para estimar los efectos aleatorios de un modelo mixto. Permite

establecer los valores como progenitores y predecir el comportamiento en características de interés agronómico de los individuos seleccionados, a partir de relaciones genéticas entre los materiales genéticos evaluados y los datos de rendimiento.

En el capítulo tres se detallan los análisis de correlación y de sendero. El primero permite establecer las relaciones entre variables sin suponer nada previo. El segundo, parte del supuesto de que existen relaciones causa-efecto claramente definidas entre una variable de respuesta y un conjunto definido de variables que muestran relación con esta. Dado que una proporción de la variación total de efectos es explicada por la variación de la causa, es posible orientar la selección de materiales genéticos por aquellas variables que mayor efecto tienen sobre la variable de respuesta. El cuarto capítulo muestra los modelos e índices de selección de genotipos sobresalientes. La base para la selección es la variabilidad genética disponible en la colección de trabajo. Sobre la variabilidad genética disponible, se promueve la acumulación de alelos favorables, lo cual conduce a un desplazamiento de la media de la población referencia de la característica a mejorar. La orientación hacia donde se desplaza la media está en función de la naturaleza del carácter; es decir, el valor de la media puede aumentar o disminuir, ya sea que se trate de rendimiento o precocidad, en su orden. Los progresos en los programas de fitomejoramiento dependen del proceso de selección. En él, los índices de selección juegan un papel preponderante; a través de ellos se pueden identificar los genotipos superiores con base en uno o en varios descriptores. Los genotipos seleccionados serán la base del éxito en los siguientes ciclos de selección hasta entregar a los agricultores el producto final, sea una variedad, un híbrido o un clon mejorado.

La aplicación del diseño experimental en la evaluación del potencial genético de un grupo de parentales, así como en la estimación de la



heredabilidad en una población referencia, es parte de los diseños genéticos. Ello se aborda en el capítulo quinto. Ahí se exponen los elementos teóricos y prácticos de diferentes métodos estadísticos bajo los supuestos de los modelos fijo y aleatorio que han sido desarrollados con el fin de establecer la base genética de un programa de fitomejoramiento; además, se muestra la forma de obtener información de los parámetros genéticos de una población y poder decidir sobre el método de mejoramiento más conveniente para producir un híbrido, una variedad pura o de polinización abierta.

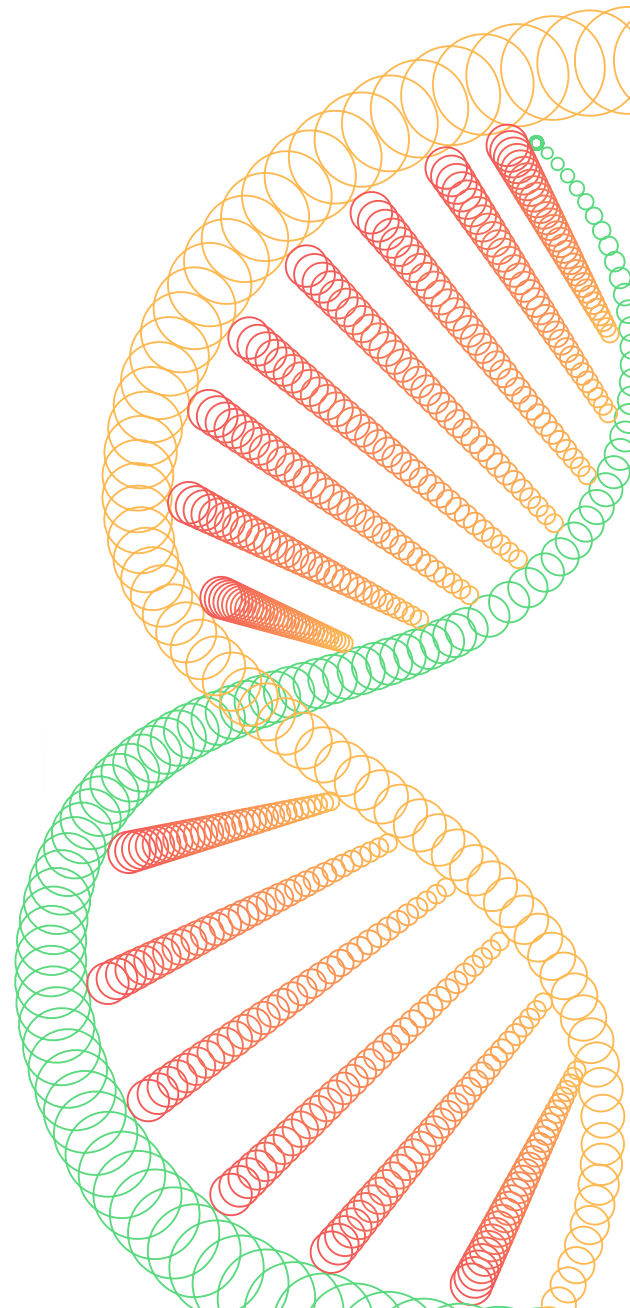
Cabe señalar que los métodos multivariados y gráficos han tomado fuerza en el análisis de la interacción genotipo x ambiente. El modelo de efectos principales aditivos e interacción multiplicativa (AMMI) combina componentes aditivos para efectos principales (genotipo y ambiente) y componentes multiplicativos para la interacción genotipo x ambiente (IGA). En este sentido, combina el análisis de varianza univariado para los efectos principales y el análisis de componentes principales para la IGA. Las bases estadísticas del modelo AMMI y de otras técnicas para estudiar la adaptabilidad y estabilidad de las poblaciones mejoradas se analizan en el capítulo sexto.

Además de publicar los avances en investigaciones con lulo, tomate de árbol, uchuva y papa, se muestra paso a paso el análisis estadístico de los temas planteados, así como los macros y sintaxis de los diferentes análisis en software libre como el paquete GENES de la Universidad de Viçosa, R-Studio, y también SAS. Cada capítulo se aborda con un lenguaje sencillo, de tal forma que quienes consulten las diferentes secciones puedan entender sin dificultad los principios fundamentales de los temas aquí incluidos.

***Tulio César Lagos Burbano I.A, Dr.  
Profesor Titular  
Facultad de Ciencias Agrícolas  
Universidad de Nariño***

# ***CAPÍTULO 1***

Elementos de Álgebra  
Matricial



## Resumen

La información de los datos de las variables evaluadas y colectadas en un programa de fitomejoramiento, generalmente, se registra en hojas de cálculo con filas y columnas, donde los individuos ocupan las filas de la primera columna y las variables, las columnas. Esta distribución de hileras por columnas toma la forma de una matriz, la cual se asemeja a una tabla, donde los datos que ocupan una posición o celda son los elementos constitutivos relevantes de este arreglo matemático. Algunos operadores matemáticos con las matrices son útiles para desarrollar diferentes análisis de importancia para el mejoramiento genético vegetal como son los análisis de correlación, de sendero y de regresión, entre otros. Por lo tanto, el objetivo del presente capítulo fue describir algunos elementos del álgebra de matrices de uso frecuente en los análisis estadísticos del fitomejoramiento.

**Palabras clave:** matriz, hilera, columna, datos, operaciones, inversa.

## Abstract

The information on the data of the traits evaluated and collected in a plant breeding program is generally recorded in spreadsheets, with rows and columns, where individuals occupy the rows of the first column, and the traits, the columns. This distribution of rows by columns takes the form of a matrix, which resembles a table, where the data occupying a position or cell are the relevant constituent elements of this mathematical arrangement. Some mathematical operators with the matrices are useful to develop different analyses of importance for plant genetic improvement, such as Correlation, Path and Regression Analysis, among others. Therefore, the objective of this chapter is to describe some elements of matrix algebra that are frequently used in statistical analyses of plant breeding.

**Keywords:** matrix, row, column, data, operations, inverse.

Los conceptos algebraicos de matrices se han publicado en muchos libros de texto. En ellos se describen las definiciones, los teoremas y las aplicaciones en la solución de sistemas de ecuaciones lineales, matrices inversas, matrices especiales, las operaciones con matrices, los determinantes y los espacios vectoriales (Singh & Chaudary, 1985; Bru et al., 2004; Lay, 2007; Grossman, 2008; Blanco et al., 2015).

Muchos principios del álgebra de matrices incluidos dentro del álgebra lineal se aplican en el estudio de modelos lineales de rango completo, especialmente en la regresión simple y múltiple, el análisis de correlación y de sendero (Figura 1.1), los cuales permiten describir los problemas de predicción a través de modelos que consideran la relación funcional entre las variables estudiadas (Barroso Costa et al., 2015; Vale-Montilla, 2018; Criollo et al., 2020).

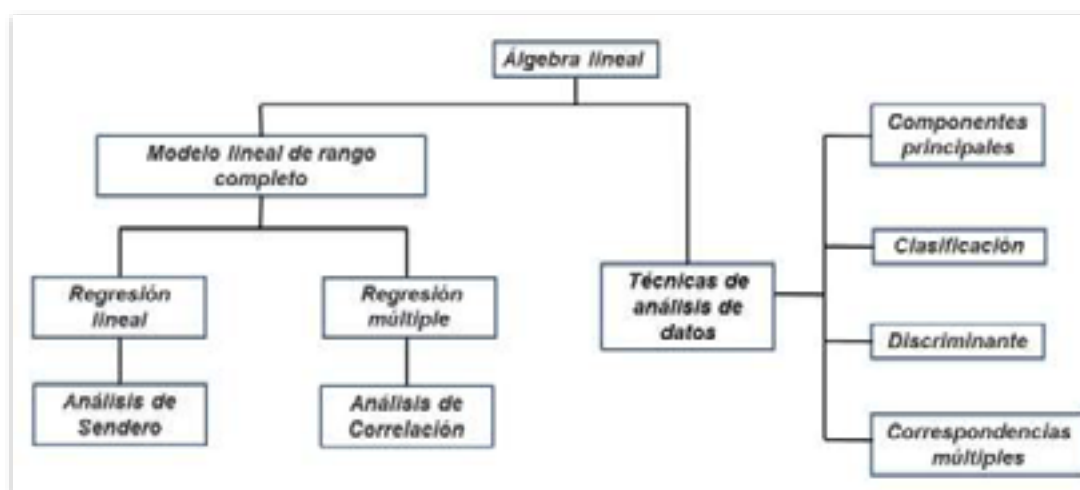


**Figura 1.1.** Aplicación del álgebra lineal en las técnicas inherentes al modelo lineal de rango completo y las diferentes técnicas de análisis de datos.

Los conceptos del álgebra matricial son el punto de partida en las técnicas de análisis de datos para caracterizar y establecer la variabilidad de una colección de genotipos. Dentro de estas técnicas se destacan los análisis multivariados de componentes principales, de correspondencias múltiples, de clasificación y discriminante (Figura 1.1), a través de los cuales se pueden explicar los fenómenos biológicos teniendo en cuenta el análisis simultáneo de muchas variables; además, permiten entender la relación entre ellas, principalmente en trabajos relacionados con la caracterización de poblaciones genéticas de mejoramiento o de recursos fitogenéticos (Johnson & Wichern, 1992; Cravero et al., 2002; Pardo & Marín, 2003; Bonilla Betancourt et al., 2008; Tussel, 2016).

En este orden de ideas, el propósito del capítulo uno es describir los elementos del algebra de matrices que son el soporte de los estudios de predicción y de caracterización en poblaciones de fitomejoramiento y recursos fitogenéticos.

## Matrices

### Concepto de Matriz

Es un arreglo de  $m \times n$  elementos, que pueden ser números o letras, ordenados en  $m$  filas y  $n$  columnas. Se denota con letras mayúsculas. Ejemplo: matrices (A) y (B).

$$A = \begin{pmatrix} 1 & 2 & 3 \\ 4 & 5 & 6 \\ 7 & 8 & 9 \end{pmatrix}_{3 \times 3} \quad B = \begin{pmatrix} b_1 & b_2 \\ b_3 & b_4 \\ b_5 & b_6 \end{pmatrix}_{3 \times 2}$$

La forma más general de denotar la matriz es de la siguiente forma:

$$A = \begin{pmatrix} c_{11} & c_{12} & \dots & c_{1n} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ c_{m1} & c_{m2} & \dots & c_{mn} \end{pmatrix}_{m \times n} = (c_{ij})_{m \times n} \text{ con } i = 1, 2, \dots, m \text{ filas, } j = 1, 2, \dots, n \text{ columnas}$$

La  $n$ -upla, conocida también como  $n$ -tupla, es una secuencia formada por  $n$  números naturales, los cuales son sus componentes. Por lo tanto, la  $n$ -upla  $(c_{i1} \ c_{i.} \ c_{in})$  es la fila  $i$ -ésima y la  $m$ -upla  $\begin{pmatrix} c_{1j} \\ c_{.j} \\ c_{mj} \end{pmatrix}$  es la columna  $j$ -ésima.

El componente  $ij$  de la matriz (A) es el número  $C_{ij}$  que está en la intersección de la fila  $i$ -ésima y la columna  $j$ -ésima. Ejemplo (Ej.):

$$B = \begin{pmatrix} 1 & 4 & 5 \\ 2 & 3 & 7 \end{pmatrix} = (c_{ij})_{2 \times 3}$$

En la matriz (B) de tamaño  $2 \times 3$ , la fila uno es  $(1 \ 4 \ 5)$ , la fila dos corresponde a  $(2 \ 3 \ 7)$ , la columna uno es  $\begin{pmatrix} 1 \\ 2 \end{pmatrix}$ , la columna dos es  $\begin{pmatrix} 4 \\ 3 \end{pmatrix}$  y la columna tres  $\begin{pmatrix} 5 \\ 7 \end{pmatrix}$ . Además, 2 es la componente  $(2 \ 1)$  que indica la fila 2, columna 1, y 5 es la componente  $(1 \ 3)$  o sea fila 1, columna 3.

El número de filas por el número de columnas, denota el orden y el tamaño de la matriz. Ejemplos: (A) =  $3 \times 3$ , (B) =  $3 \times 2$ , (C) =  $m \times n$ .

### Diagonal de la matriz

Corresponde a los elementos (i, i). En la matriz (A), concierne a los elementos 1, 5, 9.

$$A = \begin{pmatrix} 1 & 2 & 3 \\ 4 & 5 & 6 \\ 7 & 8 & 9 \end{pmatrix}_{3 \times 3}$$

### Traza de la Matriz

La traza de la matriz ( $\text{tr}$ ) es igual a la suma de los elementos de la diagonal principal ( $a_{ii}$ ). Es importante en el análisis de componentes principales, dado que se asocia al concepto de varianza. Ej.:  $\text{tr}A = 1 + 5 + 9 = 15$ .

### Transpuesta de una Matriz

La transpuesta de una matriz  $A = (a_{ij})_{m \times n}$  es otra matriz  $n \times m$  que se obtiene de intercambiar las filas por las columnas de A. El elemento  $a_{ij}$  se convierte en el elemento  $a_{ji}$ . La notación de la transpuesta es  $(A)^T$  o  $(A)^I$ . Se utiliza en propiedades de determinantes, los cuales se explican más adelante. Ej.:

$$A = \begin{pmatrix} 1 & 2 \\ 3 & 4 \end{pmatrix}_{2 \times 2} \quad A^T = \begin{pmatrix} 1 & 3 \\ 2 & 4 \end{pmatrix}_{2 \times 2}$$

$$B = \begin{pmatrix} 1 & -3 \\ 5 & 7 \\ -2 & 4 \end{pmatrix}_{3 \times 2} \quad B^T = \begin{pmatrix} 1 & 5 & -2 \\ -3 & 7 & 4 \end{pmatrix}_{2 \times 3}$$

### Propiedades de la Transpuesta

Sean (A) y (B) matrices de tamaño  $m \times n$  y (C) una matriz de tamaño  $m \times q$  y  $z$  un número, la transpuesta presenta las siguientes propiedades:

- i.  $((A)^T)^T = A$
- ii.  $((A) + (B))^T = (A)^T + (B)^T$
- iii.  $((A)(C))^T = (C)^T(A)^T$
- iv.  $(z(B))^T = z(B)^T$

### Determinante de una Matriz

Si el tamaño de la matriz es  $i \times j$ , con  $i=j=1$  tiene un elemento, por lo tanto, su determinante es dicho elemento ( $B$ ) = ( $b$ ), entonces  $|B| = b$ .

El determinante de una matriz cuadrada  $A_{n \times n}$ , es un número único que se le asigna a la matriz. Es decir, el determinante ( $\det$ ) es igual a  $|A|$  para la matriz  $A$ , que es cuadrada.  $|A| = \det(A)$ .

$$\text{Sea } A = \begin{pmatrix} a_{11} & a_{12} \\ a_{21} & a_{22} \end{pmatrix} \Rightarrow |a| = \det(A) = a_{11}a_{22} - a_{21}a_{12}$$

$$\text{Ej.: } B = \begin{pmatrix} 3 & -4 \\ 2 & 5 \end{pmatrix} \Rightarrow |B| = (3 \times 5) - (2 \times (-4)) = 23$$

Como puede verse, al producto de los elementos de la diagonal principal se le resta el producto de los elementos de la diagonal secundaria. Así que:

$$A = \begin{pmatrix} a_{11} & 0 \\ 0 & a_{22} \end{pmatrix} \Rightarrow \det(A) = a_{11}a_{22}$$

La sumatoria  $\sum a_{ii} = a_{11} + a_{22} = t_r A$ , es la traza de  $A$  ( $t_r A$ ) que estima la varianza total. La productoria ( $\pi$ ) de los  $a_{ij}$  es igual a  $\det(A) = |A|$ . En síntesis,  $\pi a_{ii} = a_{11}a_{22} = |A|$  está relacionado con los conceptos de varianza generalizada en el análisis multivariado y con el índice de homogeneidad multivariada (IHM).

### Menores y Cofactores

El menor  $ij$  ( $M_{ij}$ ) de una matriz  $(A)_{n \times n}$  es el determinante de la matriz  $(n-1)(n-1)$ , que resulta de suprimir la  $i$ -ésima fila y la  $j$ -ésima columna de  $(A)$ . El cofactor  $ij$  ( $C_{ij}$ ) es el menor signado, o sea:  $C_{ij} = (-1)^{i+j} M_{ij}$ . El signo se halla mediante el exponente ( $i+j$ ), así:

$$\begin{pmatrix} -1^{1+1} & -1^{1+2} & -1^{1+3} \\ -1^{2+1} & -1^{2+2} & -1^{2+3} \\ -1^{3+1} & -1^{3+2} & -1^{3+3} \end{pmatrix} \Rightarrow \begin{pmatrix} + & - & + \\ - & + & - \\ + & - & + \end{pmatrix}$$

Ej.: dada la matriz  $A = \begin{pmatrix} 1 & -2 & 0 \\ 3 & 1 & 4 \\ -1 & 5 & -3 \end{pmatrix}$ , entonces los menores  $M_{11}$ ,  $M_{12}$ ,  $M_{13}$ ,  $M_{21}$ ,  $M_{31}$  y los cofactores  $C_{11}$ ,  $C_{12}$ ,  $C_{13}$ ,  $C_{21}$ ,  $C_{31}$ , son los siguientes:

$$M_{11} = \begin{pmatrix} x & x & x \\ x & 1 & 4 \\ x & 5 & -3 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1 & 4 \\ 5 & -3 \end{pmatrix} = (1 \times (-3)) - (5 \times 4) = -23; \quad C_{11} = +(-23) \\ = -23$$

$$M_{12} = \begin{pmatrix} x & x & x \\ 3 & x & 4 \\ -1 & x & -3 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 3 & 4 \\ -1 & -3 \end{pmatrix} = ((-1) \times 4) - (3 \times (-3)) = -5; \quad C_{12} = -(-5) \\ = 5$$

$$M_{13} = \begin{pmatrix} x & x & x \\ 3 & 1 & x \\ -1 & 5 & x \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 3 & 1 \\ -1 & 5 \end{pmatrix} = (3 \times 5) - ((-1) \times 1) = 16; \quad C_{13} = +(16) = 16$$

$$M_{21} = \begin{pmatrix} x & -2 & 0 \\ x & x & x \\ x & 5 & -3 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} -2 & 0 \\ 5 & -3 \end{pmatrix} = ((-2) \times (-3)) - (5 \times 0) = 6; \quad C_{21} = -(6) = -6$$

$$M_{31} = \begin{pmatrix} x & -2 & 0 \\ x & 1 & 4 \\ x & x & x \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} -2 & 0 \\ 1 & 4 \end{pmatrix} = ((-2) \times 4) - (1 \times 0) = -8; \quad C_{31} = +(-8) = -8$$

### *Determinante de una Matriz nxn*

El determinante de una matriz  $n \times n$  es igual al producto de los elementos de una fila o columna por los cofactores correspondientes. Ej.: el determinante de la matriz (A), se calcula así:

$$A = \begin{pmatrix} 1 & -2 & 0 \\ 3 & 1 & 4 \\ -1 & 5 & -3 \end{pmatrix}$$

Si se utiliza la fila uno (1 -2 0), el  $\det(A) = 1(-23) + (-2)(5) + (0)(16) = -33$

Si se utiliza la columna uno  $\begin{pmatrix} 1 \\ 3 \\ -1 \end{pmatrix}$ , el  $\det(A) = 1(-23) + 3(-6) + (-1)(-8) = -33$

### *Propiedades de Determinantes*

A continuación, se presentan algunas propiedades de los determinantes:

- i. Si una matriz  $m \times n$  tiene dos filas cuyos componentes son iguales, su determinante es cero.



- ii. Si una matriz  $m \times n$  tiene dos columnas cuyos componentes son iguales, su determinante es cero.
- iii.  $\det((A) \times (B)) = \det(A) \times \det(B)$
- iv. Si en una matriz, los elementos de una fila o de una columna son cero (0), el determinante es igual a cero. Ej.:

$$B = \begin{pmatrix} 1 & 0 & 5 \\ -6 & 0 & 8 \\ 4 & 0 & 9 \end{pmatrix} \Rightarrow |B| = 0$$

$$A = \begin{pmatrix} 1 & -3 & 2 \\ 6 & 7 & 8 \\ 1 & -3 & 2 \end{pmatrix} \Rightarrow |A| = 0$$

- v.  $\det N = \det N^T$ , ej.:

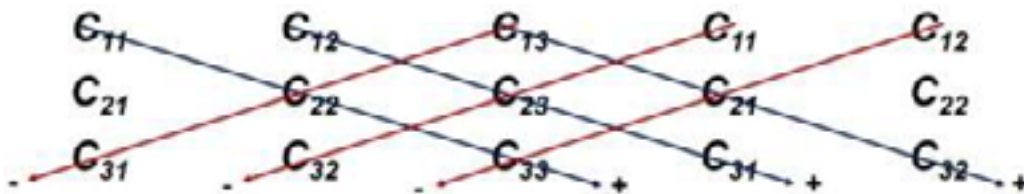
$$N = \begin{pmatrix} 2 & 1 \\ 6 & 4 \end{pmatrix} \Rightarrow \det N = 8 - 6 = 2; \quad N^T = \begin{pmatrix} 2 & 6 \\ 1 & 4 \end{pmatrix} \Rightarrow \det N^T = 8 - 6 = 2$$

Otra estrategia para calcular el determinante de una matriz de tamaño  $3 \times 3$ , es aplicar la regla de Sarrus (Ku Moo, 2017), la cual se describe a continuación:

Se tiene la siguiente matriz:

$$A = \begin{pmatrix} C_{11} & C_{12} & C_{13} \\ C_{21} & C_{22} & C_{23} \\ C_{31} & C_{32} & C_{33} \end{pmatrix}_{m \times n}$$

Ahora se escriben las tres columnas, seguida de la primera y segunda columna, así:



Se obtiene la productoria de los elementos que están atravesados por cada diagonal azul, se suman, y la productoria de los elementos que están atravesados por cada diagonal roja se resta. Entonces:

$$\det A = C_{11}C_{22}C_{33} + C_{12}C_{23}C_{31} + C_{13}C_{21}C_{32} - C_{13}C_{22}C_{31} - C_{11}C_{23}C_{32} - C_{12}C_{21}C_{33}$$

Ej.:

$$B = \begin{pmatrix} 1 & 3 & -1 \\ -4 & 2 & 1 \\ 2 & 1 & 3 \end{pmatrix} \Rightarrow |B|$$

$$= (1 \times 2 \times 3) + (3 \times 1 \times 2) + ((-1) \times (-4) \times 1) - ((-1) \times 2 \times 2) - (1 \times 1 \times 1) - (3 \times (-4) \times 3) = 6 + 6 + 4 + 4 - 1 + 36 = 55$$

Mediante cofactores, primero se toma como referencia una fila o una columna. En este caso, se tomará la fila uno de la matriz ( $B$ ). Luego se toma el primer elemento de la primera fila y a partir de ahí, se producen los menores que se multiplican por los elementos signados de la primera fila para producir los cofactores, los cuales se multiplican por cada elemento de la fila uno en orden correspondiente y se suman algebraicamente, para obtener el determinante, como sigue:

$$\begin{pmatrix} + & - & + \\ - & + & - \\ + & - & + \end{pmatrix} \Rightarrow \text{con base en estos sitios signados, los signos de la primera}$$

fila de la matriz son en su orden: + - +. Ahora, se obtienen los cofactores partiendo de la fila uno, cuyo signo es (+), el cual se multiplica por el menor  $M_{11}$ , y así sucesivamente:

$$B = \begin{pmatrix} x & x & x \\ x & 2 & 1 \\ x & 1 & 3 \end{pmatrix} \Rightarrow C_{11} = (+) \det \begin{pmatrix} 2 & 1 \\ 1 & 3 \end{pmatrix} = (+)(6 - 1) = 5$$

$$B = \begin{pmatrix} x & x & x \\ -4 & x & 1 \\ 2 & x & 3 \end{pmatrix} \Rightarrow C_{12} = (-) \det \begin{pmatrix} -4 & 1 \\ 2 & 3 \end{pmatrix} = (-)(-12 - 2) = 14$$

$$B = \begin{pmatrix} x & x & x \\ -4 & 2 & x \\ 2 & 1 & x \end{pmatrix} \Rightarrow C_{13} = (+) \det \begin{pmatrix} -4 & 2 \\ 2 & 1 \end{pmatrix} = (+)(-4 - 4) = -8$$

Entonces, el  $\det(B) = (1)(5) + (3)(14) + (-1)(-8) = 55$ .

para establecer el determinante de una matriz de tamaño 4x4, se sigue lo planteado por Laplace, cuyo procedimiento se detalla a continuación:

$$F = \begin{pmatrix} 1 & 3 & 4 & 5 \\ 6 & 7 & 8 & 9 \\ 1 & 2 & 3 & 4 \\ 1 & 2 & 3 & 2 \end{pmatrix}$$

Teniendo en cuenta la fila uno de la matriz ( $F$ ), el  $\det(F) = 1B - 3C + 4D - 5E$ , donde  $B$ ,  $C$ ,  $D$  y  $E$  son las submatrices de ( $F$ ), los cuales se describen en seguida:

$$\begin{pmatrix} x & x & x & x \\ x & 7 & 8 & 9 \\ x & 2 & 3 & 4 \\ x & 2 & 3 & 2 \end{pmatrix} \Rightarrow B = \det \begin{pmatrix} 7 & 8 & 9 \\ 2 & 3 & 4 \\ 2 & 3 & 2 \end{pmatrix}$$

$$\begin{pmatrix} x & x & x & x \\ 6 & x & 8 & 9 \\ 1 & x & 3 & 4 \\ 1 & x & 3 & 2 \end{pmatrix} \Rightarrow C = \det \begin{pmatrix} 6 & 8 & 9 \\ 1 & 3 & 4 \\ 1 & 3 & 2 \end{pmatrix}$$

$$\begin{pmatrix} x & x & x & x \\ 6 & 7 & x & 9 \\ 1 & 2 & x & 4 \\ 1 & 2 & x & 2 \end{pmatrix} \Rightarrow D = \det \begin{pmatrix} 6 & 7 & 9 \\ 1 & 2 & 4 \\ 1 & 2 & 2 \end{pmatrix}$$

$$\begin{pmatrix} x & x & x & x \\ 6 & 7 & 8 & x \\ 1 & 2 & 3 & x \\ 1 & 2 & 3 & x \end{pmatrix} \Rightarrow E = \det \begin{pmatrix} 6 & 7 & 8 \\ 1 & 2 & 3 \\ 1 & 2 & 3 \end{pmatrix}$$

Una vez hechos los cálculos, el  $\det (F) = 10$ .

### *Igualdad de Matrices*

Dos matrices del mismo tamaño son iguales si sus componentes correspondientes son iguales, o sea:  $(B) = (b_{ij})_{m \times n} = (A) = (a_{ij})_{m \times n}$ , sí  $b_{ij} = a_{ij}, \forall i, \forall j$ . Ej.:  $N = M$ .

$$N = \begin{pmatrix} 2 & 1 \\ 6 & 4 \end{pmatrix} \quad M = \begin{pmatrix} (4-2) & (2-1) \\ (3+3) & (3+1) \end{pmatrix}$$

### *Vector Fila y Vector Columna*

El vector fila es una matriz fila y el vector columna es una matriz de una columna. Ejs.:

$$a = (a_1 \ a_2 \ a_3 \dots a_n)_{1 \times n} \text{ Vector fila de n columnas}$$

$$b = \begin{pmatrix} b_1 \\ b_2 \\ \vdots \\ b_m \end{pmatrix}_{m \times 1} \text{ Vector columna con m filas}$$

### *Matrices Especiales*

#### *Matriz 1x1*

Es un escalar. Ejs.: (3), (1).

#### *Matriz Simétrica*

Es una matriz donde  $a_{ij} = a_{ji}$ , así:

$$C = \begin{pmatrix} a_{11} & a_{12} & a_{13} \\ a_{21} & a_{22} & a_{23} \\ a_{31} & a_{32} & a_{33} \end{pmatrix}_{3 \times 3}$$

Donde:  $a_{12} = a_{21}$ ,  $a_{13} = a_{31}$ ,  $a_{23} = a_{32}$ . La diagonal principal está formada por los elementos ( $a_{ii}$ ):  $a_{11}$ ,  $a_{22}$ ,  $a_{33}$ . Ejs.:

$$D = \begin{pmatrix} 1 & 2 & 3 \\ 2 & 5 & 8 \\ 3 & 8 & 9 \end{pmatrix}_{3 \times 3} \quad Z = \begin{pmatrix} 1 & 0 & 3 \\ 0 & 3 & -2 \\ 3 & -2 & 2 \end{pmatrix}_{3 \times 3}$$

La diagonal principal en la matriz ( $D$ ) está formada por los elementos:  $d_{11} = 1$ ,  $d_{22} = 5$ ,  $d_{33} = 9$  y en la matriz ( $Z$ ) por los elementos:  $z_{11} = 1$ ,  $z_{22} = 3$ ,  $z_{33} = 2$ .

### Matriz Cuadrada

Es una matriz con un número de filas igual al número de columnas ( $m = n$ ). Ejs.:

$$A = \begin{pmatrix} 1 & 2 \\ 3 & 4 \end{pmatrix}_{2 \times 2} \quad B = \begin{pmatrix} 3 & 0 & 4 \\ 1 & 0 & -1 \\ 0 & 1 & 1 \end{pmatrix}_{3 \times 3}$$

La matriz simétrica es igual a la matriz cuadrada en cuanto al tamaño ( $m = n$ ).

### Matriz Nula

Llamada también matriz cero, puede ser de cualquier tamaño y todos sus componentes son iguales a cero.

$$T = \begin{pmatrix} 0 & 0 \\ 0 & 0 \end{pmatrix}_{2 \times 2} \quad B = \begin{pmatrix} 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{pmatrix}_{3 \times 3}$$

### Matriz Identidad

La matriz identidad ( $I$ ) es una matriz cuadrada, cuyos elementos de la diagonal principal son uno (1) y los elementos no diagonales son cero (0), o sea:  $I_x = (a_{ij})_{m \times n}$  tal que  $a_{ij} = 1$  si  $i = j$ ,  $a_{ij} = 0$  si  $i \neq j$ . Ejs.:

$$I_{2 \times 2} = \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{pmatrix} \quad I_{3 \times 3} = \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix}$$

### Matriz Triangular Superior

Es una matriz de tamaño  $m \times n$ , en donde todos los elementos que están por debajo de la diagonal principal son iguales a cero, de la siguiente manera:

$$B = \begin{pmatrix} b_{11} & b_{12} & b_{13} \\ 0 & b_{22} & b_{23} \\ 0 & 0 & b_{33} \end{pmatrix} \quad C = \begin{pmatrix} 1 & 4 & -2 \\ 0 & 5 & 3 \\ 0 & 0 & 3 \end{pmatrix}$$

A través del método del barrido, una matriz de orden superior (3x3, 4x4) se lleva a una matriz triangular superior, en la cual el determinante corresponde a la  $\prod a_{ii}$ . Ej.

$$C = \begin{pmatrix} 1 & 4 & -2 \\ 0 & 5 & 3 \\ 0 & 0 & 3 \end{pmatrix} \Rightarrow \det(C) = \prod C_{ii} = 1 \times 5 \times 3 = 15$$

Lo cual puede demostrarse a partir de la matriz triangular superior (B):

$$B = \begin{pmatrix} b_{11} & b_{12} & b_{13} \\ 0 & b_{22} & b_{23} \\ 0 & 0 & b_{33} \end{pmatrix}$$

Teniendo en cuenta el método de Laplace para los determinantes de matrices 3x3, a partir de la matriz (B), se tiene que:

$$\det(B) = b_{11} \det \begin{pmatrix} x & x & x \\ x & b_{22} & b_{23} \\ x & 0 & b_{33} \end{pmatrix} - b_{12} \det \begin{pmatrix} x & x & x \\ 0 & x & b_{23} \\ 0 & x & b_{33} \end{pmatrix} + b_{13} \det \begin{pmatrix} x & x & x \\ 0 & b_{22} & x \\ 0 & 0 & x \end{pmatrix}$$

$$\det(B) = b_{11}(b_{22}b_{33} - 0) - b_{12}(0) + b_{13}(0) = b_{11}b_{22}b_{33}$$

Por lo tanto, si se tiene una matriz (C), para obtener el  $\det(C)$  se debe transformar (C) a una matriz triangular superior. Para transformar, se recurre a las operaciones de fila de matrices, las cuales se reducen a dos:

- i. Fila i +- Fila i'
- ii. k x Fila i con  $k \neq 0$ , donde k es constante

Este proceso también se conoce como el método de barrido para obtener una matriz de orden superior 3x3, 4x4. Ej.:

$$A = \begin{pmatrix} 2 & 3 \\ 5 & 4 \end{pmatrix}$$

Se tiene que  $I_0$  es el punto de partida que pertenece a la fila uno con el pivote (2). En la triangular de una matriz 2x2, el componente  $a_{21} = 0$ . Entonces, el primer paso es convertir el pivote de la fila uno ( $I_0$ ) a uno, de este modo:

$$\begin{pmatrix} 2 & 3 \\ 5 & 4 \end{pmatrix} \rightarrow \begin{matrix} \text{fila } I_0 \\ \text{fila } II_0 \end{matrix} \Rightarrow I_1 = I_0/2 \rightarrow \begin{pmatrix} 1 & 3/2 \\ 5 & 4 \end{pmatrix}$$

Luego se aplican los puntos i e ii consecutivamente a la fila dos ( $II_0$ ):

$$\begin{pmatrix} 1 & 3/2 \\ 5 & 4 \end{pmatrix} \rightarrow \begin{matrix} I_1 \\ II_0 \end{matrix} \Rightarrow II_1 = -5I_1 + II_0 \rightarrow \begin{pmatrix} 1 & 3/2 \\ 0 & -7/2 \end{pmatrix}$$

Una vez se obtiene la matriz triangular de (A), se calcula el  $\det(A)$ , así:

$$\det(A) = 2 \times (1 \times (-7/2)) = -7$$

En una matriz 3x3, el procedimiento es similar. Ej.:

$$C = \begin{pmatrix} 3 & 5 & 4 \\ 2 & 6 & 1 \\ 5 & 2 & 1 \end{pmatrix}$$

El punto de partida de la fila uno ( $I_0$ ) es el pivote (3). En la triangular de una matriz 3x3, los componentes  $c_{22}$ ,  $c_{31}$ ,  $c_{32}$ , son cero. Entonces, el primer paso es convertir el pivote a uno:

$$\begin{pmatrix} 3 & 5 & 4 \\ 2 & 6 & 1 \\ 5 & 2 & 1 \end{pmatrix} \rightarrow \begin{matrix} \text{fila } I_0 \\ \text{fila } II_0 \\ \text{fila } III_0 \end{matrix} \Rightarrow I_1 = I_0/3 \rightarrow \begin{pmatrix} 1 & 5/3 & 4/3 \\ 2 & 6 & 1 \\ 5 & 2 & 1 \end{pmatrix}$$

Ahora se convierten los elementos ubicados debajo de la diagonal principal (2, 5, 2) a cero (0), de la siguiente manera:

$$\begin{pmatrix} 1 & 5/3 & 4/3 \\ 2 & 6 & 1 \\ 5 & 2 & 1 \end{pmatrix} \rightarrow \begin{matrix} I_1 \\ II_0 \\ III_0 \end{matrix} \Rightarrow \begin{matrix} II_1 = -2I_1 + II_0 \\ III_1 = -5I_1 + III_0 \end{matrix} \rightarrow \begin{pmatrix} 1 & 5/3 & 4/3 \\ 0 & 8/3 & -5/3 \\ 0 & -19/3 & -17/3 \end{pmatrix}$$

$$\begin{pmatrix} 1 & 5/3 & 4/3 \\ 0 & 8/3 & -5/3 \\ 0 & -19/3 & -17/3 \end{pmatrix} \rightarrow \begin{matrix} I_1 \\ II_1 \\ III_1 \end{matrix} \Rightarrow \begin{matrix} II_2 = II_1/(8/3) \\ III_2 = (19/3)II_1 - III_1 \end{matrix} \rightarrow \begin{pmatrix} 1 & 5/3 & 4/3 \\ 0 & 1 & -5/8 \\ 0 & 0 & -77/8 \end{pmatrix}$$

A partir de esta última matriz, se obtiene el  $\det(C)$ :

$$\det(C) = 3 \times (8/3) \times (-77/8) = -77$$

Otra forma de calcular el determinante, es transformar (C) a una matriz triangular superior por el método de eliminación de Gauss (Liesen & Mehrmann, 2010), el cual básicamente es muy parecido al método de barrido, pero con la diferencia de que una vez se obtiene la matriz triangular superior, el determinante se obtiene directamente, como sigue:

A partir de  $C = \begin{pmatrix} 3 & 5 & 4 \\ 2 & 6 & 1 \\ 5 & 2 & 1 \end{pmatrix}$ , se convierten los elementos 2, 5 y 2 en ceros. El primer paso, consiste en convertir al pivote 3 en uno (1), entonces a la fila 1 ( $I_0$ ) se le resta la fila 2 ( $II_0$ ):

$$C = \begin{pmatrix} 3 & 5 & 4 \\ 2 & 6 & 1 \\ 5 & 2 & 1 \end{pmatrix} \rightarrow \begin{matrix} \text{fila } I_0 \\ \text{fila } II_0 \\ \text{fila } III_0 \end{matrix} \Rightarrow I_1 = I_0 - II_0 \rightarrow \begin{pmatrix} 1 & -1 & 3 \\ 2 & 6 & 1 \\ 5 & 2 & 1 \end{pmatrix}$$

Luego, se hacen las operaciones para obtener la matriz triangular superior:

$$\begin{pmatrix} 1 & -1 & 3 \\ 2 & 6 & 1 \\ 5 & 2 & 1 \end{pmatrix} \xrightarrow{\begin{matrix} I_1 \\ II_0 \\ III_0 \end{matrix}} \begin{matrix} I_1 \\ II_1 = -2I_0 + II_0 \\ III_1 = -5I_0 + III_0 \end{matrix} \rightarrow \begin{pmatrix} 1 & -1 & 3 \\ 0 & 8 & -5 \\ 0 & 7 & -14 \end{pmatrix}$$

$$\begin{pmatrix} 1 & -1 & 3 \\ 0 & 8 & -5 \\ 0 & 7 & -14 \end{pmatrix} \xrightarrow{\begin{matrix} I_1 \\ II_1 \\ III_1 \end{matrix}} \begin{matrix} I_1 \\ II_1 \\ III_2 = (-7/8)II_1 + III_1 \end{matrix} \rightarrow \begin{pmatrix} 1 & -1 & 3 \\ 0 & 8 & -5 \\ 0 & 0 & -77/8 \end{pmatrix}$$

Una vez se obtiene la matriz triangular superior, se obtiene el  $\det(C)$ :

$$\det(C) = 1 \times 8 \times (-77/8) = -77$$

### Matriz Triangular Inferior

Es una matriz de tamaño  $m \times n$ , donde todos los elementos que están por encima de la diagonal principal son iguales a cero:

$$D = \begin{pmatrix} d_{11} & 0 & 0 \\ d_{21} & d_{22} & 0 \\ d_{31} & d_{32} & d_{33} \end{pmatrix} \quad E = \begin{pmatrix} 4 & 0 & 0 \\ -2 & 1 & 0 \\ 4 & 5 & -1 \end{pmatrix}$$

$$\det(D) = d_{11}d_{22}d_{33}; \quad \det(E) = -4$$

### Matriz Diagonal

Es una matriz simétrica en la que todos los elementos que están por fuera de la diagonal principal son iguales a cero, tal como se presenta a continuación:

$$X = \begin{pmatrix} x_{11} & 0 & 0 \\ 0 & x_{22} & 0 \\ 0 & 0 & x_{33} \end{pmatrix} \quad A = \begin{pmatrix} 4 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & -1 \end{pmatrix}$$

### Matriz Adjunta

Sea ( $A$ ) una matriz  $n \times n$ . Si se construye una matriz ( $B$ ) con los cofactores del  $\det(A)$ , y luego se calcula la transpuesta de ( $B$ ), la matriz resultante es la adjunta de ( $A$ ) ( $Adj(A)$ ). Ej.:

$$\text{Sea } A = \begin{pmatrix} 4 & 3 & 2 \\ 1 & 1 & 0 \\ 3 & 3 & 2 \end{pmatrix}$$

Para hallar la  $Adj(A)$ , primero se calculan los cofactores. Entonces, los cofactores corresponden a:

$$C_{11} = (+)\det \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 3 & 2 \end{pmatrix} = (+)(2 - 0) = 2$$

$$C_{12} = (-)\det \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 3 & 2 \end{pmatrix} = (-)(2 - 0) = -2$$

$$C_{13} = (+)\det \begin{pmatrix} 1 & 1 \\ 3 & 3 \end{pmatrix} = (+)(3 - 3) = 0$$

$$C_{21} = (-)\det \begin{pmatrix} 3 & 2 \\ 3 & 2 \end{pmatrix} = (-)(6 - 6) = 0$$

$$C_{22} = (+)\det \begin{pmatrix} 4 & 2 \\ 3 & 2 \end{pmatrix} = (+)(8 - 6) = 2$$

$$C_{23} = (-)\det \begin{pmatrix} 4 & 3 \\ 3 & 3 \end{pmatrix} = (-)(12 - 9) = -3$$

$$C_{31} = (+)\det \begin{pmatrix} 3 & 2 \\ 1 & 0 \end{pmatrix} = (+)(0 - 2) = -2$$

$$C_{32} = (-)\det \begin{pmatrix} 4 & 2 \\ 1 & 0 \end{pmatrix} = (-)(4 - 2) = -2$$

$$C_{33} = (+)\det \begin{pmatrix} 4 & 3 \\ 1 & 1 \end{pmatrix} = (+)(4 - 3) = 1$$



$$\text{Luego, } B = \begin{pmatrix} 2 & -2 & 0 \\ 0 & 2 & -3 \\ -2 & -2 & 1 \end{pmatrix} \Rightarrow \text{Adj}(A) = B^T = \begin{pmatrix} 2 & 0 & -2 \\ -2 & 2 & -2 \\ 0 & -3 & 1 \end{pmatrix}$$

### Operaciones con matrices

Las operaciones con matrices corresponden a la suma algebraica (+ o -), la multiplicación. En matrices no hay división. La inversión reemplaza a la división.

### Suma algebraica

Dos matrices  $(A)$  y  $(B)$ , están disponibles para la suma *si y solo si (sii)*, el orden de  $(A)$  es igual al orden de  $(B)$  o del mismo tamaño. La suma de  $(A) = (a_{ij})_{m \times n}$  y  $(B) = (b_{ij})_{m \times n}$  es una matriz  $(C) = (c_{ij})_{m \times n}$ , tal que:  $c_{ij} = a_{ij} + b_{ij}$ . Así:

$$A = \begin{pmatrix} a_{11} & a_{12} & a_{13} \\ a_{21} & a_{22} & a_{23} \end{pmatrix}_{2 \times 3} \quad B = \begin{pmatrix} b_{11} & b_{12} & b_{13} \\ b_{21} & b_{22} & b_{23} \end{pmatrix}_{2 \times 3}$$

$$A \pm B = C = \begin{pmatrix} a_{11} \pm b_{11} & a_{12} \pm b_{12} & a_{13} \pm b_{13} \\ a_{21} \pm b_{21} & a_{22} \pm b_{22} & a_{23} \pm b_{23} \end{pmatrix}_{2 \times 3}$$

$$\text{Ejs.: } A = \begin{pmatrix} 1 & 2 \\ 4 & -3 \\ 2 & 0 \end{pmatrix} \quad B = \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ -2 & 3 \\ 3 & 4 \end{pmatrix} \quad A + B = \begin{pmatrix} 2 & 2 \\ 2 & 0 \\ 5 & 4 \end{pmatrix}$$

### Teorema 1

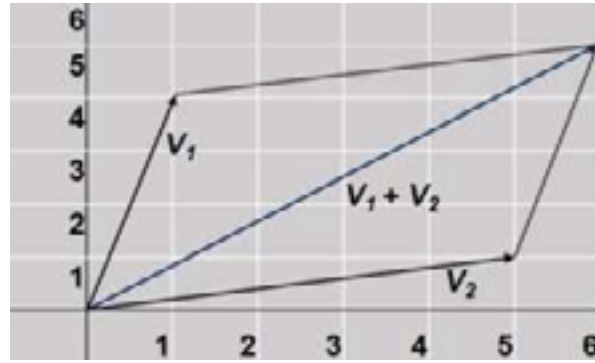
Si  $(A)$ ,  $(B)$  y  $(C)$  son matrices  $m \times n$  y  $\alpha$  es un escalar, entonces:

- i.  $(A) + [(B) + (C)] = [(A) + (B)] + (C)$  se cumple con la propiedad asociativa.
- ii.  $(A) + (B) = (B) + (A)$  se cumple con la propiedad conmutativa.
- iii.  $(A) + 0 = (A)$  se cumple con la propiedad modulativa.
- iv.  $\alpha[(A) + (B)] = \alpha(A) + \alpha(B)$  se cumple con la propiedad distributiva.
- v.  $(A) + (-A) = 0$  se obtiene la matriz cero.

Ahora bien, si se consideran dos vectores  $V_1$  y  $V_2$ , la suma de estos vectores corresponde a la diagonal de un paralelogramo. Ej:

$$V_1 = \begin{pmatrix} 1 \\ 4 \end{pmatrix} \quad y \quad V_2 = \begin{pmatrix} 5 \\ 1 \end{pmatrix} \Rightarrow V_1 + V_2 = \begin{pmatrix} 6 \\ 5 \end{pmatrix}$$

Gráficamente, se observa así:



### Multiplicación

Si un vector fila ( $a$ ) se multiplica por un vector columna ( $b$ ) se obtiene un escalar. Dos vectores ( $a$ ) y ( $b$ ) están disponibles para la multiplicación si el número de columna de ( $a$ ) es igual al número de filas de ( $b$ ):

$$a = (a_1 \quad a_2 \quad a_3)_{1 \times 3} \quad b = \begin{pmatrix} b_1 \\ b_2 \\ b_3 \end{pmatrix}_{3 \times 1}$$

El producto  $axb$  es igual a la suma de los productos uno a uno de sus elementos y resulta en una matriz  $1 \times 1$  (escalar),  $(a)_{1 \times 3} \times (b)_{3 \times 1} = (\text{escalar})_{1 \times 1}$ .

$$a = (a_1 \quad a_2 \quad a_3)_{1 \times 3} \quad b = \begin{pmatrix} b_1 \\ b_2 \\ b_3 \end{pmatrix}_{3 \times 1} \rightarrow a \times b = (a_1 b_1 + a_2 b_2 + a_3 b_3)_{1 \times 1}$$

$$a = (2 \quad 1 \quad 2)_{1 \times 3} \quad b = \begin{pmatrix} 3 \\ 1 \\ 0 \end{pmatrix}_{3 \times 1} \rightarrow a \times b = [(2 \times 3) + (1 \times 1) + (2 \times 0)] = 7$$

### Multiplicación de matrices

Dadas las matrices  $(A) = (a_{ik})_{m \times n}$  y  $(B) = (b_{kj})_{n \times p}$ . El producto  $(A) \times (B)$ , es una matriz  $(C) = (C_{ij})_{m \times p}$ , donde  $C_{ij}$  se obtiene multiplicando la fila  $i$  de  $(A)$  por la columna  $j$  de  $(B)$  [ $C_{ij} = (\text{fila } i \text{ de } A) (\text{columna } j \text{ de } B)$ ]. Ej.:

$$C_{ij} = (a_{i1} \quad a_{i2} \quad \dots \quad a_{in}) \begin{pmatrix} b_{1j} \\ b_{2j} \\ \vdots \\ b_{nj} \end{pmatrix}$$

$$C_{ij} = a_{i1}b_{1j} + a_{i2}b_{2j} + \dots + a_{in}b_{nj}; \text{ si } n = k, \Rightarrow C_{ij} = \sum_{k=1}^n a_{ik}b_{kj}$$

De lo anterior, se desprende que las matrices  $(A)$  y  $(B)$  están disponibles para la multiplicación  $(A) \times (B)$ , si el número de columnas de  $(A)$  es igual al número de filas de  $(B)$ . En general,  $(A)_{m \times p} \times (B)_{p \times n} = (A \times B)_{m \times n}$ . Ejs.:

$$i) A = \begin{pmatrix} 1 & 3 & 2 \\ 4 & 0 & 1 \end{pmatrix}_{2 \times 3} \text{ y } B = \begin{pmatrix} 1 & 3 & 0 \\ 2 & 1 & 2 \\ 3 & 1 & 1 \end{pmatrix}_{3 \times 3} \Rightarrow A \times B = \begin{pmatrix} 1 & 3 & 2 \\ 4 & 0 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 1 & 3 & 0 \\ 2 & 1 & 2 \\ 3 & 1 & 1 \end{pmatrix} \Rightarrow$$

$$AB = \begin{pmatrix} 13 & 8 & 8 \\ 7 & 13 & 1 \end{pmatrix}_{2 \times 3}$$

Teniendo en cuenta el tamaño de las matrices involucradas en esta multiplicación, se tiene que  $(2 \times 3) (3 \times 3) = 2 \times 3$ .

$$ii) A = \begin{pmatrix} 1 & 0 & -1 \\ 2 & 1 & 3 \\ -1 & 1 & 0 \end{pmatrix}_{3 \times 3} \text{ y } B = \begin{pmatrix} 1 & 2 & 0 & 5 \\ 0 & -3 & 0 & -6 \\ 1 & 1 & 4 & 8 \end{pmatrix}_{3 \times 4}$$

$$\Rightarrow A \times B = (C_{ij})_{3 \times 4} = \begin{pmatrix} C_{11} & C_{12} & C_{13} & C_{14} \\ C_{21} & C_{22} & C_{23} & C_{24} \\ C_{31} & C_{32} & C_{33} & C_{34} \end{pmatrix}_{3 \times 4} = \begin{pmatrix} 0 & 1 & -4 & -3 \\ 5 & 4 & 12 & 28 \\ -1 & -5 & 0 & -11 \end{pmatrix}_{3 \times 4}$$

$$iii) A = \begin{pmatrix} 1 & 3 \\ 2 & 5 \end{pmatrix} \text{ y } B = \begin{pmatrix} 0 & -1 \\ 4 & 3 \end{pmatrix} \Rightarrow A \times B = \begin{pmatrix} 12 & 8 \\ 20 & 13 \end{pmatrix}; B \times A = \begin{pmatrix} -2 & -5 \\ 10 & 27 \end{pmatrix}$$

En general,  $AB \neq BA$ . En el producto de matrices se cumple la conmutatividad. El producto de una matriz  $(A)_{n \times n}$  por la idéntica  $(I_n)$  es igual a  $(A)_{n \times n}$ .

$$iv) A = \begin{pmatrix} 1 & 0 & -1 \\ 2 & 1 & 3 \\ -1 & 1 & 0 \end{pmatrix}_{3 \times 3} \text{ y } I_3 = \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix}_{3 \times 3} \Rightarrow$$

$$A \times I_3 = \begin{pmatrix} 1 & 0 & -1 \\ 2 & 1 & 3 \\ -1 & 1 & 0 \end{pmatrix} \times \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1 & 0 & -1 \\ 2 & 1 & 3 \\ -1 & 1 & 0 \end{pmatrix}_{3 \times 3}$$

Además, se tiene que  $A I_3 = I_3 A = A$ .

$$v) \Rightarrow I_3 \times A = \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \times \begin{pmatrix} 1 & 0 & -1 \\ 2 & 1 & 3 \\ -1 & 1 & 0 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1 & 0 & -1 \\ 2 & 1 & 3 \\ -1 & 1 & 0 \end{pmatrix}_{3 \times 3}$$

## Teorema 2

Sean las matrices  $(A) = (a_{ij})$ ,  $(B) = (b_{ij})$  y  $(C) = (c_{ij})$  y el escalar  $\alpha$ , entonces:

- i.  $(A)(BC) = (AB)(C)$  se cumple con la propiedad asociativa.
- ii.  $\alpha(AB) = (\alpha A)(B) = (A)(\alpha A)$  propiedad asociativa con un escalar.
- iii.  $(A)(B+C) = (AB) + (AC)$  se cumple con la propiedad distributiva izquierda.
- iv.  $(A+B)(C) = (AC) + (BC)$  se cumple con la propiedad distributiva derecha.
- v.  $I(A)=A$  ó  $BI = B$  producto por una matriz identidad.

### Inversión de Matrices

Dada una matriz cuadrada  $(A)_{n \times n}$ , si existe otra matriz  $(B)_{n \times n}$ , tal que  $(AB) = (BA) = I_n$ , se dice que  $(B)$  es la inversa de  $(A)$ , cuya notación es  $B = A^{-1}$ , y se escribe  $AA^{-1} = A^{-1}A = I_n$ . No todas las matrices cuadradas tienen su inversa. Existen muchas matrices que no son invertibles. Si  $(A)$  tiene inversa se llama invertible, inversible o no singular.

### Propiedades de la Inversa

- i.  $(A)(A)^{-1} = I_n$
- ii.  $(A \times B)^{-1} = (A)^{-1} \times (B)^{-1}$
- iii.  $(A^{-1})^{-1} = A$

### Teorema 3

Sea  $(A)$  una matriz cuadrada, entonces:

- i. La inversa de una matriz  $(A)$ , es otra matriz  $A^{-1}$  tal que  $AA^{-1} = A^{-1}A = I$ .
- ii. Si  $(A)$  es una matriz invertible o sea no singular, entonces  $\det(A) \neq 0$ . Entonces,  $A^{-1}$  para matrices cuadradas se da si  $\det(A) = |A| \neq 0$ , dado que  $\det(AA^{-1}) = \det(I) \Rightarrow (\det A)(\det A^{-1}) = 1$ ;  $\det(A) \neq 0 \wedge \det A^{-1} \neq 0$ .

Ejs.: i)  $A = \begin{pmatrix} 5 & 10 \\ 2 & 4 \end{pmatrix} \rightarrow \det(A) = 0 \Rightarrow (A) \text{ es singular y } A^{-1} \text{ no existe.}$

$$ii) B = \begin{pmatrix} 1 & 2 & 3 \\ 2 & 4 & 6 \\ 1 & 0 & 1 \end{pmatrix}$$

La pregunta es, ¿existe  $B^{-1}$ ? Para resolver la pregunta, hay que calcular el  $\det(B)$  mediante el procedimiento Gaussiano, así:

$$\begin{aligned}
 B = \begin{pmatrix} 1 & 2 & 3 \\ 2 & 4 & 6 \\ 1 & 0 & 1 \end{pmatrix} &\rightarrow \begin{array}{l} \text{fila } I_0 \\ \text{fila } II_0 \\ \text{fila } III_0 \end{array} \Rightarrow \begin{array}{l} I_1 = I_0 \\ II_1 = II_0 - 2I_0 \\ III_1 = III_0 \end{array} \Rightarrow \begin{pmatrix} 1 & 2 & 3 \\ 0 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 1 \end{pmatrix} \\
 \begin{pmatrix} 1 & 2 & 3 \\ 0 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 1 \end{pmatrix} &\rightarrow \begin{array}{l} I_1 \\ II_1 \\ III_1 \end{array} \Rightarrow \begin{array}{l} I_2 = I_1 \\ II_2 = II_1 \\ III_2 = III_1 - I_1 \end{array} \Rightarrow \begin{pmatrix} 1 & 2 & 3 \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & -2 & -2 \end{pmatrix} \\
 \begin{pmatrix} 1 & 2 & 3 \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & -2 & -2 \end{pmatrix} &\rightarrow \begin{array}{l} I_2 \\ II_2 \\ III_2 \end{array} \Rightarrow \begin{array}{l} I_3 = I_2 \\ II_3 = II_2 \leftrightarrow III_2 \\ III_3 = III_2 \leftrightarrow III_2 \end{array} \Rightarrow \begin{pmatrix} 1 & 2 & 3 \\ 0 & -2 & -2 \\ 0 & 0 & 0 \end{pmatrix}
 \end{aligned}$$

Con base en la última matriz triangular, el  $\det(B) = 1 \times (-2) \times 0 = 0$ , entonces  $B^{-1}$  no existe, por lo tanto,  $B$  es singular y no tiene inversa. Una matriz cuadrada, cuyo determinante es cero, es singular y no es invertible.

Ahora bien, si se tiene una matriz cuyo determinante es diferente de cero, la inversa se puede calcular mediante dos rutinas, una con base en el teorema 4, y otra que aplica el método de Gauss. A continuación, se describen estas operaciones.

#### Teorema 4

Si  $(A)$  es una matriz  $n \times n$ , entonces  $(A)(AdjA) = (\det(A)) I_n$ . Si:

$$(A)(AdjA) = (\det(A))I_n \Rightarrow (A) \frac{Adj(A)}{\det(A)} = I_n \Rightarrow (A) \left( \frac{Adj(A)}{\det(A)} \right) = I_n$$

#### Corolario

Si  $\det(A) \neq 0$ , se tiene que:

$$A^{-1} = \frac{1}{\det(A)} (Adj(A))$$

Ej.: Dada la matriz  $D = \begin{pmatrix} 2 & 4 & 3 \\ 0 & 1 & -1 \\ 3 & 5 & 7 \end{pmatrix} \rightarrow \det(D) = 2(12) - 0(-13) + 3(-7) = 3 \neq 0$

Por lo tanto,  $D$  es invertible. El primer paso para obtener  $D^{-1}$  es calcular la  $Adj(D)$ , que es igual a:

$$AdjD = \begin{pmatrix} 12 & -13 & -7 \\ -3 & 5 & 2 \\ -3 & 2 & 2 \end{pmatrix} \Rightarrow D^{-1} = \frac{1}{3} \begin{pmatrix} 12 & -13 & -7 \\ -3 & 5 & 2 \\ -3 & 2 & 2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 4 & -13/3 & -7/3 \\ -1 & 5/3 & 2/3 \\ -1 & 2/3 & 2/3 \end{pmatrix}$$

Para probar que  $D^{-1}$  es la inversa de  $D$ , se debe cumplir que  $D^{-1}D = I_n$ . De ahí que:

$$D^{-1}D = \begin{pmatrix} 4 & -13/3 & -7/3 \\ -1 & 5/3 & 2/3 \\ -1 & 2/3 & 2/3 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 2 & 4 & 3 \\ 0 & 1 & -1 \\ 3 & 5 & 7 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix}$$

El método de Gauss consiste en realizar operaciones de fila a partir de:

$$\left( \begin{array}{cc|cc} a_{11} & a_{12} & 1 & 0 \\ a_{21} & a_{22} & 0 & 1 \end{array} \right), \text{ para llegar a una estructura como } (In | A^{-1}): \left( \begin{array}{cc|cc} 1 & 0 & a_{11}^{-1} & a_{12}^{-1} \\ 0 & 1 & a_{21}^{-1} & a_{22}^{-1} \end{array} \right)$$

Ej: Se tiene la matriz  $F = \begin{pmatrix} 1 & 7 \\ 2 & 4 \end{pmatrix} \rightarrow \det(F) = -10$ . El  $\det(A) \neq 0$ , por lo tanto, existe  $F^{-1}$ , la cual se obtiene a través del procedimiento gaussiano, así:

$$\left( \begin{array}{cc|cc} 1 & 7 & 1 & 0 \\ 2 & 4 & 0 & 1 \end{array} \right) \xrightarrow{I_0} \begin{matrix} I_0 \\ II_0 \end{matrix}$$

A partir del pivote de la fila uno ( $I_0$ ), que debe ser uno, los elementos de la diagonal principal se convertirán en uno, mientras que el resto de elementos serán cero. Esta matriz toma el nombre de escalonada reducida.

$$\left( \begin{array}{cc|cc} 1 & 7 & 1 & 0 \\ 2 & 4 & 0 & 1 \end{array} \right) \xrightarrow{I_0} \begin{matrix} I_0 \\ II_0 \end{matrix} \Rightarrow I_1 = I_0 \Rightarrow \left( \begin{array}{cc|cc} 1 & 7 & 1 & 0 \\ 0 & -10 & -2 & 1 \end{array} \right)$$

$$\left( \begin{array}{cc|cc} 1 & 7 & 1 & 0 \\ 0 & -10 & -2 & 1 \end{array} \right) \xrightarrow{II_1} \begin{matrix} I_1 \\ II_1 \end{matrix} \Rightarrow I_2 = I_1 \Rightarrow \left( \begin{array}{cc|cc} 1 & 7 & 1 & 0 \\ 0 & 1 & 1/5 & -1/10 \end{array} \right)$$

$$\left( \begin{array}{cc|cc} 1 & 7 & 1 & 0 \\ 0 & 1 & 1/5 & -1/10 \end{array} \right) \xrightarrow{I_2} \begin{matrix} I_2 \\ II_2 \end{matrix} \Rightarrow I_3 = -7I_2 + I_1 \Rightarrow \left( \begin{array}{cc|cc} 1 & 0 & -2/5 & 7/10 \\ 0 & 1 & 1/5 & -1/10 \end{array} \right)$$

$$F^{-1} = \begin{pmatrix} -2/5 & 7/10 \\ 1/5 & -1/10 \end{pmatrix}$$

Para probar si  $F^{-1}$  es la inversa de  $F$ , se aplica la propiedad  $FF^{-1} = F^{-1}F = I$ , como sigue:

$$FF^{-1} = \begin{pmatrix} 1 & 7 \\ 2 & 4 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} -2/5 & 7/10 \\ 1/5 & -1/10 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{pmatrix}$$

En una matriz 3 x 3, se recurre al mismo procedimiento. Ej.1:

$$Z = \begin{pmatrix} -3 & 2 & 3 \\ 4 & 1 & 0 \\ 5 & 6 & 7 \end{pmatrix} \Rightarrow \det(Z) = -3(7) - (2 \times 28) + (3 \times 19) = -20$$

El  $\det(Z) \neq 0$ , entonces,  $Z^{-1}$  existe. Luego, se construye la matriz ampliada de la forma:

$$\left( \begin{array}{ccc|ccc} -3 & 2 & 3 & 1 & 0 & 0 \\ 4 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 5 & 6 & 7 & 0 & 0 & 1 \end{array} \right) \rightarrow \begin{matrix} I_0 \\ II_0 \\ III_0 \end{matrix}$$

Se convierte el componente  $z_{11}$  en uno y es el pivote de la fila uno, para luego, mediante operaciones de fila, obtener la escalonada reducida en la izquierda y la inversa a la derecha. Por lo tanto:

$$\left( \begin{array}{ccc|ccc} -3 & 2 & 3 & 1 & 0 & 0 \\ 4 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 5 & 6 & 7 & 0 & 0 & 1 \end{array} \right) \xrightarrow{\begin{matrix} I_0 \\ II_0 \\ III_0 \end{matrix}} \begin{matrix} I_1 = I_0/(-3) \\ II_1 = -4I_1 + II_0 \\ III_1 = -5I_1 + III_0 \end{matrix} \left( \begin{array}{ccc|ccc} 1 & -2/3 & -1 & -1/3 & 0 & 0 \\ 0 & 11/3 & 4 & 4/3 & 1 & 0 \\ 0 & 28/3 & 12 & 5/3 & 0 & 1 \end{array} \right)$$

$$\left( \begin{array}{ccc|ccc} 1 & -2/3 & -1 & -1/3 & 0 & 0 \\ 0 & 11/3 & 4 & 4/3 & 1 & 0 \\ 0 & 28/3 & 12 & 5/3 & 0 & 1 \end{array} \right) \xrightarrow{\begin{matrix} I_1 \\ II_1 \\ III_1 \end{matrix}} \begin{matrix} \text{paso 2 } I_2 = (2/3)II_1 + I_1 \\ \text{paso 1 } II_2 = (3/11)II_1 \\ \text{paso 3 } III_2 = (-28/3)II_1 + III_1 \end{matrix} \Rightarrow$$

$$\left( \begin{array}{ccc|ccc} 1 & 0 & -3/11 & -1/11 & 2/11 & 0 \\ 0 & 1 & 12/11 & 4/11 & 3/11 & 0 \\ 0 & 0 & 20/11 & -57/33 & -28/11 & 1 \end{array} \right) \xrightarrow{\begin{matrix} I_2 \\ II_2 \\ III_2 \end{matrix}} \begin{matrix} \text{paso 2 } I_3 = (3/11)III_2 + I_2 \\ \text{paso 3 } II_3 = (-12/11)III_2 + II_2 \\ \text{paso 1 } III_3 = III_2(11/20) \end{matrix} \Rightarrow$$

$$\begin{matrix} I_3 \\ II_3 \\ III_3 \end{matrix} \rightarrow \left( \begin{array}{ccc|ccc} 1 & 0 & 0 & -77/220 & -1/5 & 3/20 \\ 0 & 1 & 0 & 7/5 & 9/5 & -3/5 \\ 0 & 0 & 1 & -57/60 & -7/5 & 11/20 \end{array} \right)$$

$$ZZ^{-1} = \begin{pmatrix} -3 & 2 & 3 \\ 4 & 1 & 0 \\ 5 & 6 & 7 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} -77/220 & -1/5 & 3/20 \\ 7/5 & 9/5 & -3/5 \\ -57/60 & -7/5 & 11/20 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix}$$

Ej 2: Sea la matriz (B)

$$B = \begin{pmatrix} 1 & 2 & 2 \\ 0 & 3 & 4 \\ 1 & 1 & 1 \end{pmatrix} \Rightarrow \det(B) = 1(-1) - 2(-4) + (2)(-3) = 1$$

El  $\det(B) \neq 0$ , entonces  $B^{-1}$  existe. Para su cálculo, se plantea la matriz ampliada de la forma:

$$\begin{pmatrix} 1 & 2 & 2 & | & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 3 & 4 & | & 0 & 1 & 0 \\ 1 & 1 & 1 & | & 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \xrightarrow{\begin{matrix} I_0 \\ II_0 \\ III_0 \end{matrix}} \begin{matrix} \text{paso 3 } I_1 = 2III_1 + I_0 \\ \text{paso 2 } II_1 = II_0/3 \\ \text{paso 1 } III_1 = III_0 - I_0 \end{matrix} \Rightarrow$$

$$\begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 & | & -1 & 0 & 2 \\ 0 & 1 & 4/3 & | & 0 & 1/3 & 0 \\ 0 & -1 & -1 & | & -1 & 0 & 1 \end{pmatrix} \xrightarrow{\begin{matrix} I_1 \\ II_1 \\ III_1 \end{matrix}} \begin{matrix} I_2 = I_1 \\ II_2 = II_1 \\ III_2 = III_1 + II_1 \end{matrix} \Rightarrow$$

$$\begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 & | & -1 & 0 & 2 \\ 0 & 1 & 4/3 & | & 0 & 1/3 & 0 \\ 0 & 0 & 1/3 & | & -1 & 1/3 & 1 \end{pmatrix} \xrightarrow{\begin{matrix} I_2 \\ II_2 \\ III_2 \end{matrix}} \begin{matrix} I_3 = I_2 \\ II_3 = (-4/3)III_2 + II_2 \\ \text{paso 1 } III_3 = III_2/(1/3) \end{matrix} \Rightarrow$$

$$\begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 & | & -1 & 0 & 2 \\ 0 & 1 & 0 & | & 4 & -1 & -4 \\ 0 & 0 & 1 & | & -3 & 1 & 3 \end{pmatrix} \xrightarrow{\begin{matrix} I_3 \\ II_3 \\ III_3 \end{matrix}} \Rightarrow B^{-1} = \begin{pmatrix} -1 & 0 & 2 \\ 4 & -1 & -4 \\ -3 & 1 & 3 \end{pmatrix}$$

$$\Rightarrow BB^{-1} = \begin{pmatrix} 1 & 2 & 2 \\ 0 & 3 & 4 \\ 1 & 1 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} -1 & 0 & 2 \\ 4 & -1 & -4 \\ -3 & 1 & 3 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix}$$

### Rango de una matriz

Es el orden de la mayor submatriz cuadrada no singular (invertible) de (A) (incluida A). Ej.:

$$A = \begin{pmatrix} 2 & 5 \\ 4 & 8 \end{pmatrix}_{2 \times 2} \text{ order} = 2 \times 2 \Rightarrow \det(A) = (2 \times 8) - (4 \times 5) = -4$$

Entonces  $\det(A) \neq 0$ , por lo tanto, (A) es no singular y  $A^{-1}$  existe el rango de A (r(A)) es dos.

$$\text{Sea la matriz } B = \begin{pmatrix} 2 & 5 \\ 4 & 10 \end{pmatrix}_{2 \times 2} \Rightarrow \det(B) = (2 \times 10) - (4 \times 5) = 0.$$

Entonces  $\det(B) = 0$ , por lo tanto, (B) es singular y  $B^{-1}$  no existe. En este caso se generan las submatrices de (B), así:

$$B_1 = (2 \ 5); B_2 = (4 \ 10); B_3 = \begin{pmatrix} 2 \\ 4 \end{pmatrix}; B_4 = \begin{pmatrix} 5 \\ 10 \end{pmatrix};$$

$$B_5 = (2); B_6 = (5); B_7 = (4); B_8 = (10)$$

Todas estas submatrices, excepto  $(B_5)$ ,  $(B_6)$ ,  $(B_7)$ ,  $(B_8)$ , son singulares. Si se toma la submatriz  $(B_5)$ , es no singular dado que el  $\det(B_5) = 2$  y la inversa de  $(B_5)$  es  $(2)^{-1} = 1/2$ . El orden mayor de submatrices no singulares



es  $1 \times 1$ , por lo tanto,  $r(B) = 1$ . El rango solo se calcula con base en matrices o submatrices cuadradas, ej.:  $(2)_{1 \times 1}$ .

Si se tiene una matriz rectangular como  $C = \begin{pmatrix} 1 & 2 & 4 & 5 \\ 2 & 1 & 3 & 0 \end{pmatrix}$ , se tienen las siguientes submatrices:  $C_1 = \begin{pmatrix} 1 & 2 \\ 2 & 1 \end{pmatrix}_{2 \times 2}$  y  $C_2 = \begin{pmatrix} 4 & 5 \\ 3 & 0 \end{pmatrix}_{2 \times 2}$ . El  $\det(C_1) = 1 - 4 = -3$ . Por lo tanto, el orden de la mayor submatriz no singular es  $2 \times 2$ , entonces  $r(C) = 2$ .

### Equivalencia de matriz

Dos matrices son equivalentes, si tienen el mismo rango y el mismo orden. Ej.:

Sean las matrices  $A = \begin{pmatrix} 1 & 2 \\ 2 & 1 \end{pmatrix}_{2 \times 2}$  y  $B = \begin{pmatrix} 4 & 5 \\ 3 & 0 \end{pmatrix}_{2 \times 2}$ .  $(A)$  y  $(B)$  son equivalentes dado que tienen el mismo orden  $2 \times 2$  y el mismo rango ( $r(A) = 2$ ;  $r(B) = 2$ ).

### Combinación lineal

Sean los vectores  $V_1, V_2, \dots, V_n$ . Una expresión de la forma  $\alpha_1 V_1 + \alpha_2 V_2 + \dots + \alpha_n V_n$ , donde  $\alpha_i$  son escalares, es una combinación lineal de los vectores  $V_i$ . Ejs.:

$$V_1 = \begin{pmatrix} 1 \\ 2 \end{pmatrix}, \quad V_2 = \begin{pmatrix} 3 \\ -4 \end{pmatrix}, \quad V_3 = \begin{pmatrix} -5 \\ 0 \end{pmatrix} \Rightarrow 2V_1 - 3V_2 + V_3 = \begin{pmatrix} -12 \\ 16 \end{pmatrix} = V$$

$$0V_1 + 0V_2 + V_3 = \begin{pmatrix} -5 \\ 0 \end{pmatrix} = V_3$$

Cuando se puede expresar una combinación lineal se pueden dar relaciones de dependencia e independencia. Los vectores son linealmente independientes si en la combinación  $\alpha_1 V_1 + \alpha_2 V_2 + \dots + \alpha_n V_n = 0$  todos los escalares son cero. Si existe algún escalar diferente de cero, los vectores son linealmente dependientes. Es de notar que la independencia lineal significa que ningún vector es combinación lineal de los demás, por lo que la dependencia significa lo contrario. Ej.:

$$V_1 = \begin{pmatrix} 1 \\ 0 \end{pmatrix}, \quad V_2 = \begin{pmatrix} 0 \\ 1 \end{pmatrix}, \quad \text{¿son linealmente independientes?}$$

$$\alpha_1 V_1 + \alpha_2 V_2 = 0 \Rightarrow \alpha_1 \begin{pmatrix} 1 \\ 0 \end{pmatrix} + \alpha_2 \begin{pmatrix} 0 \\ 1 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \end{pmatrix} \Rightarrow \alpha_1 = 0; \alpha_2 = 0$$

Por lo tanto, los vectores son linealmente independientes.

Dados los vectores  $V_1 = \begin{pmatrix} 1 \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix}$ ,  $V_2 = \begin{pmatrix} 0 \\ 1 \\ 0 \end{pmatrix}$ ,  $V_3 = \begin{pmatrix} -3 \\ 2 \\ 0 \end{pmatrix}$  ¿son linealmente independientes?

$$\Rightarrow \alpha_1 \begin{pmatrix} 1 \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix} + \alpha_2 \begin{pmatrix} 0 \\ 1 \\ 0 \end{pmatrix} + \alpha_3 \begin{pmatrix} -3 \\ 2 \\ 0 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix} \Rightarrow \begin{pmatrix} \alpha_1 - 3\alpha_3 \\ \alpha_2 + 2\alpha_3 \\ 0 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix}$$

$$\alpha_1 - 3\alpha_3 = 0 \quad (1)$$

$$\alpha_2 + 2\alpha_3 = 0 \quad (2)$$

Si se multiplica (1) por 2 y (2) por tres y se suman, se obtiene:

$$(2\alpha_1 - 6\alpha_3) + (3\alpha_2 + 6\alpha_3) = 2\alpha_1 + 3\alpha_2 + 0 = 0$$

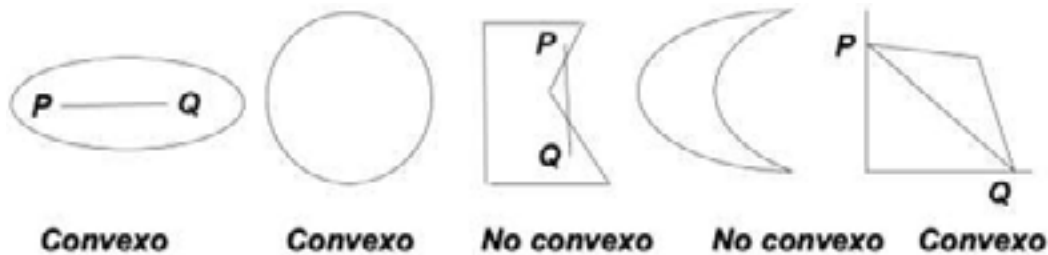
$$2\alpha_1 = -3\alpha_2 \Rightarrow \alpha_1 = -\frac{3}{2}\alpha_2$$

$$-3\alpha_3 = -\alpha_1 \Rightarrow \alpha_3 = \frac{-\alpha_1}{-3} \rightarrow \alpha_3 = 1$$

Por lo tanto, se tiene que:  $3\begin{pmatrix} 1 \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix} - 2\begin{pmatrix} 0 \\ 1 \\ 0 \end{pmatrix} + 1\begin{pmatrix} -3 \\ 2 \\ 0 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix}$ , entonces los vectores son linealmente independientes.

### Conjuntos Convexos

Un conjunto  $A$  es convexo si para cada par de puntos  $P$  y  $Q$  de  $A$ , el segmento  $PQ$  está en el conjunto  $A$ . Ejs.:



### Combinación Convexa

Un vector  $V$  es una combinación convexa de los  $V_1, V_2, \dots, V_n$ , si en la combinación lineal  $\alpha_1 V_1 + \alpha_2 V_2 + \dots + \alpha_n V_n = V$  se comprueba que:

$$\alpha_i \geq 0 \text{ (escalar } \geq 0)$$

$$\sum \alpha_i = 1$$

Ejs.: Si se tienen los vectores  $V_1 = \begin{pmatrix} 1 \\ 5 \end{pmatrix}$ ,  $V_2 = \begin{pmatrix} -3 \\ 1 \end{pmatrix}$ , se tienen las siguientes convexas:

$$(1/2) \begin{pmatrix} 1 \\ 5 \end{pmatrix} + (1/2) \begin{pmatrix} -3 \\ 1 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} -1 \\ 3 \end{pmatrix} = V$$

$$(3/4) \begin{pmatrix} 1 \\ 5 \end{pmatrix} + (1/4) \begin{pmatrix} -3 \\ 1 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0 \\ 3 \end{pmatrix} = V$$

### Teorema 5

Todo punto ( $M$ ) de un segmento de la recta es una combinación lineal convexa de los extremos ( $P$  y  $Q$ ) del segmento. Se proyecta para saber si  $PQ$  son óptimos. Cualquier punto del segmento es óptimo.

- i. Longitud  $\overrightarrow{AB} = B - A$
- ii.  $\overrightarrow{PQ} = \overrightarrow{PM} + \overrightarrow{MQ}$
- iii.  $Q - P = \alpha(\overrightarrow{PQ}) + Q - M$
- iv.  $Q - P = \alpha(Q - P) + Q - M$
- v.  $M = \alpha Q - \alpha P + P$
- vi.  $M = \alpha Q + (1 - \alpha)P \Rightarrow \alpha + (1 - \alpha) = 1.$

a)  $0 \leq \alpha \leq 1$ , si se suma  $(-1)$  se obtiene:  $b) -1 \leq \alpha - 1 \leq 0$ .  
Si se multiplica por  $-1$  a  $b$  se tiene:  $1 \geq 1 - \alpha \geq 0 \Rightarrow 0 \leq 1 - \alpha \leq 1$

### Sistema de Ecuaciones Lineales

Dado el sistema de ecuaciones de  $m$  ecuaciones con  $n$  variables:

$$\alpha_{11}X_1 + \alpha_{12}X_2 + \dots + \alpha_{1j}X_j + \dots + \alpha_{1n}X_n = b_1$$

$$\alpha_{21}X_1 + \alpha_{22}X_2 + \dots + \alpha_{2j}X_j + \dots + \alpha_{2n}X_n = b_2$$

... ..

$$\alpha_{i1}X_1 + \alpha_{i2}X_2 + \dots + \alpha_{ij}X_j + \dots + \alpha_{in}X_n = b_i$$

... ..

$$\alpha_{m1}X_1 + \alpha_{m2}X_2 + \dots + \alpha_{mj}X_j + \dots + \alpha_{mn}X_n = b_m$$

La representación matricial de este sistema de ecuaciones corresponde a  $AX = b$ , donde  $A$  es la matriz de coeficientes,  $X$  es el vector columna de las variables y  $b$  es el vector de términos libres. Entonces:

$$\begin{pmatrix} a_{11} & a_{12} \cdots & a_{1n} \\ a_{21} & a_{22} \cdots & a_{2n} \\ \vdots & \vdots & \vdots \\ a_{m1} & a_{m2} \cdots & a_{mn} \end{pmatrix}_{m \times n} \times \begin{pmatrix} X_1 \\ X_2 \\ \vdots \\ X_n \end{pmatrix}_{n \times 1} = \begin{pmatrix} b_1 \\ b_2 \\ \vdots \\ b_m \end{pmatrix}_{m \times 1}$$

La solución al sistema de ecuaciones es un vector columna que satisface a cada ecuación del sistema.

### *Sistemas Equivalentes*

Dos sistemas son equivalentes si tienen las mismas soluciones. Existen dos posibilidades, una que el sistema tiene solución única o múltiples soluciones, y dos, el sistema no tiene solución, por lo tanto, el sistema es incompatible. Ej.:

$$1) \begin{cases} 2X_1 - 3X_2 = 4 \\ 3X_1 + X_2 = 5 \end{cases} \quad 2) \begin{cases} 5X_1 - X_2 = 3 \\ -2X_1 + 2X_2 = 2 \end{cases}$$

La solución del sistema 1) es  $\begin{bmatrix} X_1 \\ X_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1 \\ 2 \end{bmatrix}$  y del sistema 2) es  $\begin{bmatrix} X_1 \\ X_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1 \\ 2 \end{bmatrix}$ , de ahí que los sistemas 1) y 2) son equivalentes.

Existe un procedimiento aritmético para obtener otros sistemas equivalentes a partir de un sistema, el cual se basa en el teorema seis.

### *Teorema 6*

Si en las filas de un sistema de ecuaciones se realiza cualquier tipo de operación, tal como se muestra a continuación, el sistema obtenido es equivalente al sistema inicial. Las operaciones son:

- i. Intercambiar el lugar de las ecuaciones  $F_i \leftrightarrow F_j$ , donde  $F_i$  es la ecuación  $i$  y  $F_j$  es la ecuación  $j$ .
- ii. Multiplicar una ecuación por un escalar  $\alpha \neq 0$ ,  $\alpha F_1$
- iii. Sumar a una ecuación un múltiplo escalar de otra ecuación a la ecuación  $F_i + \alpha F_j$ .

Ej.: Si se tiene el sistema:

$$2X_1 - 3X_2 = -4 \quad (1)$$

$$3X_1 + X_2 = 5 \quad (2)$$

A partir de las ecuaciones (1) y (2) se obtiene un sistema equivalente con base en el teorema 6. Entonces, se tiene:

- i. Intercambiar posición de las ecuaciones

$$F_i \leftrightarrow F_j$$

$$2X_1 - 3X_2 = -4 \quad (2)$$

$$3X_1 + X_2 = 5 \quad (1)$$

- ii. Multiplicar una ecuación por un escalar  $\alpha F_i = 2F_2$

$$4X_1 - 6X_2 = -8 \quad (2')$$

- iii.  $F_2' (2')$  se suma a (1)

$$[4X_1 - 6X_2 = -8] + [3X_1 + X_2 = 5] = [7X_1 - 5X_2 = -3]$$

- iv. Entonces, se tiene el sistema equivalente:

$$7X_1 - 5X_2 = -3$$

$$3X_1 + X_2 = 5$$

Ahora se comprueba que son equivalentes:

$$\begin{pmatrix} 2 & -3 & | & -4 \\ 3 & 1 & | & 5 \end{pmatrix} \xrightarrow{I_0} \begin{matrix} I_1 = I_0/2 \\ II_1 = -3I_1 + I_1 \end{matrix} \Rightarrow \begin{pmatrix} 1 & -3/2 & | & -2 \\ 0 & 11/2 & | & 11 \end{pmatrix} \xRightarrow{I_2 = I_1} \begin{matrix} I_2 = I_1 \\ II_2 = II_1/(11/2) \end{matrix}$$

$$\Rightarrow \begin{pmatrix} 1 & -3/2 & | & -2 \\ 0 & 1 & | & 2 \end{pmatrix} \Rightarrow X_2 = 2; \text{ reemplazado en: } 2X_1 - 3X_2 = -4 \Rightarrow 2X_1 - 6 = -4$$

$$\Rightarrow X_1 = 1$$

Ahora, con el sistema generado:

$$7X_1 - 5X_2 = -3$$

$$3X_1 + X_2 = 5$$

$$\begin{pmatrix} 7 & -5 & | & -3 \\ 3 & 1 & | & 5 \end{pmatrix} \xrightarrow{I_0} \begin{matrix} I_1 = I_0/7 \\ II_1 = -3I_1 + I_1 \end{matrix} \Rightarrow \begin{pmatrix} 1 & -5/7 & | & -3/7 \\ 0 & 22/7 & | & 44/7 \end{pmatrix} \xrightarrow{I_2 = I_1} \begin{matrix} I_2 = I_1 \\ II_2 = II_1/(22/7) \end{matrix}$$

$$\begin{pmatrix} 1 & -5/7 & | & -3/7 \\ 0 & 1 & | & 2 \end{pmatrix} \Rightarrow X_2 = 2; \text{ reemplazado en: } 7X_1 - 5X_2 = -3 \Rightarrow 7X_1 - 10 = -3$$

$$\Rightarrow X_1 = 1$$

*Nota:* las operaciones del teorema 6 se pueden aplicar a las filas de matrices para obtener matrices equivalentes. Reciben el nombre de operaciones elementales entre filas.

### Solución de un Sistema de Ecuaciones Lineales

Se considera el siguiente sistema de ecuaciones:

$$2X + 1Y = 10 \quad (1)$$

$$3X + 4Y = 5 \quad (2)$$

Ahora, se multiplica (1) por -3 y (2) por 2,

$$-6X - 3Y = -30 \quad (1')$$

$$6X + 8Y = 10 \quad (2')$$

La suma de (1') y (2') es igual a  $5Y = -20 \Rightarrow Y = -4$ . Se reemplaza en (1) o en (2), así:  $2X - 4 = 10 \Rightarrow X = 7$ .

El sistema de las ecuaciones (1) y (2), tiene la opción de resolverse por la notación matricial  $\mathbf{AX} = \mathbf{b}$ , donde  $\mathbf{A}$  es la matriz de coeficientes,  $\mathbf{X}$  es el vector de las incógnitas y  $\mathbf{b}$  es el vector de términos independientes:

$$\begin{pmatrix} 2 & 1 \\ 3 & 4 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} X \\ Y \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 10 \\ 5 \end{pmatrix}$$

$$\mathbf{A} \quad \mathbf{X} = \quad \mathbf{b}$$

$$\mathbf{AX} = \mathbf{b} \Rightarrow \mathbf{A}^{-1}\mathbf{AX} = \mathbf{A}^{-1}\mathbf{b} \text{ si } \mathbf{A}^{-1} \text{ existe. Luego, } \mathbf{IX} = \mathbf{A}^{-1}\mathbf{b} \Rightarrow \mathbf{X} = \mathbf{A}^{-1}\mathbf{b}$$

De lo anterior, el algoritmo para resolver un sistema de ecuaciones lineales consiste en tres pasos:

#### Paso 1

Construir la matriz ampliada  $[\mathbf{A}|\mathbf{I}]$ , donde  $\mathbf{A}$  es la matriz de los coeficientes e  $\mathbf{I}$  es la idéntica.

#### Paso 2

Se aplican las operaciones elementales entre filas para reducir la matriz a la forma escalonada reducida.

#### Paso 3

La última matriz representa un sistema de ecuaciones de solución trivial equivalente al sistema inicial.

Ej.:

$$\begin{aligned} \begin{pmatrix} 2 & 1 \\ 3 & 4 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{pmatrix} &\rightarrow I_0 \Rightarrow I_1 = I_0/2 \Rightarrow \begin{pmatrix} 1 & 1/2 \\ 0 & 5/2 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 1/2 & 0 \\ -3/2 & 1 \end{pmatrix} \\ \begin{pmatrix} 1 & 1/2 \\ 0 & 5/2 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 1/2 & 0 \\ -3/2 & 1 \end{pmatrix} &\rightarrow I_1 \Rightarrow \text{paso 2 } I_2 = (-1/2)I_2 + I_1 \Rightarrow \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 4/5 & -1/5 \\ -3/5 & 2/5 \end{pmatrix} \\ &\Rightarrow A^{-1} = \begin{pmatrix} 4/5 & -1/5 \\ -3/5 & 2/5 \end{pmatrix} \end{aligned}$$

Teniendo en cuenta que  $X = A^{-1}b$ , se obtienen las incógnitas de la siguiente manera:

$$X = \begin{pmatrix} 4/5 & -1/5 \\ -3/5 & 2/5 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 10 \\ 5 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 7 \\ -4 \end{pmatrix}$$

Un sistema de ecuaciones que tiene una o más soluciones es consistente, mientras aquel sistema que no tiene solución es inconsistente. Un sistema es consistente, cuando el  $r(A/b) = r(A)$ . Ejs.:

$$\begin{pmatrix} 2 & 1 & | & 10 \\ 3 & 4 & | & 5 \end{pmatrix} \Rightarrow r(A/b) = 2 = r(A)$$

$\mathbf{A} \quad \mathbf{b}$

$$\begin{pmatrix} 1 & 8 & 3 & | & 1 \\ 5 & 11 & 4 & | & 1 \end{pmatrix}$$

$$r(A/b) = 2; \quad r(A) = 2$$

Para sintetizar el proceso de solución de sistemas de ecuaciones líneas, se plantea el siguiente sistema:

$$X_1 + 3X_2 + X_3 = 2$$

$$X_1 + X_2 + X_3 = 4$$

$$X_1 - X_2 - 2X_3 = 0$$

El primer paso es construir la matriz ampliada  $(A|I)$ , así:

$$(A|I) = \begin{pmatrix} 1 & 3 & 1 & | & 1 & 0 & 0 \\ 1 & 1 & 1 & | & 0 & 1 & 0 \\ 1 & -1 & -2 & | & 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \rightarrow \begin{matrix} I_0 \\ II_0 \\ III_0 \end{matrix} \Rightarrow \begin{matrix} I_1 = I_0 \\ II_1 = II_0 - I_1 \\ III_1 = III_0 - I_1 \end{matrix} \Rightarrow$$

$$\begin{pmatrix} 1 & 3 & 1 & | & 1 & 0 & 0 \\ 0 & -2 & 0 & | & -1 & 1 & 0 \\ 0 & -4 & -3 & | & -1 & 0 & 1 \end{pmatrix} \rightarrow \begin{matrix} I_1 \\ II_1 \\ III_1 \end{matrix} \Rightarrow \begin{matrix} I_2 = I_0 \\ \text{paso 1 } II_2 = II_1/(-2) \\ \text{paso 2 } III_2 = 4II_2 + III_1 \end{matrix} \Rightarrow$$

$$\left( \begin{array}{ccc|ccc} 1 & 3 & 1 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 1/2 & -1/2 & 0 \\ 0 & 0 & -3 & 1 & -2 & 1 \end{array} \right) \begin{array}{l} I_2 \\ II_2 \\ III_2 \end{array} \Rightarrow \begin{array}{l} \text{paso 2 } I_3 = I_2 - 3III_2 \\ II_3 = II_2 \\ \text{paso 1 } III_3 = III_2/(-3) \end{array} \Rightarrow$$

$$\left( \begin{array}{ccc|ccc} 1 & 0 & 1 & -1/2 & 3/2 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 1/2 & -1/2 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & -1/3 & 2/3 & -1/3 \end{array} \right) \begin{array}{l} I_3 \\ II_3 \\ III_3 \end{array} \Rightarrow \begin{array}{l} I_4 = I_3 - III_3 \\ II_3 = II_3 \\ III_3 = III_3 \end{array} \Rightarrow$$

$$\left( \begin{array}{ccc|ccc} 1 & 0 & 0 & -1/6 & 5/6 & 1/3 \\ 0 & 1 & 0 & 1/2 & -1/2 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & -1/3 & 2/3 & -1/3 \end{array} \right) \Rightarrow A^{-1} = \begin{pmatrix} -1/6 & 5/6 & 1/3 \\ 1/2 & -1/2 & 0 \\ -1/3 & 2/3 & -1/3 \end{pmatrix}$$

Ahora se obtiene  $X = A^{-1}b$

$$X = \begin{pmatrix} -1/6 & 5/6 & 1/3 \\ 1/2 & -1/2 & 0 \\ -1/3 & 2/3 & -1/3 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 2 \\ 4 \\ 0 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 3 \\ -1 \\ 2 \end{pmatrix}$$

La solución también se puede dar por el método Gaussiano de  $(A|b)$ , así:

$$\left( \begin{array}{ccc|c} 1 & 3 & 1 & 2 \\ 1 & 1 & 1 & 4 \\ 1 & -1 & -2 & 0 \end{array} \right) \begin{array}{l} I_0 \\ II_0 \\ III_0 \end{array} \rightarrow \begin{array}{l} I_1 = I_0 \\ \text{paso 1 } II_1 = II_0 - I_1 \\ \text{paso 2 } III_1 = III_0 - I_1 \end{array} \Rightarrow \left( \begin{array}{ccc|c} 1 & 3 & 1 & 2 \\ 0 & -2 & 0 & 2 \\ 0 & -4 & -3 & -2 \end{array} \right) \begin{array}{l} I_1 \\ II_1 \\ III_1 \end{array} \rightarrow$$

$$\begin{array}{l} \text{paso 3 } I_2 = I_1 - 3II_1 \\ \text{paso 1 } II_2 = II_1/(-2) \\ \text{paso 2 } III_2 = III_1 + 4II_2 \end{array} \Rightarrow \left( \begin{array}{ccc|c} 1 & 0 & 1 & 5 \\ 0 & 1 & 0 & -1 \\ 0 & 0 & -3 & -6 \end{array} \right) \begin{array}{l} I_2 \\ II_2 \\ III_2 \end{array} \Rightarrow \begin{array}{l} \text{paso 2 } I_3 = I_2 - III_2 \\ II_3 = II_2 \\ \text{paso 1 } III_3 = III_2/(-3) \end{array}$$

$$\left( \begin{array}{ccc|c} 1 & 0 & 0 & 3 \\ 0 & 1 & 0 & -1 \\ 0 & 0 & 1 & 2 \end{array} \right) \Rightarrow \text{Solución } \begin{pmatrix} X_1 \\ X_2 \\ X_3 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 3 \\ -1 \\ 2 \end{pmatrix}$$

En resumen, para resolver un sistema de ecuaciones lineales se pueden asumir estos pasos:

$(A|b) \rightarrow \text{operaciones elementales} \rightarrow (B|X)$ , donde  $B = \text{matriz escalonada reducida}$

Hallar inversa de A:

$$(A|I) \rightarrow \text{operaciones elementales} \rightarrow (I|A^{-1})$$

Resolver el sistema y hallar la inversa de A:

$$(A|I|b) \rightarrow \text{operaciones elementales} \rightarrow (I|A^{-1}|X)$$



### Sistema Homogéneo

El sistema homogéneo es de la forma  $\mathbf{AX} = \mathbf{0}$ . Ej.:

$$\begin{aligned} 3X_1 + 2X_2 &= 0 \\ 2X_1 + 1X_2 &= 0 \\ \begin{pmatrix} 3 & 2 \\ 2 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} X_1 \\ X_2 \end{pmatrix} &= \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \end{pmatrix} \end{aligned}$$

La solución trivial es que  $X_1 = 0$ ,  $X_2 = 0$  (las dos variables toman el valor de cero). Un sistema homogéneo tiene soluciones diferentes a la trivial si  $r(A)$  es menor que el orden de  $A$ .

$$\text{Si } A = \begin{pmatrix} 3 & 2 \\ 2 & 1 \end{pmatrix} \Rightarrow r(A) = 2 \Rightarrow X_1 = 0; X_2 = 0$$

Si  $B = \begin{pmatrix} 3 & 2 \\ 3 & 2 \end{pmatrix} \Rightarrow r(B) = 1$ , entonces  $B$  tiene soluciones diferentes a la trivial y además es homogéneo, como se demuestra a continuación:

$$\begin{aligned} 3X_1 + 2X_2 &= 0 \quad (1) \\ 3X_1 + 2X_2 &= 0 \quad (2) \end{aligned}$$

Si se multiplica (2) por -1 y se suman las dos ecuaciones se obtiene el siguiente resultado:

$$0X_1 + 0X_2 = 0 \Rightarrow X_1 = 0; X_2 = 0$$

En forma matricial:

$$\begin{pmatrix} 3 & 2 & | & 0 \\ 3 & 2 & | & 0 \end{pmatrix} \xrightarrow{I_0} \begin{matrix} \text{paso 1 } I_1 = I_0/3 \\ \text{paso 2 } II_1 = -3I_1 + II_0 \end{matrix} \Rightarrow \begin{pmatrix} 1 & 2/3 & | & 0 \\ 0 & 0 & | & 0 \end{pmatrix} \Rightarrow$$

$$\begin{pmatrix} 1 & 2/3 \\ 0 & 0 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} X_1 \\ X_2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \end{pmatrix}$$

$$1X_1 + 2/3X_2 = 0$$

$$0X_1 + 0X_2 = 0$$

Si  $X = 1 \Rightarrow 1 + \left(\frac{2}{3}\right)X_2 = 0 \rightarrow X_2 = -1/\frac{2}{3} = -3/2 \Rightarrow (1, -3/2)$  habría un infinito número de soluciones. Entonces, cuando se tiene un sistema matricial  $\mathbf{AX} = \mathbf{0}$ , es trivial si  $\mathbf{A}$  es singular o el rango es igual al orden.

## Dependencia Lineal e Independencia Lineal de Vectores

Considérese un set de vectores fila tales que  $a = (6u \ 9v)$  y  $b = (2u \ 3v)$ , donde  $a$  es múltiplo de  $b$ , dado que  $a = 3(2u \ 3v) = 3b$ , entonces:

- Un set de vectores  $v_i$  ( $i: 1, 2, \dots, k$ ) es linealmente independiente si existen escalares  $\lambda_i$  tal que  $\sum_{i=1}^k \lambda_i v_i = 0$  con  $\lambda_i = 0, \forall i$ . En este caso, todos coeficientes de un sistema son iguales a cero.
- Un set de vectores  $v_i$  ( $i: 1, 2, \dots, k$ ) es linealmente independiente sii existen escalares  $\lambda_i$  tal que  $\sum_{i=1}^k \lambda_i v_i = 0$  con  $\lambda_i \neq 0$ , para algún  $i$ . Es decir, al menos un coeficiente del sistema es diferente de cero.

Ej.1: los vectores  $v_1 = (1 \ 2)$ ,  $v_2 = (5 \ 7)$  ¿son linealmente independientes?

Son linealmente independientes sii  $\sum_{i=1}^{k=2} \lambda_i = 0 \Rightarrow \lambda_1 v_1 + \lambda_2 v_2 = 0$  ? con  $\lambda_1 = 0$  y  $\lambda_2 = 0$  ?, luego:

$$\begin{aligned}\lambda_1(1 \ 2) + \lambda_2(5 \ 7) &= 0 ? \\ (1\lambda_1 \ 2\lambda_1) + (5\lambda_2 \ 7\lambda_2) &= 0 ? \Rightarrow \\ (1\lambda_1 + 5\lambda_2 \ 2\lambda_1 + 7\lambda_2) &= 0 ?\end{aligned}$$

Ahora, se tiene una igualdad de matrices así:  $(1\lambda_1 + 5\lambda_2 \ 2\lambda_1 + 7\lambda_2) = (0 \ 0)$ , la cual se puede representar como:

$$\begin{aligned}1\lambda_1 + 5\lambda_2 &= 0 \\ 2\lambda_1 + 7\lambda_2 &= 0\end{aligned}$$

También como la notación matricial  $\mathbf{AX} = \mathbf{b} \Rightarrow \begin{pmatrix} 1 & 5 \\ 2 & 7 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \lambda_1 \\ \lambda_2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \end{pmatrix}$

¿Es  $\mathbf{AX} = \mathbf{b}$  un sistema homogéneo? ¿Tiene este sistema soluciones diferentes a la trivial?

Dado que el  $r(A) = 2$  y el orden de  $A$  es igual a 2, la única solución que tiene es la trivial donde  $\lambda_1 = 0 \wedge \lambda_2 = 0$ ; por lo tanto,  $u_1$  y  $u_2$  son linealmente independientes.

Ej.2: Los vectores  $v_1 = (3 \ 7 \ 1)$ ,  $v_2 = (2 \ 4 \ 1)$ ,  $v_3 = (4 \ 8 \ 2)$ , ¿son linealmente independientes?

Se tiene que:

$$\sum_{i=1}^3 \lambda_i v_i = 0 = \lambda_1 v_1 + \lambda_2 v_2 + \lambda_3 v_3 = 0 \Rightarrow$$

$$\lambda_1(3 \ 7 \ 1) + \lambda_2(2 \ 4 \ 1) + \lambda_3(4 \ 8 \ 2) = (0 \ 0 \ 0) \Rightarrow$$

$$(3\lambda_1 \ 7\lambda_1 \ 1\lambda_1) + (2\lambda_2 \ 4\lambda_2 \ 1\lambda_2) + (4\lambda_3 \ 8\lambda_3 \ 2\lambda_3) = (0 \ 0 \ 0) \Rightarrow$$

$$(3\lambda_1 + 2\lambda_2 + 4\lambda_3) + (7\lambda_1 + 4\lambda_2 + 8\lambda_3) + (1\lambda_1 + 1\lambda_2 + 2\lambda_3) = (0 \ 0 \ 0)$$

$$3\lambda_1 + 2\lambda_2 + 4\lambda_3 = 0$$

$$7\lambda_1 + 4\lambda_2 + 8\lambda_3 = 0$$

$$1\lambda_1 + 1\lambda_2 + 2\lambda_3 = 0$$

El sistema de las tres ecuaciones se representa como la notación matricial  $A\lambda = 0$ , así:

$$\begin{pmatrix} 3 & 2 & 4 \\ 7 & 4 & 8 \\ 1 & 1 & 2 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \lambda_1 \\ \lambda_2 \\ \lambda_3 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix}$$

Ahora, se calcula el determinante de  $A$ , mediante el método del barrido.

$$\begin{pmatrix} 3 & 2 & 4 \\ 7 & 4 & 8 \\ 1 & 1 & 2 \end{pmatrix} \xrightarrow{\begin{matrix} I_0 \\ II_0 \\ III_0 \end{matrix}} \begin{matrix} \text{paso 1 } I_1 = I_0/3 \\ \text{paso 2 } II_2 = -7I_1 + II_0 \\ \text{paso 3 } III_2 = III_0 - I_1 \end{matrix} \Rightarrow \begin{pmatrix} 1 & 2/3 & 4/3 \\ 0 & -2/3 & -4/3 \\ 0 & 1/3 & 2/3 \end{pmatrix} \rightarrow$$

$$\begin{matrix} I_2 = I_1 \\ \text{paso 1 } II_3 = II_2/(-2/3) \\ \text{paso 2 } III_3 = (-1/3)II_3 - III_2 \end{matrix} \Rightarrow \begin{pmatrix} 1 & 2/3 & 4/3 \\ 0 & 1 & 2 \\ 0 & 0 & 0 \end{pmatrix}$$

$\det(A) = |A| = 0$ . De ahí, que la matriz ( $A$ ) es singular, no tiene inversa y el  $r(A) < 3$ , es decir, es menor que el orden, por lo tanto, el sistema  $A\lambda = 0$  tiene soluciones diferentes a la trivial. Entonces, el sistema de vectores ( $v_1, v_2, v_3$ ) es linealmente dependiente.

Ahora, si ( $A$ ) es una matriz formada por los vectores columna  $v_1, v_2, \dots, v_n \Rightarrow A = (v_1 \ v_2 \dots v_n)$ , entonces ( $A$ ) es no singular y ( $v_1 \ v_2 \dots v_n$ ) forman un conjunto linealmente independiente.

Si la matriz ( $A$ ) tiene inversa, la matriz o conjunto es linealmente independiente. Una matriz no singular está compuesta por un set de vectores linealmente independientes. Ej.:

$$v_1 \ v_2 \ v_3$$

$$A = \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix}$$

$\Rightarrow A^{-1} = A = (v_1 \ v_2 \ v_3)$  son linealmente independientes

La matriz  $B = \begin{pmatrix} 2 & 4 \\ 1 & 3 \end{pmatrix}$  cuyo  $\det(B) = 2$  es invertible y por lo tanto, sus vectores son linealmente independientes.

### Ecuación Característica de una Matriz

Sea (A) una matriz cuadrada. ¿Existe un escalar  $\lambda_i \neq 0$  y un vector  $v_i$  tal que  $Av_i = \lambda_i v_i$ ? Si existe un  $\lambda_i$  y un  $v_i$  que cumplan las condiciones anteriores, entonces se puede expresar que  $Av_i - \lambda_i v_i = 0$ . Si se factoriza por la derecha se tiene  $(A - \lambda_i I)v_i = 0$  (**1\***), donde I es la matriz identidad. Por lo tanto:

$$\lambda_i I = \begin{pmatrix} \lambda & 0 \\ 0 & \lambda \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1\lambda & 0\lambda \\ 0\lambda & 1\lambda \end{pmatrix} = \lambda \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{pmatrix}$$

Otro caso, es el siguiente:

$$D = \begin{pmatrix} 2v_1 & 0v_2 \\ 0v_1 & 2v_2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 2 & 0 \\ 0 & 2 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \lambda_1 \\ \lambda_2 \end{pmatrix} = 2 \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \lambda_1 \\ \lambda_2 \end{pmatrix} \Rightarrow \lambda v_i = 2 \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \lambda_1 \\ \lambda_2 \end{pmatrix}$$

Con relación a la ecuación (**1\***), se tiene un sistema homogéneo si  $r(A - \lambda_i I)$  es menor que el orden  $(A - \lambda_i I)$ . Ahora  $(A - \lambda I)v = 0$ , cuyo sistema matricial es:

$$\left[ \begin{pmatrix} a_{11} & a_{12} \\ a_{21} & a_{22} \end{pmatrix} - \begin{pmatrix} \lambda_1 & 0 \\ 0 & \lambda_2 \end{pmatrix} \right] \times \begin{pmatrix} v_1 \\ v_2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \end{pmatrix}$$

Si el  $\det(A - \lambda I) = 0$ , tiene soluciones diferentes a la trivial, entonces a  $(A - \lambda I) = 0$  se la conoce como ecuación característica de la matriz (A). El determinante es un polinomio de grado n (del mismo orden de (A)).

Si (A) es de orden  $n \times n \Rightarrow A_{n \times n} \Rightarrow \det(A - \lambda_i I) = |A - \lambda I| = 0$  es un polinomio de grado n con n raíces características  $\lambda_1, \lambda_2, \dots, \lambda_n$  denominadas valores propios o eigen values y para cada  $\lambda_i$  existe el correspondiente  $v_i$ , al cual se le llama vector propio o eigen vector. Ej:

$$A = \begin{pmatrix} 1 & 9 \\ 1 & 4 \end{pmatrix} \Rightarrow (A - \lambda I)v_i = 0$$

$$(A - \lambda I) = \begin{pmatrix} 1 & 9 \\ 1 & 4 \end{pmatrix} - \lambda \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1 & 9 \\ 1 & 4 \end{pmatrix} - \begin{pmatrix} \lambda & 0 \\ 0 & \lambda \end{pmatrix}$$

$$(A - \lambda I) = \begin{pmatrix} 1 - \lambda & 9 \\ 1 & 4 - \lambda \end{pmatrix} \Rightarrow |A - \lambda I| = (1 - \lambda)(4 - \lambda) - (1 \times 9) = 0$$

$|A - \lambda I| = (1 - \lambda)(4 - \lambda) - 9 = 0$ , es la ecuación característica, luego:

$$(4 - \lambda - 4\lambda + \lambda^2) - 9 = 0 \Rightarrow \lambda^2 - 5\lambda - 5 = 0$$

Si se aplica:

$$x = \frac{-b \pm \sqrt{b^2 - 4ac}}{2a} \Rightarrow \lambda = \frac{-(-5) \pm \sqrt{(-5)^2 - 4(1)(-5)}}{2(1)} = \lambda = \frac{5 \pm \sqrt{25 + 20}}{2} \Rightarrow$$

$$\lambda = \frac{5 \pm \sqrt{45}}{2} \Rightarrow \lambda_1 = \frac{5 + \sqrt{45}}{2} = 5,85 \text{ y } \lambda_2 = \frac{5 - \sqrt{45}}{2} = -0,85$$

$\lambda_1$  y  $\lambda_2$  son los valores propios o eigen values. Si se toma  $\lambda_1 = 5,85$  y se considera que  $(A - \lambda_i I)v_i = 0 \Rightarrow (A - \lambda_1 I)v_1 = 0$ , entonces:

$$\left[ \begin{pmatrix} 1 & 9 \\ 1 & 4 \end{pmatrix} - 5,85 \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{pmatrix} \right] \begin{pmatrix} v_1 \\ v_2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \end{pmatrix} \Rightarrow \left[ \begin{pmatrix} 1 & 9 \\ 1 & 4 \end{pmatrix} - \begin{pmatrix} 5,85 & 0 \\ 0 & 5,85 \end{pmatrix} \right] \begin{pmatrix} v_1 \\ v_2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \end{pmatrix}$$

$$\begin{pmatrix} -4,85 & 9 \\ 1 & -1,85 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} v_1 \\ v_2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \end{pmatrix}$$

$$-4,85v_1 + 9v_2 = 0$$

$$v_1 - 1,85v_2 = 0$$

El  $\det = 0$ , por lo tanto, la matriz no es invertible y los vectores son linealmente dependientes. Se debe resolver el sistema para llegar a la matriz identidad. Entonces se aplica  $AX = b \Rightarrow (A|B)$ . Se parte de la forma aumentada:

$$\left( \begin{array}{cc|c} -4,85 & 9 & 0 \\ 1 & -1,85 & 0 \end{array} \right) \xrightarrow{I_0} \begin{matrix} I_1 = I_0 / (-4,85) \\ II_1 = II_0 - I_0 \end{matrix} \Rightarrow \left( \begin{array}{cc|c} 1 & -1,85 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{array} \right)$$

Al volver al sistema original se tiene que  $\begin{pmatrix} 1 & -1,85 \\ 0 & 0 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} v_1 \\ v_2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \end{pmatrix} \Rightarrow$

$$1v_1 - 1,85v_2 = 0$$

$$0v_1 + 0v_2 = 0$$

Si  $v_2 = 2 \Rightarrow v_1 - 1,85(2) = 0 \Rightarrow v_1 = 3,70$ . Entonces el vector propio  $v_1$  es igual a:

$$v_1 = \begin{pmatrix} 3,70 \\ 2 \end{pmatrix} \text{ para } \lambda_1 = 5,85$$

El vector propio ( $v_1$ ) para  $\lambda_2 = -0,85$ , se calcula de forma similar teniendo en cuenta:

$$v_1 = \begin{pmatrix} V_1 \\ V_2 \end{pmatrix}; (A - \lambda_2 I)v_2 = 0$$

$$\left[ \begin{pmatrix} 1 & 9 \\ 1 & 4 \end{pmatrix} - (-0,85) \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{pmatrix} \right] \begin{pmatrix} v_1 \\ v_2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \end{pmatrix} \Rightarrow \left[ \begin{pmatrix} 1 & 9 \\ 1 & 4 \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} 0,85 & 0 \\ 0 & 0,85 \end{pmatrix} \right] \begin{pmatrix} v_1 \\ v_2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \end{pmatrix}$$

$$\begin{pmatrix} 1,85 & 9 \\ 1 & 4,85 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} v_1 \\ v_2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \end{pmatrix}$$

$$1,85v_1 + 9v_2 = 0$$

$$v_1 + 4,85v_2 = 0$$

$$\left( \begin{array}{cc|c} 1,85 & 9 & 0 \\ 1 & 4,85 & 0 \end{array} \right) \xrightarrow{I_0} \begin{matrix} I_1 = I_0/(1,85) \\ II_1 = II_0 - I_0 \end{matrix} \Rightarrow \left( \begin{array}{cc|c} 1 & 4,86 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{array} \right)$$

Al volver al sistema original se tiene que  $\begin{pmatrix} 1 & 4,86 \\ 0 & -0,01 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} v_1 \\ v_2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \end{pmatrix} \Rightarrow$

$$1v_1 + 4,86v_2 = 0$$

$$0v_1 + 0v_2 = 0$$

Si  $v_2 = 1 \Rightarrow v_1 + 4,85(1) = 0 \Rightarrow v_1 = -4,86$ . Entonces el vector propio  $v_2$  es igual a:

$$v_2 = \begin{pmatrix} -4,86 \\ 1 \end{pmatrix} \text{ para } \lambda_2 = -0,85 \Rightarrow v = (v_1 \ v_2) = \begin{pmatrix} 3,7 & -4,85 \\ 2 & 1 \end{pmatrix}.$$

¿Existe  $v^{-1}$ ? La respuesta es sí, porque  $|v| \neq 0$ .

$v = (v_1 \ v_2) \Rightarrow v_1 \wedge v_2$ , son linealmente independientes. Entonces, ¿cuál es el valor  $v^{-1}Av$ ?

$$v^{-1} = \left( \begin{array}{cc|cc} 3,7 & -4,85 & 1 & 0 \\ 2 & 1 & 0 & 1 \end{array} \right) \xrightarrow{I_0} \begin{matrix} I_1 = I_0/(3,7) \\ II_1 = -2I_0 + I_1 \end{matrix} \Rightarrow \left( \begin{array}{cc|cc} 1 & -1,31 & 0,27 & 0 \\ 0 & 3,62 & -0,54 & 1 \end{array} \right)$$

$$\left( \begin{array}{cc|cc} 1 & -1,31 & 0,27 & 0 \\ 0 & 3,62 & -0,54 & 1 \end{array} \right) \xrightarrow{II_1} \begin{matrix} \text{paso 2 } I_2 = (1,31)II_2 + I_1 \\ \text{paso 1 } II_2 = II_1/3,62 \end{matrix}$$

$$\Rightarrow \left( \begin{array}{cc|cc} 1 & 0 & 0,075 & 0,362 \\ 0 & 1 & -0,149 & 0,276 \end{array} \right) \Rightarrow v^{-1} = \begin{pmatrix} 0,075 & 0,362 \\ -0,149 & 0,276 \end{pmatrix}$$

$$\text{Ahora se calcula } (v^{-1}A) \rightarrow \begin{pmatrix} 0,075 & 0,362 \\ -0,149 & 0,276 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 1 & 9 \\ 1 & 4 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0,437 & 2,119 \\ 0,127 & -0,239 \end{pmatrix}$$

En seguida, se resuelve  $(v^{-1}Av)$ :

$$v^{-1}Av = \begin{pmatrix} 0,437 & 2,119 \\ 0,127 & -0,239 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 3,7 & -4,85 \\ 2 & 1 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 5,85 & 0 \\ 0 & -0,85 \end{pmatrix}$$

Por lo que  $v^{-1}Av = \begin{pmatrix} \lambda_1 & 0 \\ 0 & \lambda_2 \end{pmatrix}$ . Entonces  $v^{-1}Av = \Lambda$ , donde  $\Lambda$  es la matriz diagonal de valores propios.

Con base en lo anterior, se tiene que:

$$Av_i = \lambda_i v_i \Rightarrow Av_1 = \lambda_1 v_1 \wedge Av_2 = \lambda_2 v_2$$

$$A(v_1 \ v_2) = (\lambda_1 v_1 \ \lambda_2 v_2)$$

$$A(v_1 \ v_2) = (v_1 \ v_2) \begin{pmatrix} \lambda_1 & 0 \\ 0 & \lambda_2 \end{pmatrix}$$

$$v = (v_1 \ v_2) \Rightarrow v^{-1} \text{ existe} \Rightarrow Av = v\Lambda$$

$$v^{-1}Av = v^{-1}v\Lambda \Rightarrow v^{-1}v = I$$

$$\Rightarrow v^{-1}Av = v\Lambda$$

### Formas Cuadráticas

Considérese una matriz simétrica A y un vector X

$$A = \begin{pmatrix} 1 & 5 & 7 \\ 5 & 2 & 1 \\ 7 & 1 & 4 \end{pmatrix} \quad X = \begin{pmatrix} x_1 \\ x_2 \\ x_3 \end{pmatrix} \Rightarrow X^T = (x_1 \ x_2 \ x_3)$$

La expresión  $Y = X^TAX$  se define como una forma cuadrática de A

$$X^TAX = (x_1 \ x_2 \ x_3) \begin{pmatrix} 1 & 5 & 7 \\ 5 & 2 & 1 \\ 7 & 1 & 4 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x_1 \\ x_2 \\ x_3 \end{pmatrix}$$

Se tiene que:  $(1x_1 + 5x_2 + 7x_3 \quad 5x_1 + 2x_2 + 1x_3 \quad 7x_1 + 1x_2 + 4x_3) \begin{pmatrix} x_1 \\ x_2 \\ x_3 \end{pmatrix} =$

$$1x_1^2 + 5x_1x_2 + 7x_1x_3 + 5x_1x_2 + 2x_2^2 + 1x_2x_3 + 7x_1x_3 + 1x_2x_3 + 4x_3^2 = Y$$

$$1x_1^2 + 2x_2^2 + 4x_3^2 + 10x_1x_2 + 14x_1x_3 + 2x_2x_3 = Y$$

$$1x_1^2 + 2x_2^2 + 4x_3^2 = \sum a_{ii} x_i^2$$

$$10x_1x_2 + 14x_1x_3 + 2x_2x_3 = \sum (a_{ij} + a_{ji})x_i x_j$$

$$\Rightarrow \sum a_{ii} x_i^2 + \sum (a_{ij} + a_{ji})x_i x_j = Y$$

### Operadores Diferenciales

Sea  $Z = 2x^2 + 3xy + 5y^2$ ;  $\frac{\partial z}{\partial x}$  es la derivada parcial de Z respecto a X,  $\frac{\partial z}{\partial y}$  es la derivada parcial de Z respecto a Y.

### Recordatorio

Propiedades de las derivadas:

Si K es constante  $\Rightarrow$

$$\frac{dk}{dx} = 0$$

$$\frac{dx}{dx} = 1$$

$$\frac{dkx}{dx} = k \frac{dx}{dx} = k(1) = k$$

$$\frac{dx^n}{dx} = nx^{n-1}$$

$$\frac{d[f(x)]^n}{dx} = n[f(x)]^{n-1}f^1(x)$$

Donde:  $f^1(x)$  es la derivada interna.

Entonces, de  $Z = 2x^2 + 3xy + 5y^2$ , se obtiene:

$$\frac{\partial z}{\partial x} = 4x + 3y$$

(derivada parcial de z con respecto a x. Todo lo que no sea x, es constante)

$$\frac{\partial z}{\partial y} = 3x + 10y$$

(derivada parcial de z con respecto a y. Todo lo que no sea y, es constante)

Con base en lo anterior, considérese la ecuación  $y = 2x_1 + 3x_2 - 4x_3$ , la cual se expresa de la forma matricial  $a^T x$ , así:

$$y = a^T x = \begin{pmatrix} 2 & 3 & -4 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x_1 \\ x_2 \\ x_3 \end{pmatrix}$$



Luego:

$$y = x^T a = (x_1 \ x_2 \ x_3) \begin{pmatrix} 2 \\ 3 \\ -4 \end{pmatrix} \Rightarrow \frac{\partial y}{\partial x_1} = 2; \frac{\partial y}{\partial x_2} = 3; \frac{\partial y}{\partial x_3} = -4$$

$$\begin{pmatrix} \partial y / \partial x_1 \\ \partial y / \partial x_2 \\ \partial y / \partial x_3 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 2 \\ 3 \\ -4 \end{pmatrix} \Rightarrow \frac{\partial y}{\partial x} = \frac{\partial a^T x}{\partial x} = \frac{\partial x^T a}{\partial x} = a$$

Ahora, si se tienen dos ecuaciones:

$$\begin{aligned} y_1 &= 2x_1 + 3x_2 - 4x_3 \\ y_2 &= 1x_1 - 5x_2 + 7x_3 \end{aligned}$$

Las dos ecuaciones se presentan en la forma matricial  $Y = AX$ , así:

$$y = \begin{pmatrix} y_1 \\ y_2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 2 & 3 & -4 \\ 1 & -5 & 7 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x_1 \\ x_2 \\ x_3 \end{pmatrix}$$

En esta situación, se tiene la transformación de  $X$  en  $Y$  a través de  $A$ .

Si se tiene la función  $Y = f(x) = X^2$ ,  $Y$  toma valores de  $X$  a través de  $f(x) = X^2$ , ejemplo, si  $X = 1 \Rightarrow Y = 1$ ;  $X = 2 \Rightarrow Y = 4$ ; ... Así mismo,  $Y$  toma valores de  $X$  a través de  $A$ .  $Y$  es una combinación lineal de  $X$ . Por lo tanto:

$$Y = a^T X$$

$$y = \begin{pmatrix} y_1 \\ y_2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 2 & 3 & -4 \\ 1 & -5 & 7 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x_1 \\ x_2 \\ x_3 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} a_1^T \\ a_2^T \end{pmatrix} X$$

$$\frac{\partial y}{\partial x} = (a_1 \ a_2) = \begin{pmatrix} 2 & 1 \\ 3 & -5 \\ -4 & 7 \end{pmatrix} = \frac{\partial Ax}{\partial x} = A^T$$

$$Y = AX$$

$$y = \begin{pmatrix} 3 & 1 & 1 & 2 \\ 7 & 4 & 5 & 9 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x_1 \\ x_2 \end{pmatrix}$$

$$\frac{\partial Ax}{\partial x} = \begin{pmatrix} 3 & 7 \\ 1 & 4 \\ 1 & 5 \\ 2 & 9 \end{pmatrix}$$

### Derivada de una Forma Cuadrática

Teniendo en cuenta la siguiente ecuación:

$$Y = 1x_1^2 + 2x_2^2 + 4x_3^2 + 10x_1x_2 + 14x_1x_3 + 2x_2x_3 = X^TAX$$

$$\frac{\partial y}{\partial x_1} = 2x_1 + 10x_2 + 14x_3$$

$$\frac{\partial y}{\partial x_2} = 0 + 4x_2 + 10x_1 + 2x_3 = 10x_1 + 4x_2 + 2x_3$$

$$\frac{\partial y}{\partial x_3} = 8x_3 + 14x_1 + 2x_2 = 14x_1 + 2x_2 + 8x_3$$

$$\begin{pmatrix} \partial y / \partial x_1 \\ \partial y / \partial x_2 \\ \partial y / \partial x_3 \end{pmatrix} = \frac{\partial x^T Ax}{\partial x} = \begin{pmatrix} 2 & 10 & 14 \\ 10 & 4 & 2 \\ 14 & 2 & 8 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x_1 \\ x_2 \\ x_3 \end{pmatrix} = 2 \begin{pmatrix} 1 & 5 & 7 \\ 5 & 2 & 1 \\ 7 & 1 & 4 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x_1 \\ x_2 \\ x_3 \end{pmatrix} = 2AX$$

Entonces:

$$\frac{\partial x^T Ax}{\partial x} = 2AX \Rightarrow \text{con } A \text{ simétrica}$$

Ej.:

$$A = \begin{pmatrix} 1 & 4 & 2 \\ 4 & 6 & 5 \\ 2 & 5 & 9 \end{pmatrix} \Rightarrow \frac{\partial x^T Ax}{\partial x} = 2 \begin{pmatrix} 1 & 4 & 2 \\ 4 & 6 & 5 \\ 2 & 5 & 9 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x_1 \\ x_2 \\ x_3 \end{pmatrix}$$

### Operaciones de Matrices en Software

Existen muchos paquetes estadísticos y páginas de internet que disponen de calculadoras que permiten hacer operaciones y estadísticas como encontrar los valores y vectores propios de las ecuaciones características y diagonalización de matrices (SAS Institute, 2013; Højsgaard, 2005; RStudio Team, 2020; R- econometría, 2021; MATESFACIL, 2021).

#### Operaciones de matrices en Excel

En Excel de Windows se tiene el icono de funciones. Aquí se hace clic y aparece más, se escoge Matemáticas y trigonométricas, y aquí se buscan las opciones de funciones con matrices que tiene este programa, las cuales son:

**Sintaxis =MDETERM (matriz)**

Devuelve el determinante de una matriz cuadrada que posee el mismo número de filas y columnas. Ej.: se digita la matriz, se determina la función con el rango, =MDETERM (A1:C3) (Figura 1.2).

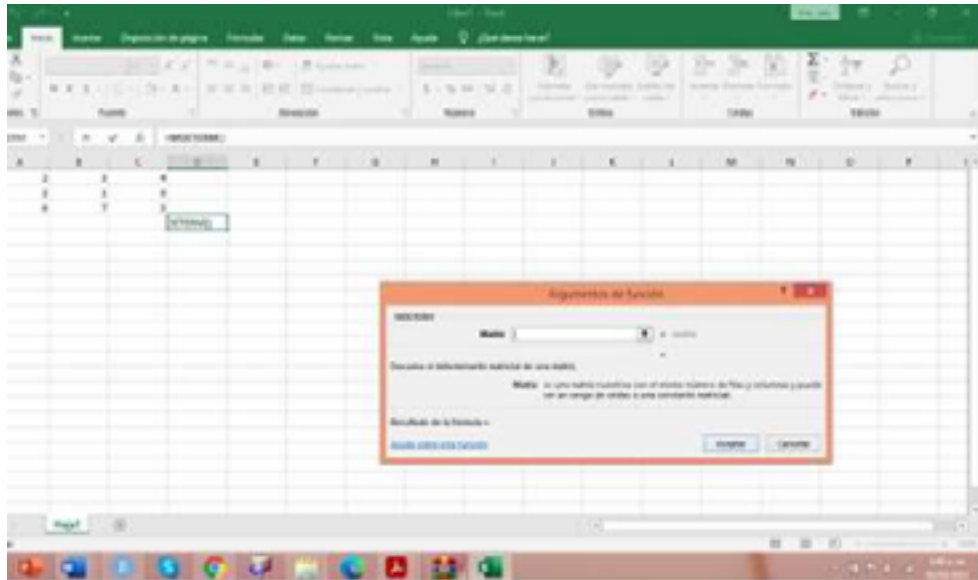


**Figura 1.2.** Sintaxis =MDETERM (matriz) de Excel.

Se da enter y aparece el valor del determinante en aquella celda donde se ha fijado para colocar el dato (Figura 1.3).

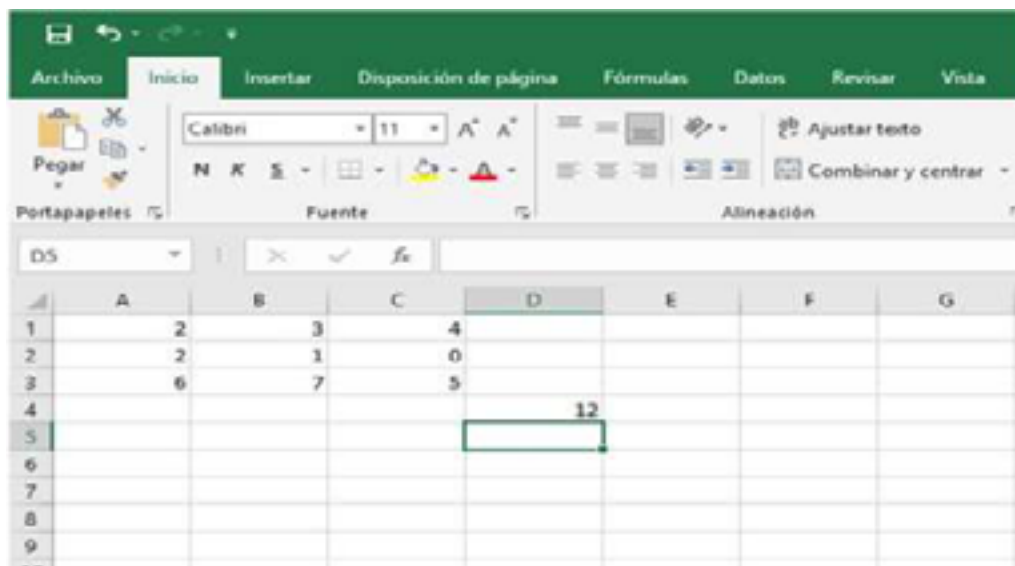


**Figura 1.3.** Valor del Determinante de la Matriz Según =MDETERM (A1:C3).

Si MDETERM devuelve el error # ¡VALOR!, es porque una de las celdas de la matriz está vacía o contiene texto, o porque el argumento matriz no tiene un número igual de filas y de columnas.

### Sintaxis =MINVERSO

Devuelve la matriz inversa de una matriz no singular de tamaño nxn. El proceso consiste en señalar el rango de salida de la inversa de la matriz. El rango debe tener el mismo tamaño de la matriz original. Se selecciona la función =Minverso (Figura 1.4), como se observa a continuación:

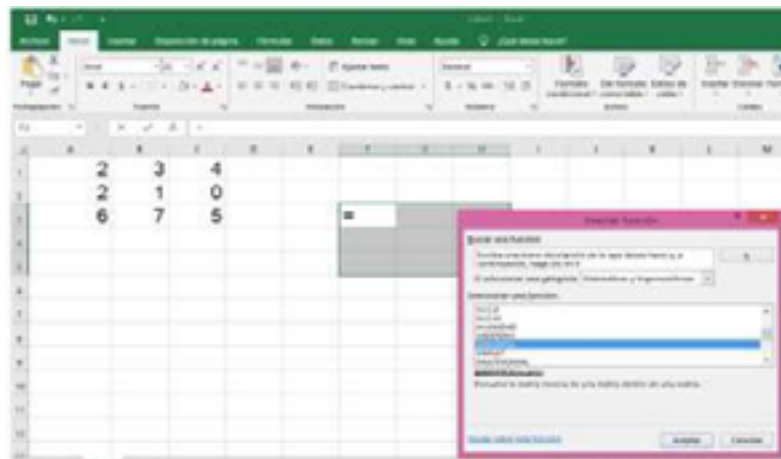


**Figura 1.4.** Sintaxis =MINVERSO de Excel que Devuelve la Matriz Inversa de una Matriz No Singular de Tamaño nxn.

Se marca el rango de la matriz original (Figura 1.5):

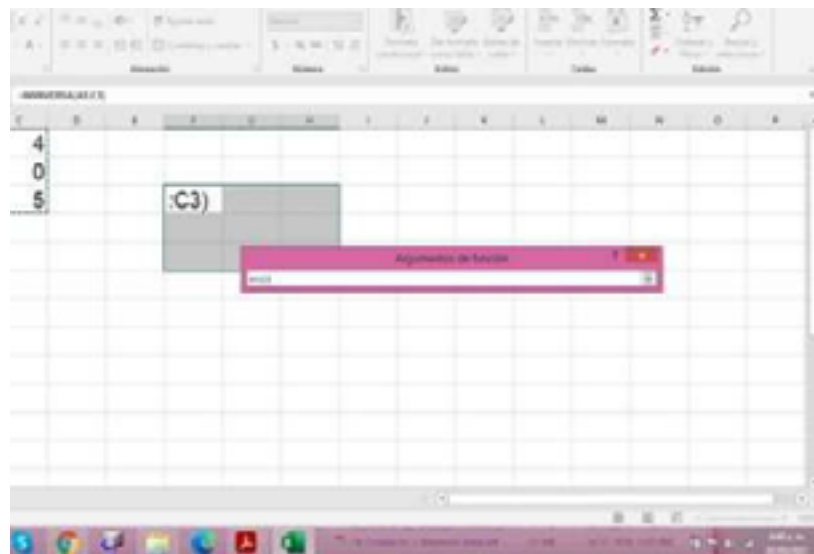


**Figura 1.5.** Marca del Rango de la Matriz a Invertir.

Después se presiona CTRL+MAYÚS+ENTRAR dos veces y se obtiene la inversa de la matriz respectiva (Figura 1.6).

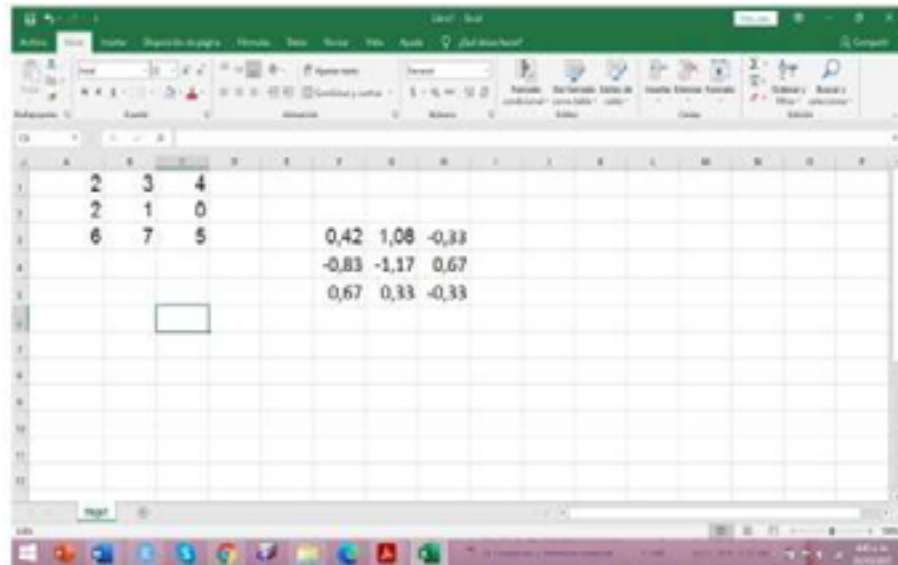


**Figura 1.6.** Inversa de la Matriz (A1:C3) Dada por la Sintaxis =MINVERSO De Excel.

**Sintaxis =MMULT (matriz1, matriz2)**

Si se tienen dos matrices, por ejemplo, una de tamaño 3x3 y otra de 2x3, y se quieren multiplicar, me marca el rango de salida de tamaño 3x2, se selecciona la función MMULT y los rangos de la matriz 3x3, el rango 2x3, =MMULT (A1:C3; E1:F3) (Figura 1.7).

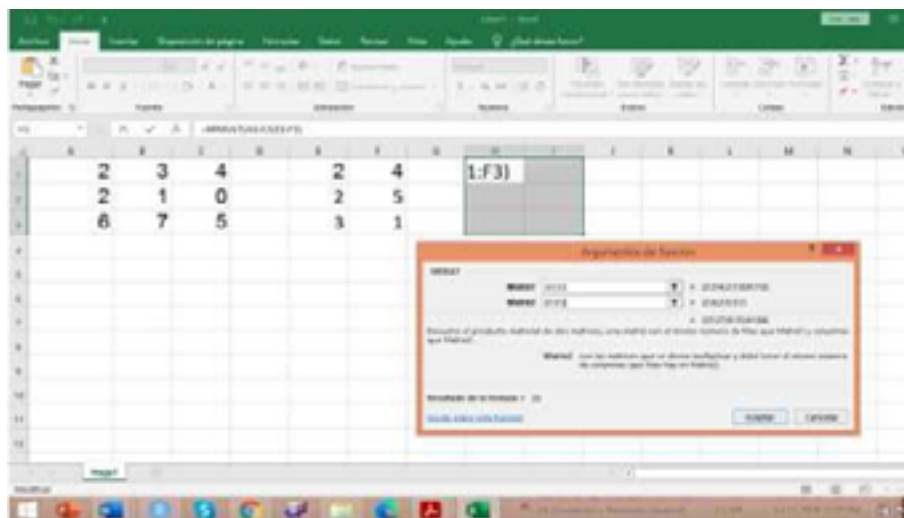


**Figura 1.7.** Sintaxis =MMULT(Matriz1, Matriz2) de Excel Para Multiplicar los Elementos de dos Matrices.

Se presiona CTRL+MAYÚS+ENTRAR dos veces y se obtiene el producto de las dos matrices, la inversa de la matriz respectiva (Figura 1.8).

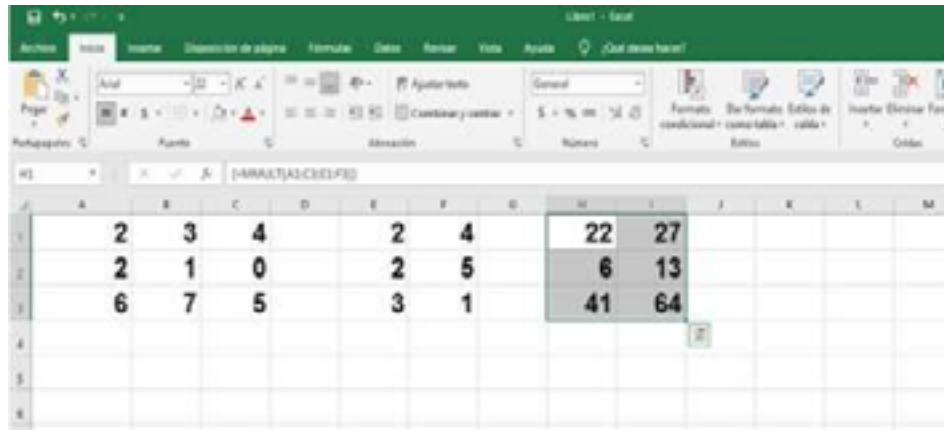


**Figura 1.8.** Salida de la Sintaxis =MMULT(matriz1, matriz2) de Excel.

MMULT devuelve el valor de error #¡VALOR! si hay celdas vacías o con texto, o el número de columnas de la matriz 1 es diferente del número de filas de la matriz 2.

### Operaciones de matrices en SAS

En SAS el procedimiento IML permite hacer operaciones con matrices de forma iterativa y dinámica. La estructura de proc IML en SAS es la siguiente (Zambrano, 2018):

```
Poc IML;
Instrucciones SAS/IML;
.....
.....
Quit;
```

La sintaxis corriente para algunas operaciones con matrices (Zambrano, 2018; Cheng, 2016), se puede observar a continuación:

*Para crear varios tipos de matrices y tamaños*

*/\*Escalar\*/*

*Z= 3; print Z;*

*/\*Vector fila  $A_{1 \times 3}$ \*/ A = {4 6 7}; print A;*

*/\*Vector columna  $B_{3 \times 1}$ \*/ B = {8, 2, 1}; print B;*

*/\*Matriz  $C_{2 \times 2}$ \*/ C = {8 0, 2 1}; print C;*

*/\*matriz  $D_{3 \times 3}$ \*/ D = {8 0 2, 1 0 2, 4 6 7}; print D;*

```

/*matriz de caracteres  $E_{1 \times 3}$ */ E = {"largo" "redondo" "aovado"}; print E;
/*matriz de caracteres  $F_{3 \times 1}$ */ F = {"largo", "redondo", "aovado"}; print F;
/*Establecer el tamaño o dimensión de una matriz*/
D = {8 0 2, 1 0 2, 4 6 7};
print D;
n_d = nrow(D);
p_d = ncol(D);
print n_d p_d;

/*Operaciones que afectan a toda la matriz como raíz cuadrada, el
logaritmo y la inversa*/
F = {8 3 2, 1 1 2, 4 6 7}; print F;
R=Sqrt(F); Print R;
X=log(F); Print X;
Y=inv(F); Print Y;
/*Concatenación o unión horizontal de matrices*/
Proc IML;
D = {8 3 2, 1 1 2};
E = {1 0 3, 4 6 7};
C= D||E;
Print C;
/*Concatenación o unión vertical de matrices*/
Proc IML;
D = {8 3 2, 1 1 2};
E = {1 0 3, 4 6 7};
C= D//E;
print C;

/* para establecer el tipo de matriz (numérico o alfa numérico) */
D = {8 3 2, 1 1 2};
E = {"largo" "redondo" "aovado"};
type_D = type(D);
type_E = type(E);
Print type_D type_E;

/*suma de matrices) */
Proc IML;
D = {8 3 2, 1 1 2};
E = {1 0 3, 4 6 7};

```

```

C= D+E;
Print C;
/*Multiplicación de matrices) */
Proc IML;
D = {8 3 2, 1 1 2};
E = {1 0 3, 4 6 7};
C= D*E;
print C;
/*Comparación de matrices >, <, >=, <=. Devuelve una matriz que
contiene ceros donde la comparación de los elementos es falsa y de unos
donde la comparación es verdadera.*/
Proc IML;
D = {8 3 2, 1 1 2};
E = {1 3 6, 4 7 2};
C= D<E;
print C;
D = {8 3 2, 1 1 2};
E = {1 3 6, 4 7 2};
h= D>E;
print h;
D = {8 3 2, 1 1 2};
E = {1 3 6, 4 7 2};
g= D=E;
print g;
D = {8 3 2, 1 1 2};
E = {1 3 6, 4 7 2};
t= D<=E;
print g;
D = {8 3 2, 1 1 2};
E = {1 3 6, 4 7 2};
s= D>=E;
print s;
D = {8 3 2, 1 1 2};
E = {1 3 6, 4 7 2};
s= D^=E;
print s;

```



### Producto Kronecker de dos matrices

La matriz que resulta de este producto posee un número de filas proveniente del producto de las filas de dos matrices y el número de columnas igual al producto del número de columnas. La nueva matriz tiene un número de filas que es igual al producto del número de filas de ambas matrices y tiene la siguiente estructura:

$$\begin{array}{cc} D_{11}E & D_{12}E \dots D_{1m}E \\ D_{21}E & D_{22}E \dots D_{2m}E \\ \dots & \dots \\ D_{n1}E & D_{n2}E \dots D_{nm}E \end{array}$$

```
Proc IML;
D = {8 3 2, 1 1 2};
E = {1 3 6, 4 7 2};
C= D@E;
print C;
```

*/\*División de elementos de matrices del mismo tamaño nxn\*/. Divide el elemento (i,j) de la matriz 1 con el elemento (i,j) de la Matriz 2.*

```
Proc IML;
D = {8 3 2, 1 1 2};
E = {1 3 6, 4 7 2};
s= D/E;
print s;
```

*/\*División de matrices sobre un escalar\*/*

```
Proc IML;
D = {8 3 2, 1 1 2};
s= D/2;
print s;
```

*/\*Transpuesta de una matriz\*/*

```
Proc IML;
D = {8 3 2, 1 1 2};
s= D`;
print s;
```

```
D = {8 3 2, 1 1 2};
```

```

transpose = t(D);
print transpose;

/*Extraer la matriz diagonal*/
Proc IML;
m = {8 2 3, 2 7 0, 1 3 5};
d = vecdiag(m);
print d;

/*Crear una matriz diagonal a partir de un vector */
Proc IML;
vals = {1, 1, 1};
s = diag(vals);
print s;

/*Crear una matriz identidad de tamaño nxn*/
Proc IML;
ident = I (4);
print ident;

/ * Inversa de una matriz * /
Proc IML;
A = {3 1 2, -1 4 5, 3 4 1};
B = inv (A);
print B;

```

### Operaciones de matrices en RStudio

```

#Para crear un vector fila A<-c ()
A<- c (2,0,2,5,-3,2)
A
#Para crear un vector columna A<-c ()
A<- c (2,0,2,5,-3,2)
matrix (A, ncol= 1)

#Crear una matriz A2x2
A<- c (8,2,0,1)
matrix (A, nrow=2, ncol=2)
#Crear una matriz D3x3
D<-c (8,1,4,0,0,6,2,2,7)
matrix (D, nrow=3, ncol=3)

```

*El resultado es:*

```

      [,1] [,2] [,3]
[1,]    8    0    2
[2,]    1    0    2
[3,]    4    6    7

```

*#matriz de caracteres  $E_{1 \times 3}$*

```

E<-c("largo","redondo","aovado")
E

```

*#matriz de caracteres  $F_{3 \times 1}$*

```

F<-c("largo","redondo","aovado")
F
matrix (F, nrow=3, ncol=1)

```

*#length () devuelve el tamaño de un vector*

```

t <- c (2,1,0,3,2)
length(t)

```

*#min () y max () muestran el elemento mínimo y máximo de un vector o matriz*

```

D<-c (8,1,4,0,0,6,2,2,7)
matrix (D, nrow=3, ncol=3)
min(D)
max(D)

```

*#Para concatenar columnas se usa cbind, para concatenar filas rbind, y la salida de la matriz se observa con output. La función class indica la clase de la salida y typeof indica la clase de los elementos.*

```

B <- c (1, 2, 3, 4, 5)
D <- c (6, 7, 8, 9, 10)

```

*# Por columnas*

```

cbind (B, D)

```

*# Por filas*

```

rbind (B, D)

```

*# Clase de la salida*

```

class (cbind (B, D))

```

*# Tipo de dato de los elementos*

*typeof (cbind (B, D))*

*#Suma de matrices A+B*

*#Definir la matriz A, con los vectores fila a, b y c. Se usa rbind para unir vectores fila*

*a<-c (2,3,5)*

*b<-c (1,0,2)*

*c<-c (0,1,1)*

*A<-rbind (a, b, c)*

*A*

*#Definir la matriz B, con los vectores fila d, e y f. Se usa rbind para unir vectores fila*

*d<-c (0,3,1)*

*e<-c (2,0,1)*

*f<-c (1,2,3)*

*B<-rbind (d, e, f)*

*B*

*#Ahora suman matrices A+B*

*S=A+B*

*S*

*#Multiplicación de matrices A\*B*

*#Definir la matriz A, con los vectores a, b, los que se unen con rbind*

*a<-c (2,3,1)*

*b<-c (1,0,2)*

*A<-rbind (a, b)*

*A*

*#Definir la matriz B con los vectores d, e y f, los que se unen con rbind*

*d<-c (0,3,3)*

*e<-c (2,0,2)*

*f<-c (1,2,1)*

*B<-rbind (d, e, f)*

*B*

*#Ahora se multiplican las matrices A\*B*

*S=A\*B*

*S*

A continuación, en la Tabla 1.1 se muestran las funciones más utilizadas en operaciones con matrices en RStudio (<https://r-coder.com/matrices-r/>):

**Tabla 1.1**

*Funciones para operaciones de matrices en RStudio.*

| <b>Función</b>                                                    | <b>Descripción</b>                 |
|-------------------------------------------------------------------|------------------------------------|
| <code>dim ()</code> , <code>nrow ()</code> , <code>ncol ()</code> | Número de filas/columnas           |
| <code>diag ()</code>                                              | Diagonal de una matriz             |
| <code>*</code>                                                    | Multiplicación elemento a elemento |
| <code>%*%</code>                                                  | Producto matricial                 |
| <code>%o%</code>                                                  | Producto exterior                  |
| <code>%x%</code>                                                  | Producto de Kronecker              |
| <code>cbind ()</code> , <code>rbind ()</code>                     | Agregar filas/columnas             |
| <code>mtx.exp (matriz, potencia)</code>                           | Potencia de una matriz             |
| <code>t ()</code>                                                 | Matriz traspuesta                  |
| <code>diag ()</code>                                              | Diagonal                           |
| <code>sum (diag ())</code>                                        | Traza                              |
| <code>det ()</code>                                               | Determinante                       |
| <code>solve(A)</code>                                             | Inversa de la matriz A             |
| <code>solve (A, b)</code>                                         | Solución de $Ax = b$               |
| <code>qr ()</code>                                                | Descomposición                     |
| <code>qr () \$rank</code>                                         | Rango                              |
| <code>chol ()</code>                                              | Descomposición de Cholesky         |
| <code>eigen ()</code>                                             | Autovalores y autovectores         |
| <code>qr ()</code>                                                | Descomposición QR                  |
| <code>svd ()</code>                                               | Descomposición singular            |
| <code>var ()</code>                                               | Varianza                           |

### **Figura de un Determinante de una Matriz de 2x2**

Huamaní (2019) presenta la forma como se grafica el determinante de una matriz 2x2, cuyo proceso se describe a continuación. El determinante de una matriz 2x2 será el área formada por el paralelogramo de la suma de los dos vectores columna. Ej.:

```
H<-matrix (c (3,8,10,2), nrow = 2)
H
# Para graficar el primer vector (vector m):
plot (3,8, xlim=c (0,14), ylim=c (0,12),
      xlab="Eje x", ylab="Eje y", lwd=3,
      col="blue", bty="n",
      main = "Gráfica de la Determinante de la matriz H")
axis (side = 1, 0:14)
axis (side = 2, 0:12)
```

```
arrows (0,0,3,8, col="blue")
abline (h = pretty (0:12, 12), v = pretty (0:14, 14), col = "lightgray")

# Para graficar el segundo vector (vector p):
points (10,2, lwd=3, col="green")
arrows (0,0,10,2, col="green")

# Para graficar el vector resultante de la adición de los 2 vectores
(a=m+p)
points (13,10, lwd=3, col="black")
arrows (0,0,13,10, col="black")

# Agregando las líneas imaginarias para formar el paralelogramo que
representa la adición de 2 vectores.
arrows (3,8,13,10, col="blue", lty=3)
arrows (10,2,13,10, col="green", lty=3)

# Graficando el área.
polygon (c (0,3,13,10), c (0,8,10,2),
        col = rgb (0, 206/255, 209/255, 0.5),
        density = c (20, 40), angle = c (-45, 45))
text (6.3,5.3, "DETERMINANTE \n DE LA \n MATRIZ H", col = "brown")
```

## **Bibliografía del capítulo 1**

- Blanco, E., Cervera, M. & Suárez, B. (2015). Análisis matricial de estructuras. Centro Internacional de Métodos Numéricos en Ingeniería (CIMNE). <http://cervera.rmee.upc.edu/libros/Analisis%20Matricial%20Estructuras.pdf>
- Barroso Costa, F. R., Ortega Álvarez, J. F. & Ballesteros González, J. F. (16-18 de junio de 2015). Aplicación y análisis de un modelo para la predicción de la evapotranspiración del cultivo (ETc) en cebolla y maíz en condiciones semiáridas. XXXIII Congreso Nacional de Riegos. Universitat Politècnica de València. doi: <http://dx.doi.org/10.4995/CNRiegos.2015.1429>; <https://riunet.upv.es/bitstream/handle/10251/91200/1429-2290-2-PB.pdf?sequence=1&isAllowed=y>
- Bonilla Betancourt, M. L., Espinosa Piedrahíta, K., Posso Terranova, A. M., Vásquez Amariles, H. D. & Muñoz Flórez, J. E. (2008). Caracterización morfológica de 24 accesiones de uchuva del banco de germoplasma de la Universidad Nacional de Colombia Sede Palmira. *Acta Agronómica*, 57(2), 101-108.
- Bru, R., Climent, J-J., Mas, J. & Urbano, A. (2004). Álgebra lineal. (2ª ed.). Alfaomega Grupo Editor.
- Cravero Vanina P., López Anido, Fernando S. & Cointry, E. L. (2002). Caracterización y selección de familias S1 de alcaucil a través de técnicas de análisis multivariado. *Horticultura Brasileira*, 20(4), 619-625. doi: <https://dx.doi.org/10.1590/S0102-05362002000400022>
- Criollo, H.A., Muñoz Belalcázar J. & Lagos-Burbano, T.C. (2020). Modelos alométricos para estimar biomasa y captura de carbono de Albizia carbonaria en la zona cafetera de Nariño. *Ciencia y Agricultura*, 17(3), 95-110. doi: <https://doi.org/10.19053/01228420.v17.n3.2020.11384>
- Grossman, S. (2008). Álgebra lineal. (6ª ed.). McGraw-Hill, Interamericana editores, S.A. DE C.V. <http://uprid2.up.ac.pa:8080/xmlui/bitstream/handle/123456789/1326/%c3%81lgebra%20lineal.pdf?sequence=1&isAllowed=y>
- Cheng, H. (2016). Hands-on example of matrix operation in sas with different approaches. *PharmaSUG*, 66. <https://www.lexjansen.com/pharmasug-cn/2016/DS/PharmaSUG-China-2016-DS06.pdf>
- Højsgaard, S. (2005). Linear Algebra in R. <https://www.math.uh.edu/~jmorgan/Math6397/day13/LinearAlgebraR-Handout.pdf>

- Huamaní Ninahuanca, C. A. (2019). Operaciones con matrices: multiplicación, determinante, inversa, factorización, resolución de ecuaciones y gráfica. Universidad Nacional del Centro del Perú. [https://rpubs.com/Cesar\\_AHN/operaciones\\_con\\_matrices\\_multiplicacion\\_determinante\\_inversa\\_factorizacion\\_descomposicion\\_grafica](https://rpubs.com/Cesar_AHN/operaciones_con_matrices_multiplicacion_determinante_inversa_factorizacion_descomposicion_grafica)
- Johnson, R. & Wichern, D. (1992). Applied multivariate statistical analysis. (3ª ed.). Prentice Hall, Englewood Cliffs.
- Ku Moo, L. E. (2017). Determinantes. Universidad Autónoma del estado de México, Centro Universitario Uaem Zumpango. <https://core.ac.uk/download/pdf/154797144.pdf>
- Lay, D. (2007). Álgebra lineal y sus aplicaciones. (3ª ed.). (J. E. Murrieta, Trad.). Pearson educación.
- Liesen, J. & Mehrmann, V. (2010). Linear Algebra. Springer International Publishing AG. doi: 10.1007/978-3-319-24346-7
- MATESFACIL. (2021). Introducción al álgebra matricial: conceptos y operaciones de matrices. <https://www.matesfacil.com/matrices/matrices1.html> Recuperado el 1 de marzo de 2021.
- R-econometría. (2021). Trabajando con matrices en R. <http://r-econ.blogspot.com/2011/04/trabajando-con-matrices-en-r.html> Recuperado el 1 de marzo de 2021.
- Pardo Roldán A. & Marín R. C. (2003). Clasificación de cultivares de ajo por métodos de análisis multivariado. Agronomía Tropical, 53(4), 10-21. [http://ve.scielo.org/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0002-192X2003000400002&lng=es&tlng=en](http://ve.scielo.org/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0002-192X2003000400002&lng=es&tlng=en)
- RStudio Team. (2020). RStudio: Integrated Development for R. RStudio, PBC, MA. <http://www.rstudio.com/>.
- SAS Institute. (2013). Base SAS® 9.4 Procedures Guide: Statistical Procedures. (2ª ed). SAS Institute Inc.
- Singh, R. K. & Chaudary, B. D. (1985). Biometrical Methods in Quantitative Genetic Analysis. Kalyani Publishers.
- Tussel, F. (2016). Análisis multivariante. <http://www.et.bs.ehu.es/~etptupaf/nuevo/ficheros/estad4/multi.pdf>
- Vale-Montilla, C. (2018). Análisis de crecimiento de plántulas de caoba (*Swietenia macrophylla* King) en tratamientos con auxinas y giberelinas bajo condiciones de vivero. Pittieria (Venezuela), 42, 52-72.

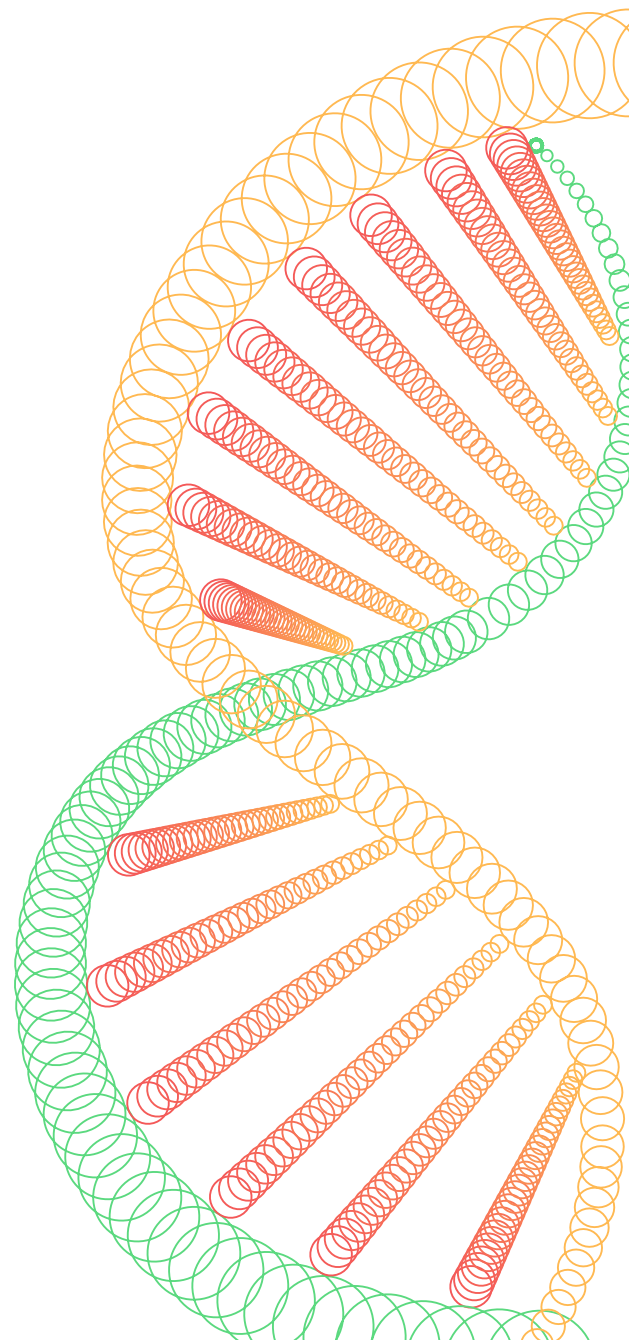


<http://erevistas.saber.ula.ve/index.php/pittieria/article/viewFile/14026/21921925104#page=60>

Zambrano, A. (2018). Capítulo 7: Introducción al SAS/IML.  
<https://xdoc.mx/documents/curso-sas-parte-3-sas-impl-5ea5f0f76b4c4>

# ***CAPÍTULO 2***

Componentes de varianza  
y heredabilidad



## Resumen

Los programas de mejoramiento cuentan con colecciones de germoplasma. Esto muestra diferentes niveles de variabilidad fenotípica. Para establecer el progreso genético es necesario establecer qué porcentaje de esa variabilidad fenotípica se debe a la varianza genotípica o aditiva, lo cual define parámetros genéticos como repetibilidad ( $r$ ), heredabilidades en sentido amplio ( $h_a^2$ ) y estricto ( $h_e^2$ ). El objetivo fue describir, estadísticamente, cómo se calculan estos parámetros con base en datos de un ensayo de papa (*Solanum tuberosum*), donde se obtuvieron valores de  $r$  para seis variables, y un ensayo de uchuva (*Physalis peruviana*), donde se calcularon  $h_a^2$  y  $h_e^2$  en siete variables. Para el rendimiento de papa los valores de  $r$  oscilaron entre 0,14 y 0,72, que son los límites a los que puede llegar la heredabilidad; aunque las  $h_a^2$  indican que existe una alta proporción de la variabilidad fenotípica susceptible de ser explicada por la variabilidad genética, lo cual es definitivo para definir estrategias de mejoramiento en estos genotipos. Con la uchuva las  $h_e^2$  fueron moderadas y difirieron según la localidad. Esto indica que existe un efecto del ambiente sobre los genes que determinan la varianza aditiva. Los efectos aditivos y de dominancia fueron responsables en la expresión de PCC, PSC, DE, EP y SST, mientras que los efectos aditivos lo fueron para AA y RTO. A partir de la selección del 14% de los 36 híbridos de uchuva evaluados por rendimiento, se obtuvo un progreso genético del 2,86%, lo que deviene un rendimiento esperado de la población mejorada de 17,24t/ha.

**Palabras clave:** papa, uchuva, varianza aditiva, repetibilidad, sentido estricto, sentido amplio.

## Abstract

Breeding programs have germplasm collections, which show different levels of phenotypic variability. To establish genetic progress, it is necessary to establish what percentage of that phenotypic variability is due to genotypic or additive variance, which defines genetic parameters such as repeatability ( $r$ ), broad ( $h_b^2$ ) and narrow ( $h_n^2$ ) heritabilities. The objective was to describe, statistically, how these parameters are calculated based on data from a potato (*Solanum tuberosum*) trial, where  $r$  values were obtained for six traits and a cape gooseberry (*Physalis peruviana*) trial,

where  $h_b^2$  and  $(h_n^2)$  were calculated for seven variables. For potato yield,  $r$  values ranged between 0.14 and 0.72, which are the limits to which heritability can reach; although the  $h_b^2$  indicate that there is a high proportion of phenotypic variability that can be explained by genetic variability, which is crucial for defining breeding strategies in these genotypes. In Cape gooseberry, the  $h_n^2$  was moderate and differed according to locality. This indicates that there is an effect of the environment on the genes that determine the additive variance. Additive and dominance effects were responsible for the expression of PCC, PSC, DE, EP and SST, while additive effects were responsible for AA and yield. From the selection of 14% of the 36 cape gooseberry hybrids evaluated for yield, a genetic progress of 2.86% was obtained, resulting in an expected yield of the improved population of 17.24t/ha.

**Keywords:** potato, Cape gooseberry, additive variance, repeatability, narrow sense, broad sense.

## Introducción

La función productiva de cualquier cultivo está dada por  $F = G + A + G \times A$ , donde  $F$  es la expresión del fenotipo,  $G$  es el efecto del genotipo sobre el fenotipo,  $A$  es el efecto del ambiente sobre el fenotipo y  $G \times A$  es el efecto de la interacción del genotipo por el ambiente sobre el fenotipo. El estudio de esta función es el punto de partida para la proyección de la investigación orientada al desarrollo de sistemas productivos sostenibles y eficientes (Comstock & Robinson, 1948; Medina et al., 2009) con genotipos mejorados que garanticen el bien vivir del agricultor y la salud de los consumidores de los productos frescos o transformados que provienen de un cultivo.

Para que la función productiva sea eficiente, es necesario contar con una amplia base genética representada por la variabilidad contenida en los recursos genéticos de la especie sometida a procesos de selección. En efecto, la variabilidad de los caracteres agronómicos y fisiológicos es de origen natural o artificial. Los caracteres de importancia económica, en su gran mayoría, son de herencia cuantitativa, cuya propiedad fundamental es la variación. La cantidad de variación se mide y se expresa como la varianza. Con base en la función productiva, la varianza total o fenotípica es una medida de la variabilidad fenotípica entre los individuos de la

población, y sus componentes son la varianza genotípica, la varianza ambiental y la varianza de la interacción genotipo-ambiente (Abbott & Pistorale, 2010). La estimación de los componentes de varianza y la predicción de los valores genéticos son importantes en el análisis genético de características cuantitativas (Gonçalves-Vidigal et al., 2008).

La varianza genética es la expresión fenotípica diferencial de un carácter debido a las variaciones genéticas de los individuos de una población. Es decir, se refiere a las variaciones heredables que ocurren en cada organismo, entre los individuos de una población y entre las poblaciones dentro de una especie, en condiciones naturales más o menos estables (Rimieri, 2017). En 1935, Wright definió tres componentes de la varianza genética, los cuales corresponden a la varianza genética aditiva, la varianza debida a desviaciones de dominancia del esquema aditivo y a la varianza debida a desviaciones de origen epistático del esquema aditivo.

Los fenotipos complejos, incluidos caracteres cuantitativos y enfermedades comunes, están controladas por muchos genes e influidos en gran medida por los factores ambientales. La forma como se combinan estos genes para definir el fenotipo de un individuo puede explicarse por un modelo simple, el cual asume que los genes actúan de forma aditiva entre sí, tanto dentro como entre loci, pero es necesario tener en cuenta que pueden interactuar para mostrar dominancia o epistasis, respectivamente. Los estimados de los componentes de la varianza genética dentro de las poblaciones han indicado que la mayor parte de la varianza es aditiva, sin embargo, las interacciones gen-gen (epistasis) son importantes y se ha argumentado que gran parte de la variación genética en las poblaciones se debe a tales interacciones (Hill et al., 2008).

Ahora bien, si en una localidad se sembrara plantas provenientes de un clon o de un cruzamiento entre líneas endogámicas, las observaciones registradas de una variable cuantitativa generarían una varianza debido a causas aleatorias o no pertinentes que pueden enmascarar la expresión del genotipo. Este tipo de variación se conoce como ambiental (Mariotti, 1986; Lozano-Ramírez et al., 2015). El ambiente está dado por la suma de factores no genéticos a los cuales están sometidos los materiales genéticos. Su influencia puede ser positiva o negativa y comprende agrobiodiversidad acompañante, sistema de cultivo, prácticas culturales, factores de clima y suelo. Dentro de los elementos que hacen parte del

sistema de cultivo y prácticas culturales se tienen el tipo de suelo, la época de siembra, la densidad de siembra, la fertilización y el manejo integrado de plagas y enfermedades, las cuales producen un efecto de localidad y manejo. Los factores de clima y suelo están relacionados con el efecto del ambiente o localidad, año, interacción año por ambiente; y corresponden a la precipitación, temperatura, humedad relativa, brillo solar, prevalencia de plagas y enfermedades, aspectos fuera del control del investigador (Falconer & Mackay, 1996). Esta diversidad ambiental modifica el ordenamiento relativo de los diferentes cultivares, lo cual condiciona el proceso de selección de materiales genéticos sobresalientes (Acciaresi & Chidichimo, 1999; Rodríguez-González et al., 2011).

Existen discrepancias respecto al uso de conceptos como sitio, localidad, experimento y ambiente. Romagosa & Fox (1993) identifican sitio y localidad como sinónimos. Ambos indican variación espacial y ubicación geográfica de un determinado experimento. Ambiente es un término general que define las condiciones bajo las cuales crece la planta y puede involucrar sitios, años, prácticas de manejo de cultivo o la combinación de estos factores. Comúnmente, cada sitio dentro de un año es considerado un ambiente único (separado de otros).

La varianza debida a la interacción genotipo por ambiente está dada por el comportamiento diferencial de los genotipos en diferentes ambientes (Rodríguez-González et al., 2011; Lozano-Ramírez, 2015; Acevedo et al., 2019; Mejía-Salazar et al., 2020). Si los efectos de la varianza ambiental son marcados —por ejemplo, cuando se presentan estreses abióticos extremos o una alta presión de plagas y enfermedades—, los efectos genéticos tienden a enmascarse; por lo tanto, se reduce la variabilidad genética, lo cual hace más difícil la identificación de genotipos superiores, debido a que los efectos ambientales ocupan gran proporción del fenotipo o de la función productiva (Hartwig et al., 2007; Nzuve et al., 2013).

La heredabilidad es la proporción de la varianza fenotípica total atribuible a la varianza fenotípica. El fenotipo define la función productiva y, tal como se dijo anteriormente, es el resultado de la expresión del genotipo de un organismo, de la influencia de factores ambientales y de las interacciones entre ambos. La heredabilidad a menudo se calcula como una medida de precisión de los ensayos y para calcular la respuesta a la selección (Schmidt, 2019), por lo tanto, la precisión de la heredabilidad depende de una adecuada estimación de los componentes de varianza

asociados. La utilidad de su estimación radica en el sentido predictivo de la respuesta a la selección. El análisis de los componentes de la varianza genética y la heredabilidad son importantes para estimar los progresos o avances en la selección (Abbott & Pistorale, 2010).

Los estudios relacionados con los parámetros genéticos de las poblaciones y las estimaciones de componentes de varianza genética, heredabilidad y correlaciones genéticas se han realizado en muchas especies (Peña-Lomeli et al., 2008). El tipo de acción génica, la heredabilidad y el avance genético para la selección son prerequisites importantes para fundar un programa de mejoramiento; por ejemplo, desarrollar una variedad tolerante de maíz a la sequía (Al-Naggar et al., 2016).

En algunos casos, es posible usar las estimaciones de repetibilidad de caracteres objetivo de un programa de mejoramiento. Esto es importante para diseñar un programa de mejora, ya que el coeficiente de repetibilidad mide la capacidad de los organismos para repetir la expresión del carácter a lo largo de varios períodos de tiempo. Así es posible verificar si la superioridad de algunos genotipos se mantiene a lo largo de los años, o si se debe a alguna condición ambiental transitoria. Los valores elevados de repetibilidad indican que es posible determinar el valor real de mejora del individuo con base en pocas mediciones secuenciales (Laviola et al., 2013).

El coeficiente de repetibilidad expresa la variación total proporción que se explica por las variaciones proporcionadas por el genotipo y por las alteraciones atribuidas a un ambiente común. Es por ello, que los estudios de repetibilidad ayudan a obtener precisión en los resultados, ahorrar tiempo y trabajo en las evaluaciones de las variables consideradas. Los valores elevados del coeficiente de repetibilidad indican que es posible predecir el valor real de los individuos con base en un número relativamente pequeño de mediciones, por lo tanto, es posible que haya poca ganancia de precisión con el aumento del número de mediciones (Leao & Costa, 2003).

El objetivo de este capítulo se orientó hacia el desarrollo estadístico de los conceptos de varianza, repetibilidad y heredabilidad, teniendo en cuenta los datos de los componentes de rendimiento de un ensayo de genotipos de papa (*Solanum tuberosum*) sometidos a diferentes niveles de estrés, y un dialélico de nueve parentales de uchuva (*Physalis*



*peruviana* L.) evaluado en cuatro localidades del departamento de Nariño, al sur de Colombia.

## Materiales y Métodos

El ensayo de papa (*S. tuberosum*) se estableció en la Vereda el Tambor, Municipio de Tangua, a 2403 msnm, con 1°08'05.5''LN y 77°21'20.1''LO, bajo el Diseño de Parcelas Divididas con cuatro repeticiones. Se evaluaron diez materiales genéticos incluido el testigo comercial UdenarStCr40 (Yema de Huevo) con cuatro niveles de fertilizante (Tabla 2.1). El factor que se midió con mayor precisión correspondió a los materiales genéticos. Los niveles de fertilización se establecieron según el análisis de suelo y el requerimiento del cultivo. En el nivel uno se aplicó el 80% del fertilizante convencional (720 kg.ha<sup>-1</sup>); en el nivel dos el 70% (630 kg.ha<sup>-1</sup>); en el nivel tres el 60% (540 kg.ha<sup>-1</sup>), y en el nivel cuatro no se utilizó fertilizante.

**Tabla 2.1**

*Materiales Genéticos (MG) de Papa Criolla (Solanum tuberosum) Evaluados Bajo Cuatro Niveles de Fertilización.*

| No. | MG            | Grupo    | País     | D      | M       | Altitud |
|-----|---------------|----------|----------|--------|---------|---------|
| 1   | UdenarStCr01  | Phureja  | Colombia | Nariño | Cumbal  | 3089    |
| 2   | UdenarStCr10  | Phureja  | Colombia | Nariño | Pasto   | 2718    |
| 3   | UdenarStCr40  | Phureja  | Colombia | Nariño | Cumbal  | 3090    |
| 4   | UdenarStCr42  | Phureja  | Colombia | Nariño | Pasto   | 2806    |
| 5   | UdenarStCr45  | Phureja  | Colombia | Nariño | Córdoba | 2897    |
| 6   | UdenarStCr46  | Phureja  | Colombia | Nariño | Cumbal  | 3094    |
| 7   | UdenarStCr49  | Phureja  | Colombia | Nariño | Córdoba | 2897    |
| 8   | UdenarStCr54  | Phureja  | Colombia | Nariño | Pasto   | 2840    |
| 9   | UdenarStCr63  | Phureja  | Colombia | Nariño | Córdoba | 2905    |
| 10  | UdenarStCr140 | Andigena | Colombia | Nariño | Cumbal  | 3098    |

Nota. D = departamento, M = municipio.

Las variables evaluadas en este ensayo fueron las siguientes:

### *Número de Tubérculos por Planta (TPP)*

Se obtuvo con base en el número de tubérculos de la parcela útil dividido entre el número de plantas cosechadas (PC).

### *Peso de Tubérculos por Planta (PTP)*

El PTP se alcanzó con base en el peso en kilos de los tubérculos de la parcela útil dividido entre PC.



### Rendimiento (RTO)

Después de contabilizar el número de tubérculos de la parcela útil, se procedió a tomar su peso en kilogramos. Luego, el RTO se expresó en kg/planta. Se recolectaron los tubérculos de la parcela útil, cuyo tamaño se clasificó en tamaño muy grande (> 90mm), grande (65 – 90mm), mediana (45 – 64mm) y pequeña (30 – 44mm) (CCB, 2015). Con base en estos tamaños, se clasificó en RTO de primera (RP), RTO de segunda (RS) y RTO de tercera, categoría que no se incluye en el análisis estadístico.

### Materia Seca del Tubérculo (MS)

Se obtuvo el peso fresco de una muestra que se colocó en la estufa de secado a 70°C hasta que alcanzó un peso constante. En esta etapa se registró el peso seco de la muestra y se calculó la MS en porcentaje a través de la relación entre el peso seco y el peso fresco.

Con relación al ensayo de uchuva (*Physalis peruviana* L), en el centro de investigación de Agrosavia Obonuco ubicado en las coordenadas 01°06'33.6LN y 77°12'18,1LO y a 2760 msnm, se estableció el bloque de cruzamientos, donde nueve líneas doble haploides (LDH) fueron sembradas, provenientes de cultivo de anteras por Agrosavia, Tibaitata (Tabla 2.2), en surcos individuales de 10 plantas sembradas a 2m entre ellas y 2,50m entre surcos. En este bloque se realizaron los cruzamientos directos para obtener un dialélico bajo el método IV de Griffing (1956), entre las nueve LDH, para obtener 36 F1s derivadas de  $[p(p-1)/2]$  combinaciones.

**Tabla 2.2**

*Principales Características de las Nueve Líneas Doble Haploides (LDH) Incluidas en el Dialélico Evaluado en Cuatro Localidades.*

| No. | DH     | WFWC | CF    | CA   | TSS   | Yield |
|-----|--------|------|-------|------|-------|-------|
| 1   | 12U347 | 6,20 | 18,00 | 1,97 | 15,39 | 18,12 |
| 2   | 12U350 | 6,53 | 12,88 | 2,04 | 15,60 | 18,83 |
| 3   | 12U352 | 5,90 | 14,50 | 2,04 | 15,61 | 17,43 |
| 4   | 12U357 | 6,02 | 26,75 | 1,94 | 15,21 | 15,87 |
| 5   | 12U360 | 6,04 | 31,75 | 2,07 | 15,57 | 17,81 |
| 6   | 12U368 | 5,11 | 52,75 | 2,12 | 14,98 | 17,99 |
| 7   | 12U374 | 5,71 | 22,88 | 2,01 | 15,07 | 17,13 |
| 8   | 12U377 | 5,96 | 12,69 | 1,99 | 15,41 | 16,95 |
| 9   | 12U399 | 5,63 | 15,94 | 1,98 | 15,53 | 17,33 |

Nota. PFSC= peso de fruto sin cáliz; FR= porcentaje de frutos rajados; AC= ácido cítrico; SST= sólidos solubles totales; RTO= rendimiento en t/ha.

Los híbridos F1 se evaluaron en cuatro localidades de la región natural Andina del departamento de Nariño, ubicadas en los municipios de Ipiales (2900 mnsnm), Gualmatán (2830 msnm), Puerres (2700 msnm) y Ononuco-Pasto (Agrosavia) (2800 msnm).

Cada ensayo presentó 36 tratamientos, que correspondieron a las F1's de los cruzamientos directos entre nueve LDH (Tabla 2.2). Los tratamientos se distribuyeron bajo el diseño de Bloques Completos al Azar con cuatro repeticiones. La parcela experimental estuvo formada por un surco de 10m de largo, en el que se sembraron cinco plantas con distancia entre ellas de 2,0m. La separación entre surcos (parcelas) fue de 2,5m. El área de la parcela experimental fue de 25m<sup>2</sup> y la superficie de la parcela útil de 20m<sup>2</sup>, con cuatro plantas centrales. Las variables evaluadas en este ensayo fueron las siguientes:

#### *Peso de Fruto Fresco con Cáliz (PCC)*

En cada recolección, se determinó el PCC en gramos de 50 frutos de cada parcela útil.

#### *Peso de Fruto Seco Sin Cáliz (PSC)*

Se colocaron las frutas frescas en un horno a 50°C durante seis horas, posteriormente se obtuvo el peso en gramos.

#### *Diámetro Ecuatorial (DE) y Eje Polar (EP) del Fruto*

Se hicieron las mediciones del diámetro ecuatorial y del eje polar del fruto en mm de 50 frutos de cada parcela útil.

#### *Sólidos Solubles Totales (SST)*

Con base en la norma NTC 4580, se determinaron los SST (grados Brix) en frutos de estado cinco de madurez (ICONTEC, 1999).

#### *Ácido Ascórbico (AA)*

La extracción del ácido ascórbico y ácidos orgánicos en las muestras se realizó con base en la extracción sólido-líquido con solución ácida (ácido fosfórico 0,05N), mediante agitación por 30 minutos en baño de hielo. Las muestras se centrifugaron a 6000 rpm. El extracto acuoso se filtró en discos de 0,45µm para la inyección al cromatógrafo de líquidos HPLC.

La identificación del ácido ascórbico en las muestras se efectuó mediante comparación con los tiempos de retención de patrones de ácido ascórbico (254nm) analizados bajo las mismas condiciones. La cuantificación se hizo con base en el estándar externo (patrón de ácido

ascórbico). Los ácidos orgánicos se identificaron simultáneamente a 210nm mediante comparación de los tiempos de retención de una mezcla estándar de ácidos orgánicos de alta pureza. La cuantificación se registró por estándar externo y relación de áreas cromatográficas y se expresó en mg/100g de fruta.

### **Rendimiento (RTO)**

Se estimó el rendimiento de cada parcela experimental, el cual se expresó en t/ha/año.

### **Análisis de la información**

El análisis de repetibilidad se hará con base en el ensayo de papa (*S. tuberosum*). Se desarrollarán los análisis estadísticos que involucran los conceptos de McIntosh (1983), Leao & Costa (2003), Cruz (2006), Moore & Dixon (2015), Lagos & Criollo (2019). La descomposición de varianzas y el análisis de heredabilidad en sentido estricto se aplicó al ensayo de uchuva (*Physalis peruviana* L.) con base en las metodologías de Hallauer et al. (1988), Nyquist & Baker (1991), Resende (2002), Holland et al. (2003), Cruz (2006), Piepho et al. (2008) y Cruz (2012).

## **Resultados y discusión**

### **Coeficiente de repetibilidad**

En el Anexo 2.1 se presenta la base de datos del ensayo de papa ordenada por repetición (Rep), nivel de fertilización (NF), genotipo y las variables de respuesta número de tubérculos por planta (TPP), peso en kg de tubérculos por planta (PTP), rendimiento en t/ha (RTO), rendimiento en t/ha de primera (RP), rendimiento en t/ha de segunda (RS) y materia seca del tubérculo (MS) en porcentaje, evaluadas bajo el Diseño de Parcelas Divididas (DPD) en una localidad del municipio de Tangua, departamento de Nariño.

En este caso, en la parcela principal (P) se ubicaron los NF, y en las subparcelas o parcela chicas (S), los genotipos. El modelo general para el DPD (Lagos & Criollo, 2019) es:  $Y_{ijk} = \mu + B_i + P_j + (BP)_{ij} + S_k + (PS)_{jk} + \varepsilon_{ijk}$ , donde  $Y_{ijk}$  es la variable de respuesta asociada al bloque i-ésimo ( $i = 1, 2, \dots, b$ ), parcela j-ésima ( $j = 1, 2, \dots, p$ ), subparcela k-ésima ( $k = 1, 2, \dots, s$ ),  $\mu$  es el efecto de la media general,  $B_i$  es el efecto del bloque i-ésimo ( $i = 1, 2, \dots, b$ ),  $P_j$  es el efecto de la parcela grande o principal j-ésima,  $(BP)_{ij}$  es el efecto aleatorio del error a,  $S_k$  es el efecto de la parcela chica o subparcela

k-ésima,  $(PS)_{jk}$  es el efecto de la interacción de la parcela i-ésima con la subparcela k-ésima y  $\varepsilon_{ijk}$  es el efecto aleatorio del error b.

En el DPD se pueden obtener estimaciones de los parámetros genéticos a partir de los siguientes modelos (Cruz, 2006): aleatorio con P, S y PxS aleatorios; fijo con P, S y PxS fijos; mixto con P fijas y S y PxS aleatorios; y mixto con S fijas y P y PxS aleatorios. A partir de estos modelos, el Análisis de Varianza (ANDEVA) presenta las siguientes estructuras:

*i. ANDEVA con P, S y PxS Aleatorios.*

| <i>FV</i>             | <i>GL</i>    | <i>CM</i> | <i>ECM</i>                                                       | <i>Fc</i>                                                               |
|-----------------------|--------------|-----------|------------------------------------------------------------------|-------------------------------------------------------------------------|
| Bloques (b)           | b-1          | CM1       | $\sigma_{eb}^2 + s\sigma_{ea}^2 + ps\sigma_b^2$                  |                                                                         |
| Parcela principal (P) | p-1          | CM2       | $\sigma_{eb}^2 + s\sigma_{ea}^2 + b\sigma_{ps}^2 + bs\sigma_p^2$ | (CM <sub>2</sub> +CM <sub>6</sub> )/(CM <sub>5</sub> +CM <sub>3</sub> ) |
| Error a (ea)          | (b-1) (p-1)  | CM3       | $\sigma_{eb}^2 + s\sigma_{ea}^2$                                 |                                                                         |
| Subparcela (S)        | s-1          | CM4       | $\sigma_{eb}^2 + b\sigma_{ps}^2 + bp\sigma_s^2$                  | CM <sub>4</sub> / CM <sub>5</sub>                                       |
| PxS                   | (p-1) (s-1)  | CM5       | $\sigma_{eb}^2 + b\sigma_{ps}^2$                                 | CM <sub>5</sub> / CM <sub>6</sub>                                       |
| Error b (eb)          | p(b-1) (s-1) | CM6       | $\sigma_{eb}^2$                                                  |                                                                         |

Nota: ECM = esperanza de los cuadrados medios, Fc = F calculado.

*ii. ANDEVA con P, S y PxS Fijos.*

| <i>FV</i>             | <i>GL</i>    | <i>CM</i> | <i>ECM</i>                                      | <i>Fc</i>                         |
|-----------------------|--------------|-----------|-------------------------------------------------|-----------------------------------|
| Bloques (b)           | b-1          | CM1       | $\sigma_{eb}^2 + s\sigma_{ea}^2 + ps\sigma_b^2$ |                                   |
| Parcela principal (P) | p-1          | CM2       | $\sigma_{eb}^2 + s\sigma_{ea}^2 + bs\sigma_p^2$ | CM <sub>2</sub> /CM <sub>3</sub>  |
| Error a (ea)          | (b-1) (p-1)  | CM3       | $\sigma_{eb}^2 + s\sigma_{ea}^2$                |                                   |
| Subparcela (S)        | s-1          | CM4       | $\sigma_{eb}^2 + bp\sigma_s^2$                  | CM <sub>4</sub> / CM <sub>6</sub> |
| PxS                   | (p-1) (s-1)  | CM5       | $\sigma_{eb}^2 + b\sigma_{ps}^2$                | CM <sub>5</sub> / CM <sub>6</sub> |
| Error b (eb)          | p(b-1) (s-1) | CM6       | $\sigma_{eb}^2$                                 |                                   |

Nota. ECM = esperanza de los cuadrados medios, Fc = F calculado.

iii. *ANDEVA del Modelo Mixto con P Fijas y S y PxS Aleatorios.*

| <i>FV</i>      | <i>GL</i>   | <i>CM</i> | <i>ECM</i>                                                                    | <i>Fc</i>           |
|----------------|-------------|-----------|-------------------------------------------------------------------------------|---------------------|
| Bloques (b)    | b-1         | CM1       | $\sigma_{eb}^2 + s\sigma_{ea}^2 + ps\sigma_b^2$                               |                     |
| Parcela (P)    | p-1         | CM2       | $\sigma_{eb}^2 + s\sigma_{ea}^2 + b\frac{p}{p-1}\sigma_{ps}^2 + bs\sigma_p^2$ | (CM2+CM6)/(CM5+CM3) |
| Error a (ea)   | (b-1) (p-1) | CM3       | $\sigma_{eb}^2 + s\sigma_{ea}^2$                                              |                     |
| Subparcela (S) | s-1         | CM4       | $\sigma_{eb}^2 + bp\sigma_s^2$                                                | CM4/ CM6            |
| PxS            | (p-1) (s-1) | CM5       | $\sigma_{eb}^2 + b\frac{p}{p-1}\sigma_{ps}^2$                                 | CM5/ CM6            |
| Error b (eb)   | p(b-1)(s-1) | CM6       | $\sigma_{eb}^2$                                                               |                     |

Nota: ECM = esperanza de los cuadrados medios, Fc = F calculado.

iv. *ANDEVA del Modelo Mixto con S Fijas y P y PxS Aleatorios.*

| <i>FV</i>      | <i>GL</i>    | <i>CM</i> | <i>ECM</i>                                                   | <i>Fc</i> |
|----------------|--------------|-----------|--------------------------------------------------------------|-----------|
| Bloques (b)    | b-1          | CM1       | $\sigma_{eb}^2 + s\sigma_{ea}^2 + ps\sigma_b^2$              |           |
| Parcela (p)    | p-1          | CM2       | $\sigma_{eb}^2 + s\sigma_{ea}^2 + bs\sigma_p^2$              | CM2/CM3   |
| Error a        | (b-1)(p-1)   | CM3       | $\sigma_{eb}^2 + s\sigma_{ea}^2$                             |           |
| Subparcela (s) | s-1          | CM4       | $\sigma_{eb}^2 + b\frac{s}{s-1}\sigma_{ps}^2 + bp\sigma_s^2$ | CM4/ CM5  |
| Pxs            | (p-1) (s-1)  | CM5       | $\sigma_{eb}^2 + b\frac{s}{s-1}\sigma_{ps}^2$                | CM5/ CM6  |
| Error b        | p(b-1) (s-1) | CM6       | $\sigma_{eb}^2$                                              |           |

Nota: ECM = esperanza de los cuadrados medios, Fc = F calculado.

Con base en las ECM se obtienen los componentes de varianza de parcela principal, subparcela e interacción de parcela por subparcela, de la siguiente forma (Cruz, 2006):

### Componente de varianza genética

| <b>Caso</b> | <b>Efecto de parcela principal</b>                  | <b>Efecto de subparcela</b>           |
|-------------|-----------------------------------------------------|---------------------------------------|
| <b>i.</b>   | $\sigma_p^2 = \frac{CM_2 + CM_6 - CM_3 - CM_5}{bs}$ | $\sigma_s^2 = \frac{CM_4 - CM_5}{bp}$ |
| <b>ii.</b>  | $\sigma_p^2 = \frac{CM_2 - CM_3}{bs}$               | $\sigma_s^2 = \frac{CM_4 - CM_6}{bp}$ |
| <b>iii.</b> | $\sigma_p^2 = \frac{CM_2 + CM_6 - CM_3 - CM_5}{bs}$ | $\sigma_s^2 = \frac{CM_4 - CM_6}{bp}$ |
| <b>iv.</b>  | $\sigma_p^2 = \frac{CM_2 - CM_3}{bs}$               | $\sigma_s^2 = \frac{CM_4 - CM_5}{bp}$ |

### Componente de varianza de interacción parcela x subparcela

| <b>Caso</b> | <b>Efecto de parcela principal</b>      | <b>Caso</b> | <b>Efecto de subparcela</b>                           |
|-------------|-----------------------------------------|-------------|-------------------------------------------------------|
| <b>i.</b>   | $\sigma_{ps}^2 = \frac{CM_5 - CM_6}{b}$ | <b>iii.</b> | $\sigma_{ps}^2 = \frac{CM_5 - CM_6}{b} \frac{p-1}{p}$ |
| <b>ii.</b>  | $\sigma_{ps}^2 = \frac{CM_5 - CM_6}{b}$ | <b>iv.</b>  | $\sigma_{ps}^2 = \frac{CM_5 - CM_6}{b} \frac{s-1}{s}$ |

### Heredabilidad

| <b>Efecto genético de parcela principal</b> | <b>Efecto genético de subparcela</b>       |
|---------------------------------------------|--------------------------------------------|
| $h^2 = \frac{\sigma_p^2}{\frac{CM_2}{bs}}$  | $h^2 = \frac{\sigma_s^2}{\frac{CM_4}{bp}}$ |

Falconer & Mackay (1996) y Laviola et al. (2013) indican que el coeficiente de repetibilidad mide la capacidad de los organismos para repetir la expresión de un carácter a lo largo de varios periodos de tiempo o repetición espacial. El coeficiente de determinación ( $R^2$ ) mide el grado de certidumbre en la predicción del valor real de un individuo. De acuerdo con Falconer & Mackay (1996) cuando existe más de una medida del carácter en cada individuo, la varianza fenotípica puede particionarse en varianza dentro de los individuos y varianza entre individuos. Esta partición da lugar a una proporción de componentes de varianza llamado repetibilidad, que tiene tres usos principales: mostrar cuánto se puede ganar con la repetición de las medidas, establecer límites superiores a las proporciones  $\sigma_G^2/\sigma_F^2$  o  $\sigma_a^2/\sigma_F^2$  ( $\sigma_G^2$ = varianza genética,  $\sigma_a^2$ = varianza aditiva,  $\sigma_F^2$ = varianza fenotípica), y predecir el rendimiento futuro a partir de

registros pasados. También puede arrojar una luz sobre la naturaleza de la varianza ambiental. La partición de la varianza correspondiente a la repetibilidad no forma parte de la teoría genética, porque es la varianza ambiental, no la genética, la que se particiona. Sin embargo, tiene algunas implicaciones prácticas para el análisis genético y los programas de mejoramiento.

La relación entre el componente interindividual y la varianza fenotípica total es la correlación intraclase  $r$ , lo cual corresponde a la correlación entre mediciones repetidas del mismo individuo, y se conoce como la repetibilidad del carácter. La partición de la varianza fenotípica expresada por la repetibilidad está dada por dos componentes  $\sigma_{AE}^2$  versus  $(\sigma_G^2 + \sigma_{AG}^2)$ , donde  $\sigma_{AE}^2$  es la varianza ambiental especial o temporal,  $\sigma_G^2$  es la varianza genética y  $\sigma_{AG}^2$  es la varianza ambiental general o permanente (Falconer & Mackay, 1996); de modo que la repetibilidad ( $r$ ) es igual a:

$$r = \frac{\sigma_G^2 + \sigma_{AG}^2}{\sigma_F^2}$$

Donde  $\sigma_F^2$  es la varianza fenotípica. La proporción del componente especial o temporal ( $\sigma_{AE}^2$ ) como una proporción del total está dada por:

$$\frac{\sigma_{AE}^2}{\sigma_F^2} = 1 - r$$

Con diseños y análisis correctos, la variación entre los fenotipos medidos ( $\sigma_F^2$ ) puede dividirse como  $\sigma_F^2 = \sigma_G^2 + \sigma_A^2 + \sigma_{G \times A}^2$ , donde  $\sigma_G^2$  es la varianza genotípica,  $\sigma_A^2$  es la varianza ambiental y  $\sigma_{G \times A}^2$  es varianza de la interacción genotipo por ambiente. Esta expresión aditiva puede utilizarse para estimar la heredabilidad ( $h^2$ ) o la repetibilidad ( $r$ ) de los cultivares sobre la media de progenie o de los genotipos como  $h^2(r) = \hat{\sigma}_G^2 / [\hat{\sigma}_G^2 + \frac{\hat{\sigma}_{G \times A}^2}{A} + \frac{\hat{\sigma}_A^2}{rA}]$ . La  $h^2$  o  $r$  depende del origen de los cultivares que se analizan. Por lo general, se evalúa un grupo de cruza de pruebas seleccionadas o híbridos seleccionados, o como en este caso, un grupo de genotipos de papa; el coeficiente de repetibilidad  $r$  sería el parámetro adecuado. Para un programa de selección recurrente en el que todas las progenies son una muestra no seleccionada de una población, las estimaciones de  $h^2$  serían apropiadas (Hallauer & Carena, 2009).

Los componentes de varianza y repetibilidad se calcularán para la variable tubérculos por planta (Anexo 2.1), cuyos datos se muestran en la Tabla 2.3. Así mismo, se presentarán los resultados para las demás variables.

**Tabla 2.3**

*Número de Tubérculos por Planta (TPP) Obtenidos en el Ensayo de Papa Bajo el Diseño en Parcelas Divididas con Cuatro Bloques. Los Niveles de Fertilización (NF) se Ubicaron en las Parcelas Principales (P) y los Genotipos en las Subparcelas (S).*

| <i>P</i> | <i>S</i> | <i>Bloques</i> |          |          |          | <i>P</i> | <i>S</i> | <i>Bloques</i> |          |          |          |
|----------|----------|----------------|----------|----------|----------|----------|----------|----------------|----------|----------|----------|
|          |          | <i>1</i>       | <i>2</i> | <i>3</i> | <i>4</i> |          |          | <i>1</i>       | <i>2</i> | <i>3</i> | <i>4</i> |
| 0        | 1        | 12,13          | 10,84    | 6,20     | 5,89     | 60       | 1        | 16,43          | 23,65    | 7,43     | 7,71     |
|          | 2        | 20,53          | 21,05    | 10,56    | 10,75    |          | 2        | 24,31          | 33,58    | 16,67    | 25,53    |
|          | 3        | 28,15          | 17,12    | 24,90    | 17,08    |          | 3        | 16,75          | 28,50    | 24,06    | 32,06    |
|          | 4        | 15,50          | 23,94    | 19,50    | 16,23    |          | 4        | 9,20           | 29,50    | 26,20    | 36,47    |
|          | 5        | 19,39          | 13,42    | 14,53    | 22,87    |          | 5        | 36,53          | 35,47    | 22,19    | 38,47    |
|          | 6        | 18,06          | 10,26    | 18,95    | 9,55     |          | 6        | 20,35          | 17,38    | 18,82    | 15,63    |
|          | 7        | 8,80           | 44,10    | 4,28     | 17,03    |          | 7        | 12,50          | 21,00    | 14,60    | 10,75    |
|          | 8        | 26,13          | 15,35    | 17,63    | 34,07    |          | 8        | 39,94          | 50,32    | 27,89    | 29,89    |
|          | 9        | 14,94          | 17,19    | 25,38    | 7,00     |          | 9        | 20,82          | 21,88    | 11,33    | 15,35    |
|          | 10       | 18,29          | 20,59    | 28,24    | 16,00    |          | 10       | 17,06          | 22,53    | 20,67    | 19,75    |
| <i>P</i> | <i>S</i> | <i>Bloques</i> |          |          |          | <i>P</i> | <i>S</i> | <i>Bloques</i> |          |          |          |
|          |          | <i>1</i>       | <i>2</i> | <i>3</i> | <i>4</i> |          |          | <i>1</i>       | <i>2</i> | <i>3</i> | <i>4</i> |
| 70       | 1        | 24,67          | 14,84    | 11,95    | 7,44     | 80       | 1        | 19,11          | 9,50     | 11,25    | 3,00     |
|          | 2        | 20,19          | 21,00    | 26,61    | 13,31    |          | 2        | 31,92          | 19,72    | 21,82    | 14,25    |
|          | 3        | 17,67          | 28,95    | 15,89    | 21,56    |          | 3        | 35,85          | 28,89    | 31,37    | 27,25    |
|          | 4        | 21,29          | 24,80    | 23,06    | 10,94    |          | 4        | 27,00          | 22,29    | 38,18    | 31,87    |
|          | 5        | 26,72          | 32,82    | 49,13    | 38,06    |          | 5        | 38,73          | 39,80    | 27,95    | 22,86    |
|          | 6        | 23,39          | 27,19    | 22,31    | 19,06    |          | 6        | 23,69          | 36,11    | 30,76    | 22,61    |
|          | 7        | 2,13           | 40,50    | 13,88    | 19,67    |          | 7        | 14,00          | 34,10    | 36,00    | 29,57    |
|          | 8        | 29,24          | 39,37    | 30,94    | 36,94    |          | 8        | 41,72          | 46,00    | 32,59    | 27,94    |
|          | 9        | 15,47          | 12,06    | 20,12    | 9,00     |          | 9        | 25,00          | 14,53    | 23,07    | 9,38     |
|          | 10       | 18,79          | 17,94    | 29,74    | 14,63    |          | 10       | 21,87          | 36,18    | 30,50    | 23,73    |

Los cálculos para el ANDEVA (Tabla 2.4), se detallan a continuación.

Con el fin de obtener las sumas de cuadrados (SC), las varianzas o cuadrados medios (CM) del ANDEVA bajo el modelo del Diseño en Parcelas Divididas a partir de la Tabla 2.3, se construyen dos tablas auxiliares: una relacionada con la interacción bloque por parcela principal para obtener la SC del error a (Tabla 2.3.1), y otra relacionada con la



interacción parcela principal por subparcela (Tabla 2.3.2), en este caso, P (NF) x S (g). Estas tablas son:

**Tabla 2.3.1**

*Interacción Bloque por Parcela Principal ( $Y_{ij}$ ).*

| NF                          | Bloques       |                |               |               | $Y_{.j}$       |
|-----------------------------|---------------|----------------|---------------|---------------|----------------|
|                             | 1             | 2              | 3             | 4             |                |
| 0                           | 181,93        | 193,86         | 170,15        | 156,46        | <b>702,40</b>  |
| 70                          | 213,90        | 283,80         | 189,85        | 231,62        | <b>919,16</b>  |
| 60                          | 199,55        | 259,47         | 243,62        | 190,62        | <b>893,26</b>  |
| 80                          | 278,88        | 287,12         | 283,49        | 212,46        | <b>1061,94</b> |
| <b><math>Y_{i..}</math></b> | <b>874,25</b> | <b>1024,24</b> | <b>887,11</b> | <b>791,15</b> |                |

**Tabla 2.3.2**

*Interacción de Parcela Principal por Subparcela ( $Y_{jk}$ ).*

| Genotipo                   | Nivel fertilización |               |               |                | $Y_{..k}$      |
|----------------------------|---------------------|---------------|---------------|----------------|----------------|
|                            | N0                  | N60           | N70           | N80            |                |
| UdenarStCr01               | 35,06               | 55,22         | 58,90         | 42,86          | <b>192,04</b>  |
| UdenarStCr10               | 62,89               | 100,09        | 81,11         | 87,72          | <b>331,81</b>  |
| UdenarStCr40               | 87,25               | 101,36        | 84,07         | 123,36         | <b>396,05</b>  |
| UdenarStCr42               | 75,17               | 101,37        | 80,10         | 119,33         | <b>375,96</b>  |
| UdenarStCr45               | 70,20               | 132,66        | 146,73        | 129,33         | <b>478,93</b>  |
| UdenarStCr46               | 56,82               | 72,18         | 91,95         | 113,17         | <b>334,12</b>  |
| UdenarStCr49               | 74,21               | 58,85         | 76,17         | 113,67         | <b>322,90</b>  |
| UdenarStCr54               | 93,18               | 148,04        | 136,49        | 148,25         | <b>525,95</b>  |
| UdenarStCr63               | 64,51               | 69,39         | 56,64         | 71,97          | <b>262,51</b>  |
| UdenarStCr140              | 83,12               | 80,00         | 81,10         | 112,28         | <b>356,49</b>  |
| <b><math>Y_{.j}</math></b> | <b>702,40</b>       | <b>919,16</b> | <b>893,26</b> | <b>1061,94</b> | <b>3576,76</b> |

De la Tabla 2.3 y de las tablas auxiliares de interacción, se obtienen los datos para estructurar los componentes del ANDEVA (Tabla 2.4), así:

**Grados de libertad (GL)**

Bloques =  $b-1 = 4-1 = 3$

Niveles de fertilización (NF) =  $p-1 = 4-1 = 3$

Error a =  $(b-1)(p-1) = (4-1)(4-1) = 3 \times 3 = 9$

Niveles de fertilización (NF) =  $p-1 = 4-1 = 3$

Genotipos =  $g-1 = 10-1 = 9$

Interacción  $p \times g = (p-1)(g-1) = 9 \times 3 = 27$

Error b =  $p(b-1)(s-1) = 4 \times (4-1) \times (10-1) = 108$

Total =  $b \times p \times g - 1 = 4 \times 4 \times 10 - 1 = 159$

### Factor de corrección (FC)

$$FC = \frac{(\sum \sum \sum Y_{ijk})^2}{b \times p \times g} = \frac{(3576,76)^2}{4 \times 4 \times 10} = \mathbf{79957,57}$$

### Sumas de cuadrado (SC)

$$SC_b = \frac{\sum Y_{i..}^2}{p \times g} - FC = \frac{(874,25)^2 + \dots + (791,15)^2}{4 \times 10} - 79957,57 = \mathbf{699,46}$$

$$SC_p = \frac{\sum Y_{.j.}^2}{b \times g} - FC = \frac{(702,40)^2 + \dots + (1061,94)^2}{4 \times 10} - 79957,57 = \mathbf{1638,70}$$

$$\begin{aligned} SC_{ea} &= \frac{\sum \sum Y_{ij.}^2}{g} - FC - SC_b - SC_p \\ &= \frac{(181,93)^2 + \dots + (212,46)^2}{10} - 79957,57 - 699,46 - 1638,70 = \mathbf{567,98} \end{aligned}$$

$$SC_g = \frac{\sum Y_{..k}^2}{b \times p} - FC = \frac{(192,04)^2 + \dots + (356,49)^2}{4 \times 4} - 79957,57 = \mathbf{5234,59}$$

$$\begin{aligned} SC_{p \times g} &= \frac{\sum \sum Y_{jk}^2}{b} - FC - SC_p - SC_g \\ &= \frac{(35,06)^2 + \dots + (112,28)^2}{4} - 79957,57 - 1638,70 - 5234,59 = \mathbf{1625,14} \end{aligned}$$

$$SC_T = \sum \sum \sum Y_{ijk}^2 - FC = [(12,13)^2 + (10,84)^2 + \dots + (23,73)^2] - 79957,57 = \mathbf{15242,50}$$

$$\begin{aligned} SC_{eb} &= SC_T - SC_b - SC_p - SC_{ea} - SC_g - SC_{p \times g} \\ &= 15242,50 - 699,46 - 1638,70 - 567,98 - 5234,59 - 1625,14 \\ &= \mathbf{5476,63} \end{aligned}$$

### Cuadrados medios (CM)

$$CM_b = \frac{SC_b}{GL_b} = \frac{699,46}{3} = \mathbf{233,15}$$

$$CM_p = \frac{SC_p}{GL_p} = \frac{1638,70}{3} = \mathbf{546,23}$$

$$CM_{ea} = \frac{SC_{ea}}{GL_{ea}} = \frac{567,98}{9} = \mathbf{63,11}$$

$$CM_g = \frac{SC_g}{GL_g} = \frac{5234,59}{9} = \mathbf{581,62}$$

$$CM_{p \times g} = \frac{SC_{p \times g}}{GL_{p \times g}} = \frac{1625,14}{27} = \mathbf{60,19}$$

$$CM_{eb} = \frac{SC_{eb}}{GL_{eb}} = \frac{5476,63}{108} = 50,71$$

### Esperanzas de los cuadrados medios (ECM)

$$ECM_{eb} = \sigma_{eb}^2 = 50,71$$

**Tabla 2.4**

Cuadrados Medios y la Esperanza de los Cuadrados Medios Para el ANDEVA Bajo el Modelo Mixto con P Fijas y S y PxS Aleatorios Para la Variable TPP.

| <b>FV</b>     | <b>GL</b> | <b>SC</b> | <b>CM</b> | <b>ECM</b>                                          | <b>Fc</b> | <b>Ft(α=0,05)</b> |
|---------------|-----------|-----------|-----------|-----------------------------------------------------|-----------|-------------------|
| Bloques (b)   | 3         | 699,46    | 233,15    | $681,80 + 40\sigma_b^2$                             |           |                   |
| NF (p)        | 3         | 1638,70   | 546,23    | $681,80 + 5,33\sigma_{p \times g}^2 + 40\sigma_p^2$ | 4,84      | 1,62              |
| Error a       | 9         | 567,98    | 63,11     | 681,80                                              |           |                   |
| Genotipos (g) | 9         | 5234,59   | 581,62    | $50,71 + 16\sigma_g^2$                              | 11,47     | 1,97              |
| pxg           | 27        | 1625,14   | 60,19     | $50,71 + 5,33\sigma_{p \times g}^2$                 | 1,19      | 1,59              |
| Error b       | 108       | 5476,63   | 50,71     | 50,71                                               |           |                   |
| Total         | 159       | 15242,50  |           |                                                     |           |                   |

$$ECM_{eb} = \sigma_{eb}^2 + g\sigma_{ea}^2 = 50,71 + 10(63,11) = 681,80$$

$$ECM_b = \sigma_{eb}^2 + g\sigma_{ea}^2 + pg\sigma_b^2 = 50,71 + 10(63,11) + (4 \times 10)\sigma_b^2 = 681,80 + 40\sigma_b^2$$

$$\begin{aligned}
 ECM_p &= \sigma_{eb}^2 + s\sigma_{ea}^2 + b\frac{p}{p-1}\sigma_{p \times g}^2 + bg\sigma_p^2 \\
 &= 50,71 + 10(63,11) + 4\left(\frac{4}{3}\right)\sigma_{p \times g}^2 + (4 \times 10)\sigma_p^2 \\
 &= 681,80 + 5,33\sigma_{p \times g}^2 + 40\sigma_p^2
 \end{aligned}$$

$$ECM_g = \sigma_{eb}^2 + bp\sigma_g^2 = 50,71 + (4 \times 4)\sigma_g^2 = 50,71 + 16\sigma_g^2$$

$$ECM_{g \times p} = \sigma_{eb}^2 + b\frac{p}{p-1}\sigma_{p \times g}^2 = 50,71 + 4\left(\frac{4}{3}\right)\sigma_{p \times g}^2 = 50,71 + 5,33\sigma_{p \times g}^2$$

### F calculado (Fc)

$$Fc_p = \frac{CM_2 + CM_6}{CM_5 + CM_3} = \frac{546,23 + 50,71}{60,19 + 63,11} = 4,84$$

$$Fc_g = \frac{CM_4}{CM_6} = \frac{581,62}{50,71} = 11,47$$

$$Fc_{p \times g} = \frac{CM_5}{CM_6} = \frac{60,19}{50,71} = 1,19$$

### *F teórico o tabulado (Ft)*

El Ft se obtiene de las Tablas de F que se encuentran en los libros de estadística, o en la herramienta de Excel, en funciones, con la fórmula: =INV.F.CD (nivel de significancia; GL numerador; GL denominador).

### *Componente de varianza genética*

Efecto de subparcela (genotipos):

$$\sigma_g^2 = \frac{CM_4 - CM_6}{bp} = \frac{581,62 - 50,71}{4 \times 4} = 33,18$$

### *Componente de varianza de interacción parcela x subparcela*

$$\sigma_{p \times g}^2 = \frac{CM_5 - CM_6}{b} = \frac{60,19 - 50,71}{4} \times \frac{4 - 1}{4} = 1,78$$

### *Heredabilidad (o repetibilidad)*

Como los genotipos se encuentran en la subparcela, la heredabilidad (o repetibilidad) se calcula en torno al efecto de la subparcela, por lo tanto, la  $h^2$  es igual a:

$$h^2 = \frac{\sigma_g^2}{\frac{CM_4}{bp}} = \frac{33,18}{\frac{581,62}{4 \times 4}} = 0,91$$

Este valor de heredabilidad se asumiría como el valor de repetibilidad, que es el valor máximo al que podría llegar la heredabilidad (Cruz, 2006b). Según Hallauer & Carena (2009), para cultivares seleccionados de diversas fuentes y diferentes pedigríes, el parámetro estimado se designa como una estimación de la repetibilidad.

Los métodos utilizados para calcular las estimaciones de heredabilidad y la repetibilidad son los mismos, y se obtienen mediante la siguiente ecuación:

$$h^2(r) = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\left[ \hat{\sigma}_g^2 + \frac{\hat{\sigma}_{g \times p}^2}{p} + \frac{\hat{\sigma}_{ea}^2}{bp} \right]} = \frac{33,18}{33,18 + \frac{1,78}{4} + \frac{50,71}{4 \times 4}} = 0,90$$

Cruz (2006b) propone dos modelos para estimar el coeficiente de repetibilidad ( $r$ ), como un valor máximo al cual puede llegar la heredabilidad, cuando la medición de un determinado carácter se hace repetidas veces en un mismo individuo en un espacio o tiempo. Los modelos son:

### Modelo I

$$Y_{ij} = \mu + g_i + \varepsilon_{ij}$$

Donde:  $Y_{ij}$  es la variable medida en el genotipo  $i$ -ésimo, ambiente  $j$ -ésimo (tiempo o espacio),  $\mu$  es la media general,  $g_i$  es el efecto aleatorio del  $i$ -ésimo genotipo bajo la influencia del ambiente permanente ( $i = 1, 2, \dots, g$ ) y  $\varepsilon_{ij}$  es el efecto del ambiente temporal asociado a la  $j$ -ésima medición en el  $i$ -ésimo genotipo ( $j = 1, 2, \dots, n$ ).

### Modelo II

$$Y_{ij} = \mu + g_i + a_j + \varepsilon_{ij}$$

Donde:  $Y_{ij}$  es la variable medida en el genotipo  $i$ -ésimo, ambiente  $j$ -ésimo (tiempo o espacio),  $\mu$  es la media general,  $g_i$  es el efecto aleatorio del  $i$ -ésimo genotipo bajo la influencia del ambiente permanente ( $i = 1, 2, \dots, g$ ),  $a_j$  es el efecto fijo del ambiente temporal de la  $j$ -ésima medición ( $j = 1, 2, \dots, n$ ) y  $\varepsilon_{ij}$  es el error experimental establecido por los efectos temporarios del ambiente en la  $j$ -ésima medición del  $i$ -ésimo genotipo.

Ahora se ilustra el procedimiento estadístico para evaluar estos dos modelos de repetibilidad ( $r$ ) en el ensayo de los 10 genotipos de papa. Entonces, con base en los datos el número de tubérculos por planta (TPP) obtenidos bajo diferentes niveles de fertilización (Tabla 2.3), los cuales se consideran como  $a_j$  o sea el efecto fijo del ambiente temporal de la  $j$ -ésima medición ( $j = 1, 2, \dots, n$ ), se construye la Tabla 2.5.

La estructura del ANDEVA para obtener los componentes de varianza de estos dos modelos se presenta en la Tabla 2.6, para lo cual, se hacen los siguientes cálculos:

### Grados de libertad (GL)

$$\text{Ambientes} = a - 1 = 4 - 1 = 3$$

$$\text{Genotipos} = g - 1 = 10 - 1 = 9$$

$$\text{Error} = g(a - 1) = 10(4 - 1) = 30 \text{ (Modelo I)}$$

$$\text{Error} = (a - 1)(g - 1) = 3 \times 9 = 27 \text{ (Modelo II)}$$

$$\text{Total} = g \times a - 1 = 10 \times 4 - 1 = 39$$

**Tabla 2.5**

*Promedios del Número de Tubérculos por Planta (TPP) en Papa (Solanum tuberosum) Obtenidos con Cuatro Niveles de Fertilización.*

| <b>Genotipo</b> | <b>N0</b>     | <b>N60</b>    | <b>N70</b>    | <b>N80</b>    | <b>Total</b>  |
|-----------------|---------------|---------------|---------------|---------------|---------------|
| UdenarStCr01    | 8,76          | 13,80         | 14,73         | 10,72         | <b>48,01</b>  |
| UdenarStCr10    | 15,72         | 25,02         | 20,28         | 21,93         | <b>82,95</b>  |
| UdenarStCr40    | 21,81         | 25,34         | 21,02         | 30,84         | <b>99,01</b>  |
| UdenarStCr42    | 18,79         | 25,34         | 20,02         | 29,83         | <b>93,99</b>  |
| UdenarStCr45    | 17,55         | 33,17         | 36,68         | 32,33         | <b>119,73</b> |
| UdenarStCr46    | 14,20         | 18,04         | 22,99         | 28,29         | <b>83,53</b>  |
| UdenarStCr49    | 18,55         | 14,71         | 19,04         | 28,42         | <b>80,72</b>  |
| UdenarStCr54    | 23,29         | 37,01         | 34,12         | 37,06         | <b>131,49</b> |
| UdenarStCr63    | 16,13         | 17,35         | 14,16         | 17,99         | <b>65,63</b>  |
| UdenarStCr140   | 20,78         | 20,00         | 20,27         | 28,07         | <b>89,12</b>  |
| <b>Total</b>    | <b>175,60</b> | <b>229,79</b> | <b>223,31</b> | <b>265,49</b> | <b>894,19</b> |

**Factor de corrección (FC)**

$$FC = \frac{(\sum \sum Y_{ij})^2}{g \times a} = \frac{(849,19)^2}{10} = \mathbf{19989,39}$$

$$FC = \frac{(\sum \sum Y_{ij})^2}{g \times a} = \frac{(849,19)^2}{10} = \mathbf{19989,39}$$

**Sumas de cuadrados (SC)**

$$SC_a = \frac{\sum Y_j^2}{g} - FC = \frac{[(175,6)^2 + \dots + (265,4)^2]}{10} - 19989,39 = \mathbf{409,68}$$

$$SC_g = \frac{\sum Y_i^2}{a} - FC = \frac{[(48,01)^2 + \dots + (89,12)^2]}{4} - 19989,39 = \mathbf{1308,65}$$

$$SC_T = \sum \sum Y_{ij}^2 - FC = [(8,76)^2 + (13,80)^2 + \dots + (28,07)^2] - 19989,39 = \mathbf{2124,61}$$

$$SC_e = SC_T - SC_g = 2124,61 - 1308,65 = \mathbf{815,96} \text{ (Modelo I)}$$

$$SC_e = SC_T - SC_a - SC_g = 2124,61 - 409,68 - 1308,65 = \mathbf{406,28} \text{ (Modelo II)}$$

### Cuadrados medios (CM)

$$CM_a = \frac{SC_a}{GL_a} = \frac{409,68}{3} = 136,56$$

$$CM_g = \frac{SC_g}{GL_g} = \frac{1308,65}{9} = 145,41$$

$$CM_e = \frac{SC_e}{GL_e} = \frac{815,96}{30} = 27,20 \text{ (Modelo I)}$$

$$CM_e = \frac{SC_e}{GL_e} = \frac{406,28}{27} = 15,05 \text{ (Modelo II)}$$

### F calculado (Fc)

$$Fc_a = \frac{CM_a}{CM_e} = \frac{136,56}{15,05} = 9,08$$

$$Fc_g = \frac{CM_g}{CM_e} = \frac{145,41}{27,20} = 5,35 \text{ (Modelo I)}$$

$$Fc_g = \frac{CM_g}{CM_e} = \frac{145,41}{15,05} = 9,66 \text{ (Modelo II)}$$

### F teórico o tabulado (Ft)

El Ft se obtiene de Excel (=INV.F.CD (nivel de significancia; GL numerador; GL denominador)).

**Tabla 2.6**

ANDEVA para los Modelos I o II de Repetibilidad

| <b>Modelo I</b>  |           |           |           |           |           |
|------------------|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|
| <b>FV</b>        | <b>GL</b> | <b>SC</b> | <b>CM</b> | <b>Fc</b> | <b>Ft</b> |
| Genotipos (g)    | 9         | 1308,65   | 145,41    | 5,35      | 2,21      |
| Error (e)        | 30        | 815,96    | 27,20     |           |           |
| Total            | 39        | 2124,61   |           |           |           |
| <b>Modelo II</b> |           |           |           |           |           |
| <b>FV</b>        | <b>GL</b> | <b>SC</b> | <b>CM</b> | <b>Fc</b> | <b>Ft</b> |
| Ambientes (a)    | 3         | 409,68    | 136,56    | 9,08      | 2,96      |
| Genotipos (g)    | 9         | 1308,65   | 145,41    | 9,66      | 2,25      |
| Error (e)        | 27        | 406,28    | 15,05     |           |           |
| Total            | 39        | 2124,61   |           |           |           |

Nota. Cruz, C. D. (2006b). Programa Genes: Biometria. Editora UFV.

### *Componente de varianza genética para el modelo I*

$$ECM_e = \sigma_e^2 = 27,20$$

$ECM_g = \sigma_e^2 + k\sigma_g^2$ , en el cual k es el número de registros por individuo y es igual a:

$$k = \left( \frac{1}{g-1} \right) \times \left( \sum O_i - \frac{\sum O_i^2}{\sum O_i} \right)$$

Donde g es el número de genotipos,  $\sum O_i$  es la sumatoria de las observaciones o registros de la variable en cada uno de los genotipos, con  $i = 1, 2, \dots, 10$ . Entonces, se tienen cuatro registros de TPP por genotipo, luego,  $\sum O_i = 4 + 4 + \dots + 4 = 40$ , por lo tanto:

$$k = \left( \frac{1}{10-1} \right) \times \left( 40 - \frac{(4)^2 + \dots + (4)^2}{40} \right) = 4$$

$$ECM_g = 145,41 = 27,20 + 4\sigma_g^2 \Rightarrow \sigma_g^2 = \frac{CM_g - CM_e}{k} = \frac{145,41 - 27,20}{4} = 29,55$$

La varianza total es igual a:  $\sigma_T^2 \Rightarrow \sigma_g^2 + \sigma_e^2 = 29,55 + 27,20 = 56,75$

### *Coeficiente de repetibilidad (r)*

$$r = \frac{29,55}{56,75} = 0,56$$

### *Componente de varianza genética para el modelo II*

$$ECM_e = \sigma_e^2 = 15,05$$

$ECM_g = \sigma_e^2 + k\sigma_g^2$ , en el cual, k es el número de registros por individuo y es igual a 4.

$$ECM_g = 145,41 = 15,05 + 4\sigma_g^2 \Rightarrow \sigma_g^2 = \frac{CM_g - CM_e}{k} = \frac{145,41 - 15,05}{4} = 32,59$$

La varianza total es igual a:  $\sigma_T^2 \Rightarrow \sigma_g^2 + \sigma_e^2 = 32,59 + 15,05 = 47,64$

### *Coeficiente de repetibilidad (r)*

$$r = \frac{32,59}{47,64} = 0,68$$



Con base en la información obtenida se pueden calcular los coeficientes de variación genética ( $CV_g$ ), fenotípica ( $CV_f$ ) y ambiental ( $CV_e$ ) (Villaseñor Mir et al., 2017), mediante las siguientes ecuaciones:

$$CV_g = \frac{\sqrt{\sigma_g^2}}{\mu} \times 100; \quad CV_f = \frac{\sqrt{\sigma_g^2 + \sigma_e^2}}{\mu} \times 100; \quad CV_e = \frac{\sqrt{\sigma_e^2}}{\mu} \times 100$$

Donde  $\mu$  es la media general del experimento:

$$\mu = \frac{\sum \sum Y_{ijk}}{b \times p \times g} = \frac{3576,76}{4 \times 4 \times 10} = 22,35$$

Los porcentajes de los CVs bajo los modelos mixto del DPD, modelo I y modelo II, son los siguientes:

| CV     | DPD                                                     | Modelo I                                                | Modelo II                                               |
|--------|---------------------------------------------------------|---------------------------------------------------------|---------------------------------------------------------|
| $CV_g$ | $\frac{\sqrt{33,18}}{22,35} \times 100 = 25,75$         | $\frac{\sqrt{29,55}}{22,35} \times 100 = 24,32$         | $\frac{\sqrt{32,59}}{22,35} \times 100 = 25,54$         |
| $CV_f$ | $\frac{\sqrt{33,18 + 50,71}}{22,35} \times 100 = 40,97$ | $\frac{\sqrt{29,55 + 27,20}}{22,35} \times 100 = 33,70$ | $\frac{\sqrt{32,59 + 15,05}}{22,35} \times 100 = 30,87$ |
| $CV_e$ | $\frac{\sqrt{50,71}}{22,35} \times 100 = 31,85$         | $\frac{\sqrt{27,20}}{22,35} \times 100 = 23,33$         | $\frac{\sqrt{15,05}}{22,35} \times 100 = 17,35$         |

Una clasificación de los estimados de heredabilidad (Pistorale et al., 2008; Hamid Khan et al., 2018) y repetibilidad<sup>(1)</sup>, se ofrece a continuación:

| <b>Heredabilidad</b> | <b>Nivel</b> | <b>Repetibilidad</b> | <b>Nivel</b> |
|----------------------|--------------|----------------------|--------------|
| <0,30                | Baja         | <0,20                | Baja         |
| 0,31-0,60            | Moderada     | 0,20-0,40            | Moderada     |
| >0,61                | Alta         | >0,40                | alta         |

(1) Nota. Extraída de: Material de la Diplomatura Superior en Producción Animal de Rumiantes de la Facultad de Ciencias Veterinarias-UNNE INTA. <https://fcvinta.files.wordpress.com/2016/06/9-cap3adtulo2.pdf>

El coeficiente de repetibilidad no es constante y varía según la población referencia y el ambiente. Además, también depende del tipo de experimento y del diseño usado, tal como se observó anteriormente. El análisis bajo el Diseño de Parcelas Divididas (DPD) produjo un valor de  $r$  superior a los modelos propuestos por Cruz (2006b). El análisis bajo el

modelo mixto del diseño DPD produce un estimado de repetibilidad que puede asumirse como un estimado de la heredabilidad en sentido amplio, la cual permite comparar caracteres y establecer algunas expectativas en la selección (Pistorale et al., 2008). Falconer & Mackay (1996) indican que la heredabilidad en sentido amplio explica el grado en que los fenotipos de los individuos están determinados por los genotipos. Esto se denomina grado de determinación genética y está dada en términos de varianza. Es decir, es el porcentaje de la varianza total que es explicada por la varianza de los efectos genéticos.

### *Software para repetibilidad y heredabilidad*

En esta parte del capítulo, se procederá a mostrar el uso de software disponible para hacer el análisis estadístico para repetibilidad y/o heredabilidad en sentido amplio. Para obtener los componentes de varianza del modelo mixto correspondiente al DPD y de los modelos I y II (Cruz, 2006b) se utilizarán el programa SAS, el programa gratuito Genes (Cruz, 2013; 2016) y la herramienta de datos de Excel.

Sintaxis SAS para el análisis de las seis variables del ensayo de papa bajo el modelo del Diseño en Parcelas Divididas:

```
data papa;
input genotipo NF bloque TPP PTP RTO RP RS MS;
cards;
1 1 1 12.13 0.39 19.69 10.16 6.25 24.36
1 1 2 10.84 0.57 18.95 12.28 5.53 24.23
1 1 3 6.20 0.56 15.90 12.67 2.57 30.04
1 1 4 5.89 0.48 11.94 9.86 1.25 21.57
1 2 1 16.43 0.60 30.00 18.04 7.68 26.96
. . . . . . . . .
. . . . . . . . .
. . . . . . . . .
10 3 4 14.63 0.62 15.39 8.52 4.61 20.47
10 4 1 21.87 0.70 35.17 12.00 13.50 27.39
10 4 2 36.18 0.88 29.41 7.16 14.31 23.66
10 4 3 30.50 0.96 27.54 11.11 9.84 25.85
10 4 4 23.73 0.96 24.00 15.08 4.17 23.95
;
run;
```

```
proc anova;
class genotipo NF bloque;
model TPP PTP RTO RP RS MS = bloque bloque*NF genotipo genotipo *NF/ss3;
test h=NF e=bloque*NF;
quit;
```

Sintaxis SAS para el análisis de las seis variables del ensayo de papa bajo los modelos I y II (Cruz, 2006b):

```
data papa;
input gen NF TPP PTP RTO RP RS MS;
cards;
1 1 8.76 0.50 16.62 11.24 3.90 25.05
1 2 13.80 0.84 27.64 19.60 5.93 23.58
1 3 14.73 0.72 26.28 17.37 6.89 24.57
1 4 10.72 0.81 29.70 22.32 5.86 21.79
2 1 15.72 0.77 27.96 17.58 8.50 22.71
2 2 25.02 0.94 30.17 18.62 7.45 21.36
2 3 20.28 1.09 38.00 24.26 10.90 16.98
2 4 21.93 1.13 39.79 24.77 10.64 23.53
3 1 21.81 0.62 20.53 10.80 5.70 27.58
3 2 25.34 0.67 21.08 10.15 6.46 24.69
3 3 21.02 0.73 24.69 12.42 7.69 26.20
3 4 30.84 0.86 28.73 15.08 7.42 25.50
4 1 18.79 0.65 22.31 11.45 7.26 23.70
4 2 25.34 1.00 31.99 13.60 12.13 25.32
4 3 20.02 0.90 31.14 14.62 12.30 24.15
4 4 29.83 0.99 32.88 17.27 10.26 26.47
5 1 17.55 0.64 20.36 8.34 7.59 27.22
5 2 33.17 1.02 33.61 11.01 12.08 28.54
5 3 36.68 1.15 37.21 13.71 13.50 28.98
5 4 32.33 1.30 45.40 20.55 16.07 27.55
6 1 14.20 0.57 19.00 8.88 6.50 30.61
6 2 18.04 0.72 23.10 10.44 9.14 27.90
6 3 22.99 1.00 32.50 14.83 11.51 26.31
6 4 28.29 0.92 30.35 12.22 12.92 27.35
7 1 18.55 0.50 16.66 6.44 7.60 31.11
7 2 14.71 0.67 25.11 8.73 10.76 26.35
7 3 19.04 0.66 19.96 10.44 6.26 25.91
7 4 28.42 1.16 36.17 20.46 10.14 29.23
```

|    |   |       |      |       |       |       |       |
|----|---|-------|------|-------|-------|-------|-------|
| 8  | 1 | 23.29 | 0.62 | 19.76 | 6.47  | 7.75  | 23.43 |
| 8  | 2 | 37.01 | 0.80 | 26.15 | 9.13  | 9.50  | 27.89 |
| 8  | 3 | 34.12 | 0.88 | 28.90 | 8.89  | 10.59 | 26.99 |
| 8  | 4 | 37.06 | 0.86 | 28.99 | 7.10  | 12.82 | 27.13 |
| 9  | 1 | 16.13 | 0.56 | 18.55 | 7.58  | 7.64  | 27.46 |
| 9  | 2 | 17.35 | 0.71 | 22.99 | 11.30 | 7.93  | 26.48 |
| 9  | 3 | 14.16 | 0.84 | 29.28 | 15.73 | 10.40 | 24.15 |
| 9  | 4 | 17.99 | 0.92 | 32.99 | 16.67 | 11.72 | 28.87 |
| 10 | 1 | 20.78 | 0.50 | 16.39 | 5.16  | 6.69  | 23.86 |
| 10 | 2 | 20.00 | 0.66 | 21.30 | 10.08 | 7.18  | 27.75 |
| 10 | 3 | 20.27 | 0.62 | 20.51 | 7.83  | 8.28  | 26.68 |
| 10 | 4 | 28.07 | 0.88 | 29.03 | 11.34 | 10.46 | 25.21 |

;

run;

proc anova;

class gen NF;

model TPP PTP RTO RP RS MS = gen;

quit;

proc anova;

class gen NF;

model TPP PTP RTO RP RS MS = NF gen;

quit;

Los componentes de varianza de los modelos I y II se pueden obtener de la herramienta datos de Excel. Una vez en datos, aparecen las funciones para análisis (Figura 2.1).

Para el modelo I, se usa la función *Análisis de varianza de un factor* y para el modelo II, *Análisis de varianza de dos factores con una sola muestra por grupo*.

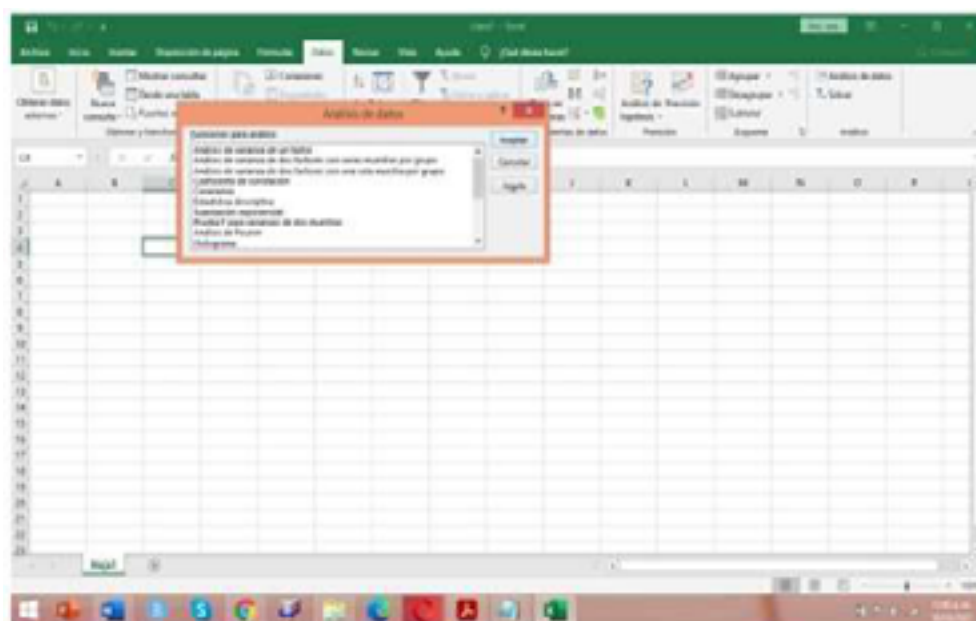


**Figura 2.1. Función Datos de Excel.**

Otra herramienta estadística es el paquete Genes desarrollado por el profesor Cruz (2013 y 2016) de la Universidad Federal de Viçosa (UFV). Este programa, puede obtenerse gratuitamente del link <ftp://ftp.ufv.br/dbg/biodata/>, y puede digitarse en el navegador de Opera, de donde se extrae su instalador, así como otros programas desarrollados por UFV.

En Genes, para el modelo del DPD, la base de datos se graba como texto en un block de notas. Desde Excel se copia la matriz de datos y se pega en block de notas. Las comas se cambian por puntos para separar decimales, con las herramientas *seleccionar todo-reemplazar*, y finalmente, se graba con la extensión **.txt o .prn**. Los datos deben ordenarse de tal forma que en la primera columna se colocan los elementos de la subparcela (genotipos = 1, 2,..., 10); en seguida, en forma correspondiente, los elementos de la subparcela (Niveles de fertilización = 1, 2, ..., 4), luego los bloques o repeticiones (1, 2, ..., 4). En el resto de columnas, los valores de las variables de respuesta (V1, V2, ..., Vx). Esta matriz no lleva encabezados y tiene la misma estructura que se usó en SAS, así:

|   |   |   |       |      |       |       |      |       |
|---|---|---|-------|------|-------|-------|------|-------|
| 1 | 1 | 1 | 12.13 | 0.39 | 19.69 | 10.16 | 6.25 | 24.36 |
| 1 | 1 | 2 | 10.84 | 0.57 | 18.95 | 12.28 | 5.53 | 24.23 |
| 1 | 1 | 3 | 6.20  | 0.56 | 15.90 | 12.67 | 2.57 | 30.04 |
| 1 | 1 | 4 | 5.89  | 0.48 | 11.94 | 9.86  | 1.25 | 21.57 |

|    |   |   |       |      |       |       |       |       |
|----|---|---|-------|------|-------|-------|-------|-------|
| 10 | 4 | 1 | 21.87 | 0.70 | 35.17 | 12.00 | 13.50 | 27.39 |
| 10 | 4 | 2 | 36.18 | 0.88 | 29.41 | 7.16  | 14.31 | 23.66 |
| 10 | 4 | 3 | 30.50 | 0.96 | 27.54 | 11.11 | 9.84  | 25.85 |
| 10 | 4 | 4 | 23.73 | 0.96 | 24.00 | 15.08 | 4.17  | 23.95 |

El procedimiento que sigue se describe a continuación:

En los iconos principales de Genes, se da enter en E. Experimental, luego en Análise de variância-enter, Parcelas Subdivida-enter, Parcela-Um factor-enter (Figura 2.2).

Se despliega Parcela – Um fator, se abre el archivo de trabajo con el icono del folder. Se abre el archivo. Se da finalizar y se escriben los parámetros en Declaração dos parâmetros; aquí se digita el número de variables (seis), número de factores en subparcela (s) (10), número de factores en parcela principal (p) (4), número de repeticiones (4), naturaleza del modelo (P fijo y S aleatorio), componente genético (Subparcela, en este caso, genotipos) y componente ambiental (Error b). Una vez se digita esta información, se da retornar (Figura 2.3).

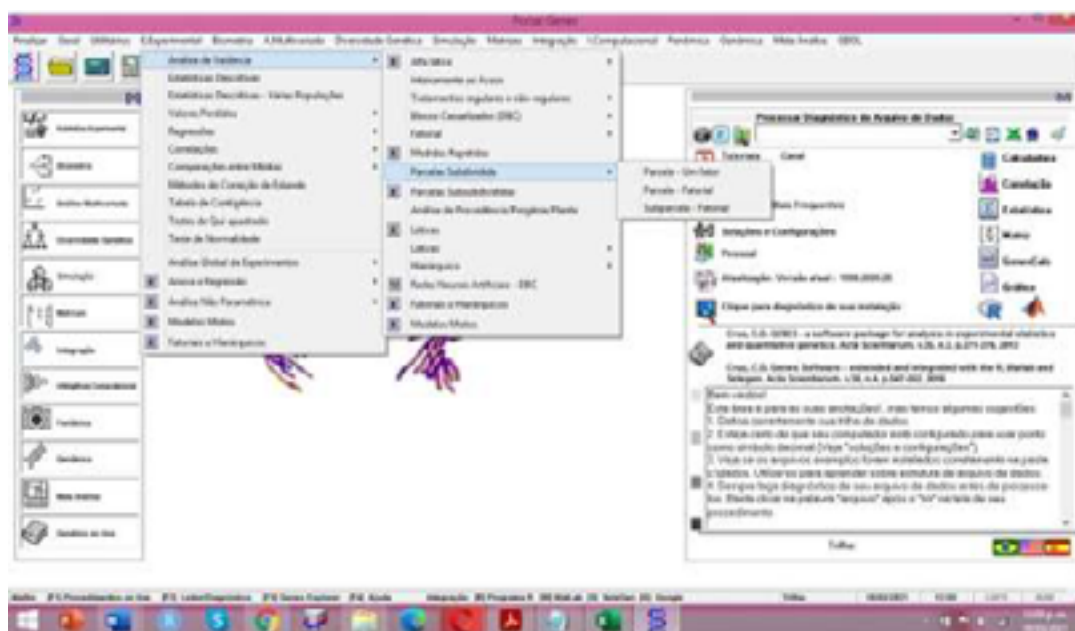


Figura 2.2. Iconos principales de Genes para el Análisis de Varianza de SPD.

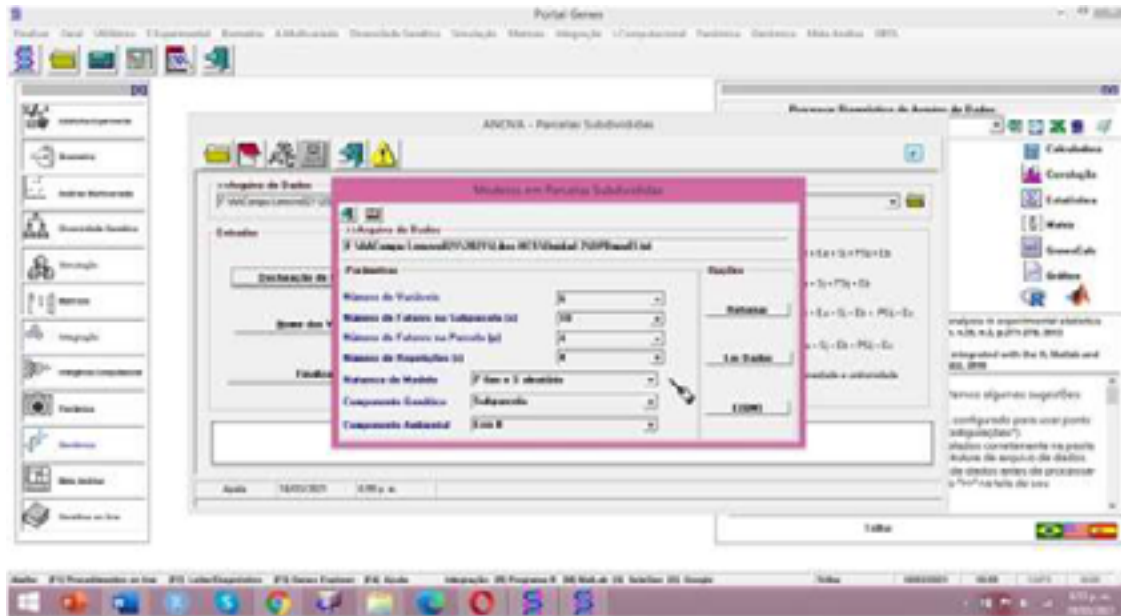


**Figura 2.3.** Se despliega Parcela – Um fator, para abrir el archivo de trabajo y escribir los parámetros del análisis.

Se escoge el primer modelo que incluye bloques, parcela principal, error a, subparcela, interacción parcela por subparcela y error B (Figura 2.4). En seguida, el programa Genes entrega las salidas (Figura 2.5).

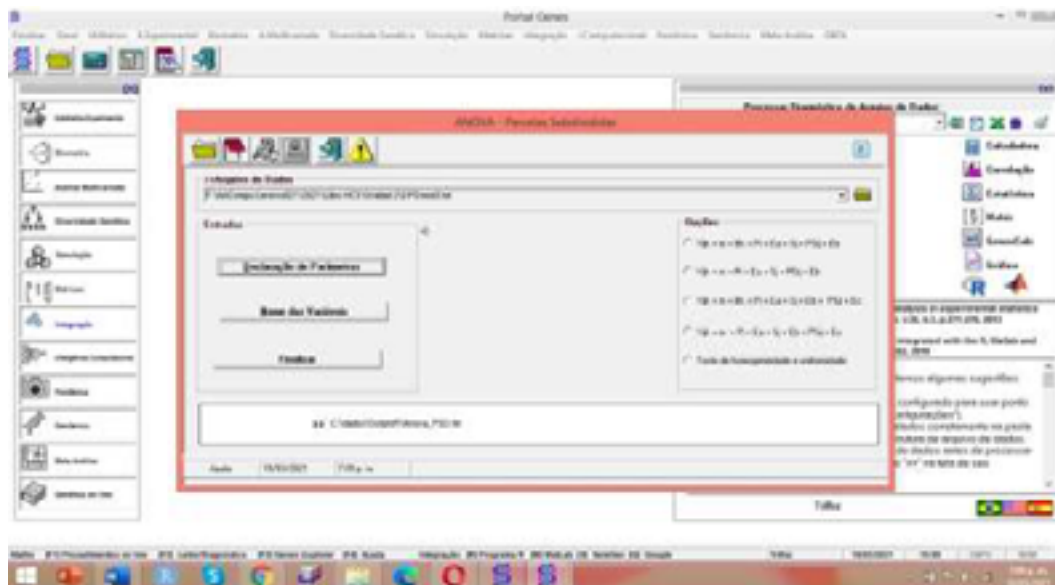


**Figura 2.4.** Herramienta de Genes para señalar el parámetro del modelo.



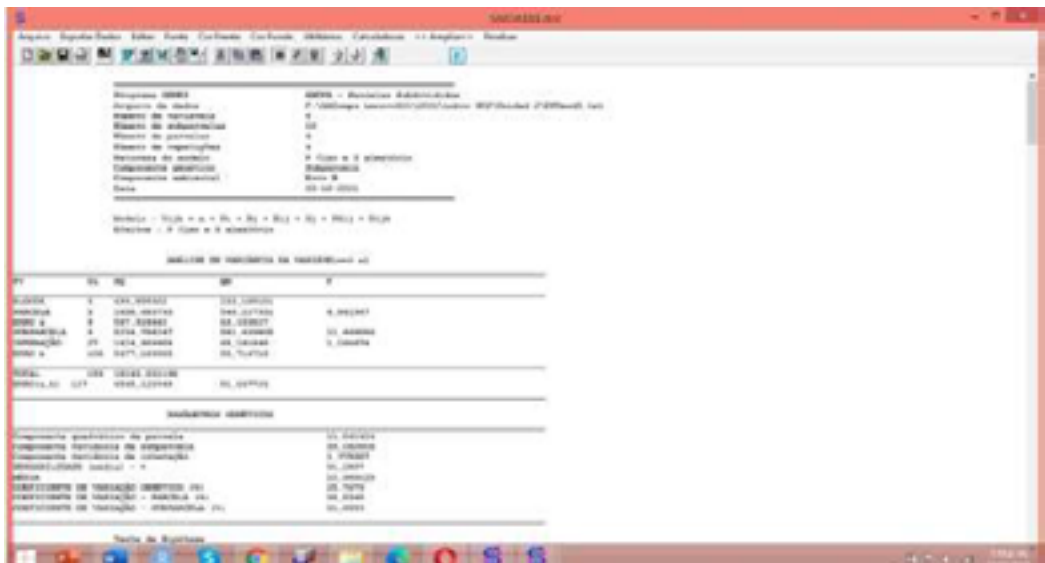


**Figura 2.5.** Salidas de Genes del Análisis de Varianza para el DPD.

Para obtener los valores de repetibilidad con base en el programa Genes, se construye el archivo de texto con la siguiente estructura:

|    |   |       |      |       |       |       |       |
|----|---|-------|------|-------|-------|-------|-------|
| 1  | 1 | 8.76  | 0.50 | 16.62 | 11.24 | 3.90  | 25.05 |
| 1  | 2 | 13.80 | 0.84 | 27.64 | 19.60 | 5.93  | 23.58 |
| 1  | 3 | 14.73 | 0.72 | 26.28 | 17.37 | 6.89  | 24.57 |
| 1  | 4 | 10.72 | 0.81 | 29.70 | 22.32 | 5.86  | 21.79 |
| 2  | 1 | 15.72 | 0.77 | 27.96 | 17.58 | 8.50  | 22.71 |
| .  | . | .     | .    | .     | .     | .     | .     |
| .  | . | .     | .    | .     | .     | .     | .     |
| 10 | 3 | 20.27 | 0.62 | 20.51 | 7.83  | 8.28  | 26.68 |
| 10 | 4 | 28.07 | 0.88 | 29.03 | 11.34 | 10.46 | 25.21 |

Este archivo (.txt) contiene en la primera columna los genotipos (1, 2, ..., 10), en la segunda columna los niveles de fertilización (1, 2, ..., 4) y en la siguiente, las variables de respuesta. La ruta en Genes para obtener las varianzas, es: Biometria-enter, Repetibilidade-enter, dados originais-enter, se carga el archivo, retornar. Se dan los parámetros (declaração de parâmetros) como número de variables (6), número de genotipos (10), número de mediciones (4) y finalmente, retornar, procesar para observar las salidas de los análisis.



Los resultados del análisis bajo los modelos mixtos del Diseño en Parcelas Divididas, I y II, se observan en las Tablas 2.7, 2.8 y 2.9. Como puede observarse, los valores de heredabilidad en sentido amplio (o repetibilidad) son mayores en el modelo mixto del DPD debido a que hay un mejor control del error experimental y una mayor precisión al ubicar los genotipos en las subparcelas, las cuales presentan un mayor número de observaciones. Lo que sí es claro, es que los valores de repetibilidad y heredabilidad en sentido amplio para estas seis características indican que existe una alta proporción de la variabilidad fenotípica que puede ser explicada por la variabilidad genética, lo cual es definitivo para definir las estrategias de mejoramiento genético para esta muestra de papa.

**Tabla 2.7**

*Cuadrados Medios del ANDEVA del DPD, Parámetros Genéticos y Heredabilidad en Sentido Amplio ( $h_a^2$ ) Para Seis Variables Evaluadas en Diez Genotipos de Papa (*S. tuberosum*) con Cuatro Niveles de Fertilización.*

| <i>FV</i>               | <i>GL</i> | <i>TPP</i> | <i>PTP</i> | <i>RTO</i> | <i>RP</i> | <i>RS</i> | <i>MS</i> |
|-------------------------|-----------|------------|------------|------------|-----------|-----------|-----------|
| Bloques (b)             | 3         | 233,15     | 0,38       | 1399,22    | 140,75    | 334,96    | 4,8       |
| Nivel Fertilización (p) | 3         | 546,23*    | 1,05*      | 1286,32*   | 378,75*   | 111,56*   | 12,43     |
| Error a                 | 9         | 63,11      | 0,08       | 129,70     | 18,41     | 34,46     | 6,03      |
| Genotipos (g)           | 9         | 581,62*    | 0,23*      | 278,63*    | 253,16*   | 57,99*    | 77,38*    |
| pxg                     | 27        | 60,19      | 0,04       | 41,37      | 22,21     | 8,46      | 13,97*    |
| Error b                 | 108       | 50,71      | 0,05       | 67,31      | 26,19     | 14,21     | 8,18      |
| Media                   |           | 22,35      | 0,81       | 27,09      | 13,11     | 9,11      | 25,9      |
| $\sigma_p^2$            |           | 11,84      | 0,025      | 29,56      | 9,23      | 2,07      | 0,015     |
| $\sigma_{p \times g}^2$ |           | 1,78       | -0,003     | -4,86      | -0,75     | -1,08     | 1,09      |
| $\sigma_g^2$            |           | 33,18      | 0,011      | 13,21      | 14,19     | 2,73      | 4,32      |
| $h_a^2$                 |           | 91,28      | 76,95      | 75,84      | 89,65     | 75,49     | 89,43     |
| CVg                     |           | 25,77      | 12,86      | 13,41      | 28,72     | 18,16     | 8,03      |
| CVf                     |           | 40,97      | 26,76      | 29,17      | 38,47     | 45,18     | 13,65     |
| CVa                     |           | 31,86      | 27,61      | 30,29      | 39,04     | 41,38     | 11,04     |

*Nota.* \*= diferencias significativas ( $\alpha=0,05$ ), TPP = número de tubérculos por planta, PTP= peso de tubérculos por planta, RTO= rendimiento en t/ha), RP= rendimiento de primera (t/ha), RS = rendimiento de segunda (t/ha), MS = materia seca del tubérculo (%).

**Tabla 2.8**

Cuadrados Medios de los Modelos I y II de Repetibilidad y Parámetros Genéticos Para Seis Variables Evaluadas en Diez Genotipos de Papa (*S. tuberosum*) con Cuatro Niveles de Fertilización.

| <b>Modelo I</b>  |           |               |             |              |              |              |              |
|------------------|-----------|---------------|-------------|--------------|--------------|--------------|--------------|
| <b>FV</b>        | <b>GL</b> | <b>TPP</b>    | <b>PTP</b>  | <b>RTO</b>   | <b>RP</b>    | <b>RS</b>    | <b>MS</b>    |
| Genotipos        | 9         | <b>145,41</b> | 0,057       | 69,66        | <b>63,29</b> | <b>14,49</b> | <b>19,34</b> |
| Error            | 30        | 27,20         | 0,035       | 41,47        | 14,59        | 4,69         | 3,45         |
| <b>Modelo II</b> |           |               |             |              |              |              |              |
| <b>FV</b>        | <b>GL</b> | <b>TPP</b>    | <b>PTP</b>  | <b>RTO</b>   | <b>RP</b>    | <b>RS</b>    | <b>MS</b>    |
| Ambientes        | 3         | 136,56        | 0,26        | 321,61       | 95,95        | 27,91        | 3,1          |
| Genotipos        | 9         | <b>145,41</b> | <b>0,06</b> | <b>69,66</b> | <b>63,29</b> | <b>14,49</b> | <b>19,34</b> |
| Error            | 27        | 15,05         | 0,01        | 10,34        | 5,55         | 2,11         | 3,49         |
| Media            |           | 22,35         | 0,81        | 27,09        | 13,11        | 9,11         | 25,9         |

**Tabla 2.9.**

Parámetros Genéticos (P) y Coeficiente de Repetibilidad (R) Bajo los Modelos I y II Para Seis Variables Evaluadas en Diez Genotipos de Papa (*S. tuberosum*) con Cuatro Niveles de Fertilización.

| <b>P</b>     | <b>TPP</b> |           | <b>PTP</b> |           | <b>RTO</b> |           | <b>RP</b> |           | <b>RS</b> |           | <b>MS</b> |           |
|--------------|------------|-----------|------------|-----------|------------|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|
|              | <b>I</b>   | <b>II</b> | <b>I</b>   | <b>II</b> | <b>I</b>   | <b>II</b> | <b>I</b>  | <b>II</b> | <b>I</b>  | <b>II</b> | <b>I</b>  | <b>II</b> |
| $\sigma_g^2$ | 29,55      | 32,59     | 0,006      | 0,01      | 7,048      | 14,83     | 12,175    | 14,4      | 2,45      | 3,10      | 3,97      | 3,96      |
| $\sigma_a^2$ | 27,20      | 15,05     | 0,035      | 0,01      | 41,47      | 10,34     | 14,59     | 5,55      | 4,69      | 2,11      | 3,45      | 3,49      |
| $\sigma_f^2$ | 56,75      | 47,64     | 0,041      | 0,02      | 48,52      | 25,17     | 26,77     | 19,99     | 7,14      | 5,21      | 7,42      | 7,45      |
| r            | 0,52       | 0,68      | 0,14       | 0,56      | 0,15       | 0,59      | 0,45      | 0,72      | 0,34      | 0,59      | 0,54      | 0,53      |
| CVg          | 24,32      | 25,54     | 9,16       | 13,80     | 9,80       | 14,22     | 26,62     | 28,98     | 17,18     | 19,31     | 7,70      | 7,69      |
| CVf          | 33,71      | 30,88     | 24,85      | 0,67      | 25,71      | 18,52     | 39,46     | 34,10     | 29,33     | 25,04     | 10,52     | 10,54     |
| CVa          | 23,33      | 17,36     | 23,10      | 12,35     | 23,77      | 11,87     | 29,14     | 17,97     | 23,77     | 15,94     | 7,17      | 7,21      |

### Heredabilidad

Para desarrollar el concepto de heredabilidad se utilizaron los ensayos del dialélico entre nueve LDH de uchuva (*Physalis peruviana* L.) obtenidos por el método 4 de Griffing (1956) y evaluados en cuatro localidades o ambientes ubicados en la región natural Andina de los municipios de Gualmatán, Ipiales, Pasto (Obonuco) y Puerres. Los datos de las variables: peso en gramos de fruto fresco con cáliz (PCC), peso en gramos de fruto seco sin cáliz (PSC), diámetro ecuatorial en mm del fruto (DE), eje polar en mm del fruto (EP), sólidos solubles totales (SST), ácido ascórbico (AA) y rendimiento en t/ha (RTO), se presentan en el Anexo 2.2.

Con base en estos datos se desarrolla el análisis estadístico, para obtener los diferentes componentes de varianza y los parámetros de heredabilidad bajo el esquema de cruzamientos dialélicos, los cuales consisten en hacer cruzamientos por parejas para un  $p$  número de progenitores. Según esta metodología se han desarrollado esquemas y análisis para padres que van desde líneas endogámicas hasta variedades de amplia base genética (Hallauer et al., 1988). El cruzamiento dialélico produce  $[p(p-1)]$  progenies cuando se hacen cruzamientos directos y recíprocos, y  $[p(p-1) / 2]$  progenies, si solo se hacen los cruzamientos directos.

A partir de los cruzamientos dialélicos, Griffing (1956) planteó cuatro métodos para el estudio del potencial genético de los parentales. Estos métodos tienen su fundamento en el tipo de progenies que se producen y en las ocho posibilidades de análisis que pueden surgir con la asunción de un modelo fijo o un modelo aleatorio (Steel & Torrie, 1960).

En el modelo fijo o tipo I, los parentales son escogidos a criterio del investigador, no hay una población referencia, las hipótesis se plantean para la media, la aptitud combinatoria general (ACG), la aptitud combinatoria específica (ACE) y la heterosis. Las conclusiones son válidas para los progenitores escogidos y para las condiciones donde se evalúan los materiales genéticos (padres y/o progenies) y no pueden extenderse a una población hipotética de referencia. No se estiman varianzas ni heredabilidad.

A su vez, el modelo aleatorio o tipo II considera una muestra aleatoria de progenitores que provienen de una población referencia, de tal forma que se plantean hipótesis para varianzas y heredabilidad. Las conclusiones y recomendaciones se extrapolan a la población referencia que incluye genotipos que no hicieron parte de la muestra (Hallauer et al., 1988).

Ahora bien, si se tienen  $p = 5$  progenitores, se pueden obtener los siguientes cruzamientos dialélicos:

| $p$<br>femenino | $p$ masculino                      |                                    |                                    |                                    |                                    | Progenitor               |
|-----------------|------------------------------------|------------------------------------|------------------------------------|------------------------------------|------------------------------------|--------------------------|
|                 | $P_1$                              | $P_2$                              | $P_3$                              | $P_4$                              | $P_5$                              |                          |
| $P_1$           | <b><math>P_1 \times P_1</math></b> | $P_1 \times P_2$                   | $P_1 \times P_3$                   | $P_1 \times P_4$                   | $P_1 \times P_5$                   | <b><math>P_1.</math></b> |
| $P_2$           | $P_2 \times P_1$                   | <b><math>P_2 \times P_2</math></b> | $P_2 \times P_3$                   | $P_2 \times P_4$                   | $P_2 \times P_5$                   | <b><math>P_2.</math></b> |
| $P_3$           | $P_3 \times P_1$                   | $P_3 \times P_2$                   | <b><math>P_3 \times P_3</math></b> | $P_3 \times P_4$                   | $P_3 \times P_5$                   | <b><math>P_3.</math></b> |
| $P_4$           | $P_4 \times P_1$                   | $P_4 \times P_2$                   | $P_4 \times P_3$                   | <b><math>P_4 \times P_4</math></b> | $P_4 \times P_5$                   | <b><math>P_4.</math></b> |
| $P_5$           | $P_5 \times P_1$                   | $P_5 \times P_2$                   | $P_5 \times P_3$                   | $P_5 \times P_4$                   | <b><math>P_5 \times P_5</math></b> | <b><math>P_5.</math></b> |

En la diagonal del esquema anterior, se ubican los parentales. Por encima de la diagonal, las cruzas directas y por debajo de ella, las cruzas recíprocas. Ahora, se describen los materiales genéticos o tratamientos (t) que se pueden incluir en los cuatro métodos y ocho análisis de Griffing (1956) para  $p=5$ :

#### **Método I**

Incluye todo el esquema de cruzamientos dialélicos, es decir, todas las posibles cruzas y los parentales. Entonces,  $p^2 = (5)^2 = 25t$ .

#### **Método II**

Incluye las cruzas directas (encima de la diagonal) y los parentales, más no las recíprocas. Entonces,  $[p(p+1)/2] = [5(5+1)/2] = 15t$ .

#### **Método III**

Incluye cruzas directas y recíprocas, sin parentales. Entonces,  $[p(p-1)] = [5(5-1)] = 20t$ .

#### **Método IV**

Incluye cruzas directas, sin recíprocas ni parentales. Entonces,  $[p(p-1)/2] = [5(5-1)/2] = 10t$ .

El término aptitud combinatoria general (ACG) se utiliza para designar el rendimiento medio de una línea en combinaciones híbridas y está representada por la columna progenitores del esquema de cruzamientos dialélicos (efectos aditivos). El término aptitud combinatoria específica

(ACE) se utiliza para designar aquellos casos en los que determinadas combinaciones híbridas obtienen resultados relativamente mejores o peores de lo que cabría esperar sobre la base del rendimiento promedio de los progenitores implicados en la cruce. Las celdas que están por fuera de la diagonal del esquema de cruzamientos dialélicos representan la desviación de las cruces individuales, con respecto a la media de la columna progenitores (efectos de dominancia) y representa el concepto de ACE (Sprague & Tatum, 1942).

Con base en lo anterior, a continuación, se desarrollará el procedimiento estadístico para obtener los componentes de varianza y heredabilidad para el rendimiento (RTO) del experimento de uchuva (*P. peruviana* L.), concebido bajo el esquema de cruzamientos dialélicos entre nueve LDH (Anexo 2.2), método 4, modelo tipo II de Griffing (1956).

El modelo estadístico evaluado para una localidad es el siguiente:

$$Y_{ijk} = \mu + b_k + g_i + g_j + s_{ij} + \varepsilon_{ijk}$$

Donde:  $Y_{ijk}$  = variable de respuesta,  $\mu$  = efecto de la media general del experimento,  $b_k$  = efecto aleatorio de la repetición k-ésima ( $k = 1, 2, 3, 4$ ),  $g_i \wedge g_j$  = efectos aleatorios de ACG,  $s_{ij}$  = efectos aleatorios de ACE,  $\varepsilon_{ijk}$  = error experimental asociada a la  $Y_{ijk}$  observación ( $k = 1, 2, \dots, 4$ ;  $i = j = 1, 2, \dots, 9$ ). El ANDEVA y las esperanzas de los cuadrados medios esperados (CME) se observan en la Tabla 2.10.

**Tabla 2.10**

ANDEVA y Cuadrados Medios Esperados (CME) Bajo el Modelo Aleatorio (Modelo II) de *P* Progenitores, Método IV de Griffing (1956).

| <i>FV</i> | <i>GL</i>         | <i>CM</i> | <i>CME</i>                                    |
|-----------|-------------------|-----------|-----------------------------------------------|
| Bloque    | b-1               |           |                                               |
| Cruzas    | [p(p-1)/2]-1      | CM1       | $\sigma_e^2 + b\sigma_c^2$                    |
| ACG       | p-1               | CM11      | $\sigma_e^2 + b\sigma_s^2 + b(p-2)\sigma_g^2$ |
| ACE       | [p(p-3)/2]        | CM12      | $\sigma_e^2 + b\sigma_s^2$                    |
| Error     | (b-1)[p(p-1)/2]-1 | CM3       | $\sigma_e^2$                                  |
| Total     | b[p(p-1)/2]-1     |           |                                               |

*Nota.*  $p$ = padres,  $b$ = bloques o repeticiones,  $c$ = cruzas,  $g$ = varianza de los efectos de aptitud combinatoria general,  $s$ = varianza de los efectos de aptitud combinatoria específica.

El modelo que considera k ambientes, es

$$Y_{ijk} = \mu + L_k + b(L)_{r(k)} + C_{ij} + (C \times L)_{kij} + \varepsilon_{ijk}$$

Donde:  $Y_{ijk}$  = variable de respuesta,  $\mu$  = efecto de la media general del experimento,  $L_k$  = efecto aleatorio de la localidad k-ésima ( $k = 1, 2, 3, 4$ ),  $b(L)_{r(k)}$  = efecto aleatorio del bloque o repetición r-ésima ( $r = 1, 2, 3, 4$ ) dentro de la localidad k-ésima ( $k = 1, 2, 3, 4$ ),  $C_{ij}$  = efecto aleatorio de la craza ij-ésima ( $i = j = 1, 2, \dots, 36$ ),  $(C \times L)_{kij}$  = efecto de la interacción de la localidad k-ésima por la craza i, j-ésima,  $\varepsilon_{ijk}$  = error experimental asociado a la craza i, j-ésima, localidad k-ésima, repetición r-ésima dentro de la localidad k-ésima. Luego el efecto de la craza  $C_{ij}$ , se descompone en:

$$C_{ij} = g_i + g_j + s_{ij}$$

Donde:  $g_i, g_j$  = efectos aleatorios de ACG de los padres i y j,  $s_{ij}$  = efectos aleatorios de ACE para una craza entre el progenitor i y el progenitor j. En el mismo sentido, la interacción craza por localidad se descompone en:

$$(C \times L)_{kij} = (g \times l)_{i=jk} + (s \times l)_{ijk}$$

Donde:  $(g \times l)_{i=jk}$  = efectos aleatorios de la interacción ACG por localidad,  $(s \times l)_{ijk}$  = efectos aleatorios de la interacción ACE por localidad.

A partir del modelo estadístico antes desarrollado se construye el ANDEVA combinado a través de las localidades (Tabla 2.11). Tanto para una localidad como a través de localidades, bajo la asunción del modelo tipo II o aleatorio, las estimaciones de los componentes de varianza genética descritos en las Tablas 2.10 y 2.11 permiten estimar la heredabilidad ( $\hat{h}^2$ ). Con los datos de rendimiento de la localidad de Gualmatán (Anexo 2.2), se genera una tabla dialéctica con los totales de rendimiento de las cuatro repeticiones, que se observan en la tabla dialéctica (Tabla 2.12). Los totales de los bloques o repeticiones fueron:  $r_1 = 467,92t$ ,  $r_2 = 449,53t$ ,  $r_3 = 430,94t$  y  $r_4 = 475,51t$  y el total del experimento fue de  $1823,89t$ . Ahora, se procede a hacer los cálculos para estimar los grados de libertad (GL), sumas de cuadrado (SC), cuadrados medios (CM), cuadrados medios esperados (CME) del ANDEVA (Tabla 2.13), para de esta manera obtener los componentes de varianza y heredabilidad.

**Tabla 2.11**

ANDEVA y Cuadrados Medios Esperados (CME) Bajo el Modelo Aleatorio de *P* Progenitores [Método 4 De Griffing (1956)] Evaluados a Través de Ambientes.

| <i>FV</i>               | <i>GL</i>           | <i>CM</i> | <i>CME</i>                                                                               |
|-------------------------|---------------------|-----------|------------------------------------------------------------------------------------------|
| Ambientes (l)           | l-1                 |           |                                                                                          |
| Bloques/ambientes (b/l) | l(b-1)              |           |                                                                                          |
| Cruzas (c)              | [p(p-1)/2]-1        | CMc       | $\sigma_e^2 + b\sigma_{cxl}^2 + bl\sigma_c^2$                                            |
| ACG                     | p-1                 | CMACG     | $\sigma_e^2 + b\sigma_{sxl}^2 + b(p-2)\sigma_{gxl}^2 + bl\sigma_s^2 + bl(p-2)\sigma_g^2$ |
| ACE                     | [p(p-3)/2]          | CMACE     | $\sigma_e^2 + b\sigma_{sxl}^2 + bl\sigma_s^2$                                            |
| c x l                   | [p(p-1)/2](l-1)     | CMcxl     | $\sigma_e^2 + b\sigma_{cxl}^2$                                                           |
| ACG x l                 | (p-1)(l-1)          | CMACGxl   | $\sigma_e^2 + b\sigma_{sxl}^2 + b(p-2)\sigma_{gxl}^2$                                    |
| ACE x l                 | [p(p-3)/2](l-1)     | CMACExl   | $\sigma_e^2 + b\sigma_{sxl}^2$                                                           |
| Error (e)               | l(b-1) [p(p-1)/2]-1 | CMe       | $\sigma_e^2$                                                                             |
| Total                   | lb[p(p-1)/2]-1      |           |                                                                                          |

*Nota.* p = progenitores, l = localidad o ambiente, b = bloques o repeticiones, c = cruzas, g = varianza de los efectos de aptitud combinatoria general, s = varianza de los efectos de aptitud combinatoria específica.

**Tabla 2.12**

Totales de Rendimiento (t/ha) de 36 Híbridos de Uchuva (*Physalis peruviana* L) Obtenidos de Cruzas Dialélicas [Método 4 De Griffing (1956)] Entre Nueve LDH, Evaluadas en Gualmatán Bajo el Diseño de BCA con Cuatro Repeticiones.

| <i>LDH</i> | <b>2</b> | <b>3</b> | <b>4</b> | <b>5</b> | <b>6</b> | <b>7</b> | <b>8</b> | <b>9</b> | <i>C<sub>i..</sub></i> |
|------------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|------------------------|
| <b>1</b>   | 49,97    | 47,85    | 56,07    | 49,51    | 50,78    | 58,08    | 52,29    | 47,07    | 411,62                 |
| <b>2</b>   |          | 42,87    | 53,03    | 44,64    | 57,13    | 56,80    | 52,96    | 51,23    | 408,63                 |
| <b>3</b>   |          |          | 48,87    | 47,14    | 44,13    | 46,47    | 48,10    | 43,37    | 368,80                 |
| <b>4</b>   |          |          |          | 50,54    | 57,50    | 54,42    | 47,61    | 50,25    | 418,29                 |
| <b>5</b>   |          |          |          |          | 52,54    | 62,80    | 51,96    | 51,12    | 410,25                 |
| <b>6</b>   |          |          |          |          |          | 49,81    | 57,06    | 52,66    | 421,62                 |
| <b>7</b>   |          |          |          |          |          |          | 52,89    | 44,52    | 425,78                 |
| <b>8</b>   |          |          |          |          |          |          |          | 39,86    | 402,73                 |
| <b>9</b>   |          |          |          |          |          |          |          |          | 380,08                 |
| Total      |          |          |          |          |          |          |          |          | <b>1823,89 3647,79</b> |

*Nota.* *C<sub>i..</sub>* = total de craza cuyo valor (3647,79) es igual a 2x1823,89, debido a que cada craza se usa dos veces para obtener su *C<sub>i..</sub>*, ejemplo: en la craza 1x2, el valor de 49,97, se utilizó para obtener el *C<sub>i..</sub>* del progenitor 1 (411,62) y el *C<sub>i..</sub>* del progenitor 2 (408,63).

### Grados de libertad (GL)

$$GL_{bloques} = b - 1 = 4 - 1 = 3$$

$$GL_{cruzas} = [p(p-1)/2] - 1 = [9(9-1)/2] - 1 = 36 - 1 = 35$$

$$GL_{ACG} = p - 1 = 9 - 1 = 8$$

$$GL_{ACE} = [p(p-3)/2] = [9(9-3)/2] = 27$$

$$GL_{error} = (b-1) ([p(p-1)/2] - 1) = 3 \times 35 = 105$$

$$GL_{total} = b[p(p-1)/2] - 1 = 4 \times [9(9-1)/2] - 1 = 4 \times 36 - 1 = 143$$

Los GL error, también pueden obtenerse de la diferencia  $GL_{total} - GL_{bloques} - GL_{cruzas} = 143 - 3 - 35 = 105$ .

### Factor de corrección (FC)

$$FC = \frac{(\sum \sum \sum Y_{ijk})^2}{b \left[ \frac{p(p-1)}{2} \right]} = \frac{(1823,89)^2}{4 \left[ \frac{9(9-1)}{2} \right]} = 23101,32$$

### Suma de cuadrados total (SCT)

$$SCT = \sum \sum \sum Y_{ijk}^2 - FC$$

De los datos originales del Anexo 2.2, se tiene:

$$SCT = [(14,71)^2 + (10,24)^2 + \dots + (10,52)^2] - 23101,32 = 428,65$$

### Suma de cuadrados de bloques (SCb)

$$SCb = \frac{\sum Y_{..l}^2}{\left[ \frac{p(p-2)}{2} \right]} - FC = \frac{[(467,92)^2 + (449,53)^2 + (430,94)^2 + (475,51)^2]}{\left[ \frac{9(9-1)}{2} \right]} - 23101,32$$

$$= 33,13$$

### Sumas de cuadrados de cruza (SCc)

De las celdas  $C_{ij}$  de la Tabla 2.12, se calcula la SCc, así:

$$SCc = \frac{\sum (C_{i.})^2}{b} - FC = \frac{[(49,97)^2 + (47,85)^2 + \dots + (39,86)^2]}{4} - 23101,32 = 215,27$$

### Sumas de cuadrados de ACG (SC<sub>ACG</sub>)

$$SC_{ACG} = \left[ \frac{\sum (C_{ij.})^2}{b(p-2)} \right] - \left[ \frac{4 \times (Y_{...})^2}{bp(p-2)} \right]$$

De la columna total de cruce ( $C_{i.}$ ) de la Tabla 2.12, se obtiene:



$$SC_{ACG} = \left[ \frac{(411,627)^2 + (408,63)^2 + \dots + (380,08)^2}{4 \times 7} \right] - \left[ \frac{4 \times (1823,89)^2}{4 \times 9 \times (9 - 2)} \right] = \mathbf{103,76}$$

### Sumas de cuadrados de ACE ( $SC_{ACE}$ )

$$SC_{ACE} = \left[ \frac{\sum \sum C_{ij}^2}{b} \right] - \left[ \frac{\sum (C_{i..})^2}{b(p-2)} \right] + \left[ \frac{2 \times (Y_{...})^2}{b(p-1)(p-2)} \right]$$

$$SC_{ACE} = \left[ \frac{[(49,97)^2 + (47,85)^2 + \dots + (39,86)^2]}{4} \right] - \left[ \frac{(411,627)^2 + (408,63)^2 + \dots + (380,08)^2}{4 \times 7} \right] + \left[ \frac{2 \times (1823,89)^2}{4 \times 8 \times 7} \right] = \mathbf{111,51}$$

Se puede observar que  $SCc = SC_{ACG} + SC_{ACE} = 215,27 = 103,76 + 111,51$ .

### Suma de cuadrados del error ( $SCe$ )

$$SCe = SCT - SCb - SCc = 428,65 - 33,13 - 215,27 = \mathbf{180,25}$$

### Cuadrados medios de bloques ( $CMb$ )

$$CMb = \frac{SCb}{GLb} = \frac{33,13}{3} = \mathbf{11,04}$$

### Cuadrados medios de cruas ( $CMc$ )

$$CMc = \frac{SCc}{GLc} = \frac{215,27}{35} = \mathbf{6,15}$$

### Cuadrados medios de ACG ( $CMACG$ )

$$CM_{ACG} = \frac{SC_{ACG}}{GL_{ACG}} = \frac{103,76}{8} = \mathbf{12,97}$$

### Cuadrados medios de ACE ( $CMACE$ )

$$CM_{ACE} = \frac{SC_{ACE}}{GL_{ACE}} = \frac{111,25}{27} = \mathbf{4,13}$$

### Cuadrados medios del error ( $CMe$ )

$$CMe = \frac{SCe}{GLE} = \frac{180,25}{105} = \mathbf{1,72}$$

### *F calculado de cruzas (F<sub>cc</sub>)*

$$F_{cc} = \frac{CM_c}{CMe} = \frac{6,15}{1,72} = 3,58$$

### *F calculado de ACG (F<sub>cACG</sub>)*

Bajo el modelo aleatorio o tipo II, se tiene:

$$F_{cACG} = \frac{CM_{ACG}}{CM_{ACE}} = \frac{12,97}{4,13} = 3,14$$

### *F calculado de ACE (F<sub>cACE</sub>)*

$$F_{cACE} = \frac{CM_{ACE}}{CMe} = \frac{4,13}{1,72} = 2,41$$

### *Tabla 2.13*

ANDEVA Para el Rendimiento (t/ha) del Cruzamiento Dialélico Entre Nueve LDH de Uchuva (*Physalis peruviana* L) [Método 4 de Griffing (1956)], Evaluados en Gualmatán Bajo el Diseño de Bloques Completos al Azar con Cuatro Repeticiones.

| <i>FV</i> | <i>GL</i> | <i>SC</i> | <i>CM</i> | <i>CME</i>                                    |
|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------------------------------------------|
| Bloque    | 3         | 33,13     | 11,04*    |                                               |
| Cruzas    | 35        | 215,27    | 6,15*     | $\sigma_e^2 + b\sigma_c^2$                    |
| ACG       | 8         | 103,76    | 12,97*    | $\sigma_e^2 + b\sigma_s^2 + b(p-2)\sigma_g^2$ |
| ACE       | 27        | 111,51    | 4,13*     | $\sigma_e^2 + b\sigma_s^2$                    |
| Error     | 105       | 180,25    | 1,72      | $\sigma_e^2$                                  |
| Total     | 143       | 428,65    |           |                                               |

Nota: \*= se rechaza la hipótesis nula a un  $\alpha=0,05$ .

### *Componentes de varianza*

#### *Varianza ambiental ( $\sigma_e^2$ )*

$$\sigma_e^2 = CMe = 1,72$$

Desviación estándar de la varianza ambiental ( $\sigma_{\sigma_e^2}$ )

$$\sigma_{\sigma_e^2} = \sqrt{\frac{CMe^2}{(b-1)\left[\left(\frac{p(p-1)}{2}\right) - 1\right] + 2}} = \sqrt{\frac{(1,72)^2}{105 + 2}} = 0,17$$

**Varianza genotípica de cruasas ( $\sigma_c^2$ )**

$$\sigma_c^2 = \frac{CMc - CMe}{b} = \frac{6,15 - 1,72}{4} = 1,11$$

Desviación estándar de la varianza genotípica ( $\sigma_{\sigma_c^2}$ )

$$\sigma_{\sigma_c^2} = \sqrt{\frac{2}{[b \times (p - 2)]^2} \times \left[ \frac{CMc^2}{\frac{p(p-1)}{2}} + \frac{CMe^2}{\left[ (b-1) \left( \frac{p(p-1)}{2} \right) - 1 \right] + 2} \right]}$$

$$\sigma_{\sigma_c^2} = \sqrt{\frac{2}{[4 \times (9 - 2)]^2} \times \left[ \frac{(6,15)^2}{36} + \frac{(1,72)^2}{3 \times 35 + 2} \right]} = 0,052$$

**Varianza de la ACG ( $\sigma_g^2$ )**

$$\sigma_g^2 = \frac{CM_{ACG} - CM_{ACE}}{b(p-2)} = \frac{12,97 - 4,13}{4 \times (9 - 2)} = 0,32$$

Desviación estándar de la varianza de la ACG ( $\sigma_{\sigma_g^2}$ )

$$\sigma_{\sigma_g^2} = \sqrt{\frac{2}{[b \times (p - 2)]^2} \times \left[ \frac{CM_{ACG}^2}{p+1} + \frac{CM_{ACE}^2}{\left[ \frac{p(p-3)}{2} \right] + 2} \right]}$$

$$\sigma_{\sigma_g^2} = \sqrt{\frac{2}{[4 \times (9 - 2)]^2} \times \left[ \frac{(12,97)^2}{10} + \frac{(4,13)^2}{29} \right]} = 0,21$$

**Varianza de la ACE ( $\sigma_s^2$ )**

$$\sigma_s^2 = \frac{CM_{ACE} - CMe}{b} = \frac{4,13 - 1,72}{4} = 0,60$$

Desviación estándar de la varianza de la ACE ( $\sigma_{\sigma_s^2}$ )

$$\sigma_{\sigma_s^2} = \sqrt{\frac{2}{[b \times (p - 2)]^2} \times \left[ \frac{CM_{ACE}^2}{\left[ \frac{p(p-3)}{2} \right] + 2} + \frac{CMe^2}{\left[ (b-1) \left( \frac{p(p-1)}{2} \right) - 1 \right] + 2} \right]}$$

$$\sigma_{\sigma_s^2} = \sqrt{\frac{2}{[4 \times (9 - 2)]^2} \times \left[ \frac{(4,13)^2}{29} + \frac{(1,72)^2}{3 \times 35 + 2} \right]} = 0,07$$

En algunas ocasiones se pueden obtener estimaciones de varianza negativas, lo cual teóricamente es inconcebible, debido a que el concepto de varianza está relacionado con sumatorias de desviaciones al cuadrado. Pero en este caso se trata de restar varianzas (cuadrados medios) del ANDEVA, lo cual matemáticamente puede llevar a valores negativos. En este caso, Searle (1971) indica que existen varias posibilidades que pueden asumirse, aunque pocas de ellas sean satisfactorias. Entre ellas se observan:

- “Informar la estimación obtenida y tomarla como evidencia de que el verdadero valor del componente es cero. Esto es insatisfactorio cuando se quiere utilizar una estimación de una suma de componentes de la varianza, uno de los cuales tiene una estimación negativa.
- Aceptar una estimación negativa como prueba de que el verdadero valor del componente correspondiente es cero sugiere cambiar la estimación de que es negativa para que sea cero. Esto parece bastante lógico, pero como parte del procedimiento de estimación, este cambio altera las propiedades de las estimaciones. Por ejemplo, que no son insesgadas.
- Tomar una estimación negativa como indicación de un componente cero podría llevar simplemente a ignorar ese componente en el modelo, aunque reteniendo el factor en lo que respecta al ANDEVA.
- Interpretar una estimación negativa como indicación de un modelo erróneo es otro posible curso de acción”.

Hallauer et al. (1988) indican que, en maíz, parece que las estimaciones negativas pueden deberse a un modelo inadecuado (diseños genéticos para estimar la varianza epistática), a un muestreo inadecuado (números pequeños) y a técnicas experimentales inadecuadas (competencia entre progenies).

Por otro lado, Hallauer *et al.* (1988) plantean que los cuadrados medios esperados se escriben en términos de relaciones genéticas entre parientes, ya sean familias de medios hermanos (FMH) o de hermanos completos (FHC) y se traducen de la covarianza de los parientes a los componentes genéticos de la varianza. La varianza entre los Ci.. en las

márgenes de la Tabla 2.12 (varianza de la ACG ( $\sigma_g^2$ )) se debe a las diferencias entre los padres lo que es igual a la covarianza de las progenies (cruzas con un padre común o FMH). Por lo tanto, se tienen dos situaciones:

- si los padres no son endocriados ( $F=0$ ), entonces:

$$\sigma_g^2 = \widehat{COVFMH} = 1/4\sigma_A^2 \Rightarrow \sigma_A^2 = 4\widehat{COVFMH} = 4\sigma_g^2$$

- Si los padres son endocriados ( $F=1$ ), se tiene que:

$$\sigma_g^2 = \widehat{COVFMH} = 1/2\sigma_A^2 \Rightarrow \sigma_A^2 = 2\widehat{COVFMH} = 2\sigma_g^2$$

La varianza entre híbridos (varianza de la ACE ( $\sigma_s^2$ )) implica a familias de hermanos completos (FHC). Por lo tanto,

- si los padres no son endocriados ( $F=0$ ), entonces:

$$\sigma_s^2 = \widehat{COVFHC} - 2\widehat{COVFMH} = 1/4\sigma_D^2 \Rightarrow \sigma_D^2 = 4[\widehat{COVFHC} - 2\widehat{COVFMH}] = 4\sigma_s^2$$

- Si los padres son endocriados ( $F=1$ ), se tiene que:

$$\sigma_s^2 = \widehat{COVFHC} - 2\widehat{COVFMH} = 1/2\sigma_D^2 \Rightarrow \sigma_D^2 = [\widehat{COVFHC} - 2\widehat{COVFMH}] = \sigma_s^2$$

Las cruzas per-se constituyen FHC, de ahí que la varianza entre cruzas es igual a  $\widehat{COVFHC} - 2\widehat{COVFMH}$ , donde se resta  $2\widehat{COVFMH}$ , porque cada uno de los padres está incluido en cada craza. Dado que los progenitores de uchuva (P. peruviana) son LDH, por lo tanto, homocigotos, tienen un  $F=1$ . Entonces, la varianza aditiva ( $\sigma_A^2$ ), la varianza de dominancia ( $\sigma_D^2$ ), la varianza genética ( $\sigma_G^2$ ) y la varianza fenotípica ( $\sigma_F^2$ ), se calculan así:

### Varianza aditiva ( $\sigma_A^2$ )

$$\sigma_A^2 = 2\sigma_g^2 = 2 \times 0,32 = \mathbf{0,64}$$

Desviación estándar de la varianza aditiva ( $\sigma_{\sigma_A^2}$ )

$$\sigma_{\sigma_A^2} = 2\sigma_{\sigma_g^2} = 2 \times 0,21 = \mathbf{0,42}$$

### Varianza de dominancia ( $\sigma_D^2$ )

$$\sigma_D^2 = \sigma_s^2 = \mathbf{0,60}$$

Desviación estándar de la varianza de dominancia ( $\sigma_{\sigma_D^2}$ )

$$\sigma_{\sigma_D^2} = \sigma_{\sigma_s^2} = \mathbf{0,07}$$

### Varianza genética ( $\sigma_G^2$ )

$$\sigma_G^2 = \sigma_A^2 + \sigma_D^2 = 0,64 + 0,60 = \mathbf{1,24}$$

Desviación estándar de la varianza genética ( $\sigma_{\sigma_G^2}$ )

$$\sigma_{\sigma_G^2} = \sigma_{\sigma_g^2} = \mathbf{0,21}$$

### Varianza fenotípica ( $\sigma_F^2$ )

$$\sigma_F^2 = \frac{\sigma_e^2}{b} + \sigma_G^2 = \frac{1,72}{4} + 1,24 = \mathbf{1,66}$$

Desviación estándar de la varianza fenotípica ( $\sigma_{\sigma_F^2}$ )

$$\sigma_{\sigma_F^2} = \sqrt{\frac{2}{[b \times (p-2)]^2} \times \left[ \frac{CM_{ACG}^2}{p+1} + \frac{CM_{ACE}^2}{\left[\left(\frac{p(p-3)}{2}\right)\right] + 2} + \frac{CM_{e^2}}{\left[(b-1)\left(\left(\frac{p(p-1)}{2}\right) - 1\right)\right] + 2} \right]}$$

$$\sigma_{\sigma_F^2} = \sqrt{\frac{2}{[4 \times (9-2)]^2} \times \left[ \frac{(12,97)^2}{10} + \frac{(4,13)^2}{29} + \frac{(1,72)^2}{3 \times 35 + 2} \right]} = \mathbf{0,96}$$

Ahora se pueden calcular diferentes tipos de heredabilidad. Si se supone que los progenitores son una muestra no seleccionada de una población hipotética (*modelo aleatorio o tipo II*), la heredabilidad media de las cruas ( $\hat{h}_c^2$ ), que es una estimación de heredabilidad en sentido amplio, es igual a:

### Heredabilidad media de las cruas ( $\hat{h}_c^2$ )

$$\hat{h}_c^2 = \frac{\sigma_c^2}{\frac{\hat{\sigma}_e^2}{b} + \sigma_c^2} = \frac{1,11}{\frac{1,72}{4} + 1,11} = \mathbf{0,72}$$

Desviación estándar de la heredabilidad media de las cruas ( $\sigma_{\hat{h}_c^2}$ )

$$\sigma_{\hat{h}_c^2} = \frac{\sigma_{\sigma_c^2}}{\frac{\hat{\sigma}_e^2}{b} + \sigma_c^2} = \frac{0,052}{\frac{1,72}{4} + 1,11} = \mathbf{0,034}$$

### Heredabilidad en sentido amplio ( $\hat{h}_a^2$ )

$$\hat{h}_a^2 = \frac{\sigma_G^2}{\sigma_F^2} = \frac{\sigma_G^2}{\frac{\hat{\sigma}_e^2}{b} + \sigma_A^2 + \sigma_D^2} = \frac{1,24}{\frac{1,72}{4} + 0,64 + 0,60} = \mathbf{0,74}$$

Desviación estándar de la heredabilidad en sentido amplio ( $\sigma_{h_a^2}$ )

$$\sigma_{h_a^2} = \frac{\sigma_{\sigma_G^2}}{\frac{\hat{\sigma}_e^2}{b} + \sigma_A^2 + \sigma_D^2} = \frac{0,21}{\frac{1,72}{4} + 0,64 + 0,60} = \mathbf{0,13}$$

*Heredabilidad en sentido estricto ( $\hat{h}_e^2$ )*

$$\hat{h}_e^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_F^2} = \frac{2\sigma_g^2}{\left(\frac{\sigma_e^2}{b} + 2\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_s^2\right)} = \frac{\sigma_A^2}{\frac{\hat{\sigma}_e^2}{b} + \sigma_A^2 + \sigma_D^2} = \frac{0,64}{\frac{1,72}{4} + 0,64 + 0,60} = \mathbf{0,38}$$

Desviación estándar de la heredabilidad en sentido estricto ( $\sigma_{h_e^2}$ )

$$\sigma_{h_e^2} = \frac{2 \left( \sqrt{\frac{2}{[b(p-2)]^2} \left[ \frac{CM_{ACG}^2}{(p+1)} + \frac{CM_{ACE}^2}{\left(\frac{p(p-3)}{2} + 2\right)} \right]} \right)}{\left( \frac{\sigma_e^2}{b} + 4\hat{\sigma}_{ACE}^2 + 4\hat{\sigma}_{ACG}^2 \right)}$$

$$\sigma_{h_e^2} = \frac{\sigma_{\sigma_A^2}}{\frac{\hat{\sigma}_e^2}{b} + \sigma_A^2 + \sigma_D^2} = \frac{0,42}{\frac{1,72}{4} + 0,64 + 0,60} = \mathbf{0,25}$$

*Coeficiente de variación ambiental ( $CV_e$ )*

$$CV_e = \frac{\sqrt{CM_e}}{\bar{Y}_{...}} \times 100 = \frac{\sqrt{1,72}}{12,67} \times 100 = 10,38\%$$

*Coeficiente de variación fenotípica ( $CV_F$ )*

$$CV_F = \frac{\sqrt{\sigma_F^2}}{\bar{Y}_{...}} \times 100 = \frac{\sqrt{1,66}}{12,67} \times 100 = 10,18\%$$

*Coeficiente de variación genotípica ( $CV_G$ )*

$$CV_G = \frac{\sqrt{\sigma_G^2}}{\bar{Y}_{...}} \times 100 = \frac{\sqrt{1,23}}{12,67} \times 100 = 8,77\%$$

El procedimiento antes descrito se sigue para el RTO y las demás variables, tanto en Gualmatán como en Ipiales, Obonuco (Pasto) y Puerres, cuyos resultados se encuentran en los ANDEVAS de los Anexos 2.3, 2.4, 2.5 y 2.6. En la Tabla 2.14 se observan el ANDEVA, los componentes de varianza y las heredabilidades para el RTO.

Tabla 2.14

ANDEVA, Componentes de Varianza y Heredabilidad del Rendimiento del Dialélico Entre Nueve LDH de Uchuva (*P. peruviana* L.) Evaluadas en Cuatro Localidades del Departamento de Nariño Bajo el Método IV de Griffing (1956).

| FV            | GL  | Gualmatán |               | Ipiales   |               | Obonuco (Pasto) |               | Puerres   |              |
|---------------|-----|-----------|---------------|-----------|---------------|-----------------|---------------|-----------|--------------|
|               |     | SC        | CM            | SC        | CM            | SC              | CM            | SC        | CM           |
| Bloques       | 3   | 33,13     | <b>11,04*</b> | 37,32     | <b>12,44*</b> | 15,40           | 5,13          | 4,56      | 1,52         |
| Cruzas        | 35  | 215,27    | <b>6,15*</b>  | 681,76    | <b>19,48*</b> | 1555,09         | <b>44,43*</b> | 139,94    | <b>4,00*</b> |
| ACG           | 8   | 103,77    | <b>12,97*</b> | 133,36    | 16,67         | 587,21          | 73,40         | 78,08     | <b>9,76*</b> |
| ACE           | 27  | 111,51    | <b>4,13*</b>  | 548,40    | <b>20,31*</b> | 967,88          | <b>35,85*</b> | 61,87     | 2,29         |
| Error         | 105 | 180,25    | <b>1,72</b>   | 246,89    | 2,35          | 685,34          | 6,53          | 178,86    | 1,70         |
| Media         |     | 12,67     |               | 19,41     |               | 25,12           |               | 9,85      |              |
| $\sigma_e^2$  |     | 1,72±0,17 |               | 2,35±0,23 |               | 6,53±0,90       |               | 1,70±0,23 |              |
| $\sigma_g^2$  |     | 0,32±0,21 |               | -0,13±0,0 |               | 1,34±1,22       |               | 0,27±0,16 |              |
| $\sigma_s^2$  |     | 0,60±0,07 |               | 4,49±0,36 |               | 7,33±0,64       |               | 0,15±0,04 |              |
| $\sigma_A^2$  |     | 0,64±0,42 |               | -0,26±0,0 |               | 2,68±2,44       |               | 0,53±0,04 |              |
| $\sigma_D^2$  |     | 0,60±0,07 |               | 4,49±0,36 |               | 7,33±0,64       |               | 0,15±0,04 |              |
| $\sigma_c^2$  |     | 1,11±0,05 |               | 4,28±0,16 |               | 9,48±0,38       |               | 0,57±0,03 |              |
| $\sigma_G^2$  |     | 1,23±0,21 |               | 4,23±0,33 |               | 10,01±0,64      |               | 0,68±0,07 |              |
| $\sigma_F^2$  |     | 1,66±0,21 |               | 4,82±0,35 |               | 11,64±1,27      |               | 1,11±0,16 |              |
| $\hat{h}_c^2$ |     | 0,72±0,03 |               | 0,88±0,03 |               | 0,85±0,03       |               | 0,57±0,03 |              |
| $\hat{h}_a^2$ |     | 0,74±0,13 |               | 0,88±0,07 |               | 0,86±0,11       |               | 0,62±0,14 |              |
| $\hat{h}_e^2$ |     | 0,38±0,25 |               | -0,03±0,0 |               | 0,23±0,21       |               | 0,48±0,28 |              |
| CVe           |     | 10,34     |               | 7,90      |               | 10,17           |               | 13,25     |              |
| CVF           |     | 10,18     |               | 11,31     |               | 13,59           |               | 10,68     |              |
| CVG           |     | 8,77      |               | 10,59     |               | 12,60           |               | 8,38      |              |

Nota. \*= se rechaza la hipótesis nula a un  $\alpha=0,05$ ,  $\sigma_e^2$ =varianza ambiental,  $\sigma_g^2$ = varianza de los efectos de ACG,  $\sigma_s^2$ = varianza de los efectos de ACE,  $\sigma_A^2$ = varianza aditiva,  $\sigma_D^2$ = varianza dominante,  $\sigma_c^2$ = varianza entre cruzas,  $\sigma_G^2$ = varianza genética,  $\sigma_F^2$ = varianza fenotípica,  $\hat{h}_c^2$ = heredabilidad media entre cruzas,  $\hat{h}_a^2$ = heredabilidad en sentido amplio,  $\hat{h}_e^2$ = heredabilidad en sentido estricto.

Los valores de heredabilidad están influenciados por el ambiente debido a la interacción genotipos por ambiente, la cual fue significativa (Tabla 2.16). En términos generales, la heredabilidad del RTO en sentido amplio es alta, y oscila entre 0,57 hasta 0,86. Eso indica que existe una buena variabilidad para ser utilizada en un programa para mejorar el RTO (Pistorale et al., 2008). Igualmente, su valor cambia de una localidad a



otra, siendo más baja en Puerres y más alta en Ipiales y Obonuco. Esto corrobora lo dicho antes: que el RTO es una variable cuantitativa que es afectada por el ambiente. En otras especies se ha encontrado que ambientes que expresan bajos rendimientos tienden a mostrar valores de heredabilidad en sentido amplio más bajos (Toker, 2004) como se observa en Puerres. Este tipo de análisis tiene una limitación debido a que la heredabilidad estimada a partir de la cruce de dos líneas endocriadas no puede generalizarse a otras poblaciones o cruces de líneas (Xu et al., 2009).

La heredabilidad en sentido estricto, por su parte, presenta un valor de cero en Ipiales, y es baja en Obonuco y moderada en Gualmatán y Puerres. Esto refleja el efecto del ambiente sobre los genes que determinan la varianza aditiva. La heredabilidad en sentido estricto es la proporción de la varianza aditiva que es explicada por la varianza fenotípica total. Desempeña un papel muy importante en la selección de genotipos élite de poblaciones segregantes. Las estimaciones de la heredabilidad en sentido estricto, junto con el avance genético, son más útiles para rediseñar la ganancia bajo selección que las estimaciones de la heredabilidad por sí solas. La varianza de dominancia no puede predecirse y no afecta a la media o a la varianza de la descendencia de una cruce de selección de forma sistemática. Por lo tanto, sólo es útil la varianza genética aditiva para seleccionar en poblaciones segregantes (Reddy & Jabeen, 2016).

En Ipiales (Tabla 2.14), la heredabilidad en sentido estricta es nula, dado que la varianza aditiva es negativa ( $-0,26 \pm 0,0$ ) y los efectos de ACG no son significativos. Ello muestra que, en esta localidad, la varianza genética está explicada principalmente por la varianza de dominancia, situación que también se observa en Obonuco. Por lo tanto, estas estimaciones de varianza sugieren la posibilidad de utilizar la potencialidad genética de la dominancia disponible en muchas cruces evaluadas en la mejora por heterosis, tal como lo plantean Marame et al. (2009).

### *Heredabilidad a través de localidades*

En términos estadísticos y biológicos, cuando la interacción genotipo por ambiente es significativa, lo correcto es analizar los resultados de cada localidad, tal como se describió en el capítulo anterior. En muchos trabajos se analizan los genotipos a través de los ambientes, y se dejan a un lado los resultados en cada uno de los ambientes (Jó García & Hernández

Gonzalo, 2004; Pérez-López et al., 2007; Pérez Pelea et al., 2013). No obstante, seleccionar algunos análisis individuales puede ser útil para expresar el potencial genético de los materiales genéticos evaluados.

Para el análisis a través de las localidades del RTO (Anexo 2.2) se necesitan los totales de bloques, de ambientes y el total del experimento, los cuales se muestran a continuación:

| <b>Localidad</b> | <b>Bloque 1</b> | <b>Bloque 2</b> | <b>Bloque 3</b> | <b>Bloque 4</b> | <b>Total</b>   |
|------------------|-----------------|-----------------|-----------------|-----------------|----------------|
| Gualmatán        | 467,92          | 449,53          | 430,94          | 475,51          | 1823,90        |
| Ipiales          | 677,49          | 702,85          | 726,55          | 688,66          | 2795,55        |
| Obonuco          | 902,11          | 917,24          | 886,05          | 911,30          | 3616,70        |
| Puerres          | 355,60          | 347,59          | 364,42          | 350,38          | 1417,99        |
| <b>Total</b>     | <b>2403,12</b>  | <b>2417,21</b>  | <b>2407,96</b>  | <b>2425,85</b>  | <b>9654,14</b> |

Además, se necesitan los totales de las cruzas dialélicas a través de las cuatro localidades. Estos valores se observan en la tabla dialélica (Tabla 2.15). Con base en los ANDEVAs de cada uno de los ambientes (Tabla 2.14), se construye el ANDEVA combinado a través de las localidades (Tabla 2.16). Las fórmulas de los efectos principales son semejantes a las usadas en los análisis individuales, solo que en el denominador debe incluirse el número de ambientes; además, se incluyen otras fuentes de variación, que corresponden al ambiente como efecto principal y a los efectos de interacción de cada fuente con el ambiente. El efecto de la repetición se anida dentro de los ambientes.

**Tabla 2.15**

*Totales de Rendimiento (t/ha) de 36 Híbridos de Uchuva (Physalis peruviana L) Obtenidos de las Cruzas Dialélicas [Método 4 De Griffing (1956)] Entre Nueve LDH, Evaluados en Cuatro Localidades del Departamento de Nariño Bajo el Diseño de Bloques Completos al Azar con Cuatro Repeticiones.*

| <b>LDH</b>   | <b>2</b> | <b>3</b> | <b>4</b> | <b>5</b> | <b>6</b> | <b>7</b> | <b>8</b> | <b>9</b> | <b>Ci..</b>             |
|--------------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|-------------------------|
| <b>1</b>     | 269,42   | 264,12   | 282,78   | 259,53   | 309,64   | 293,97   | 262,48   | 299,06   | 2241,00                 |
| <b>2</b>     |          | 244,00   | 273,01   | 251,28   | 282,66   | 306,64   | 260,01   | 286,11   | 2173,13                 |
| <b>3</b>     |          |          | 256,69   | 272,84   | 245,83   | 231,49   | 234,76   | 225,74   | 1975,47                 |
| <b>4</b>     |          |          |          | 280,21   | 277,32   | 282,37   | 256,10   | 272,38   | 2180,85                 |
| <b>5</b>     |          |          |          |          | 273,41   | 290,32   | 278,10   | 287,30   | 2193,00                 |
| <b>6</b>     |          |          |          |          |          | 279,59   | 277,10   | 263,38   | 2208,92                 |
| <b>7</b>     |          |          |          |          |          |          | 276,05   | 229,78   | 2190,21                 |
| <b>8</b>     |          |          |          |          |          |          |          | 218,65   | 2063,25                 |
| <b>9</b>     |          |          |          |          |          |          |          |          | 2082,40                 |
| <b>Total</b> |          |          |          |          |          |          |          |          | <b>9654,12 19308,23</b> |

Nota. Ci.. = total de cruza.

El procedimiento se detalla a continuación:

**Grados de libertad (GL)**

$$GL_{\text{ambientes}} = GL_I = I - 1 = 4 - 1 = \mathbf{3}$$

$$GL_{\text{bloques dentro de ambientes}} = GL_{b/I} = I(b - 1) = 4(4 - 1) = \mathbf{12}$$

$$GL_{\text{cruzas}} = GL_C = [p(p - 1) / 2] - 1 = [9(9 - 1) / 2] - 1 = 36 - 1 = \mathbf{35}$$

$$GL_{ACG} = p - 1 = 9 - 1 = \mathbf{8}$$

$$GL_{ACE} = [p(p - 3) / 2] = [9(9 - 3) / 2] = \mathbf{27}$$

$$GL_{\text{cruzas por ambiente}} = GL_{c \times I} = GL_I \times GL_C = 3 \times 35 = \mathbf{105}$$

$$GL_{ACG \times I} = GL_{ACG} \times GL_I = 8 \times 3 = \mathbf{24}$$

$$GL_{ACE \times I} = GL_{ACE} \times GL_I = 27 \times 3 = \mathbf{81}$$

$$GL_{\text{error}} = GL_e = I(b - 1) ([p(p - 1) / 2] - 1) = 4 \times 3 \times 35 - 1 = \mathbf{420}$$

$$GL_{\text{total}} = GL_T = Ib([p(p - 1) / 2] - 1) = 4 \times 4 \times 36 - 1 = \mathbf{575}$$

Los GL del error también pueden obtenerse por la siguiente diferencia:

$$GL_T - GL_I - GL_{b/I} - GL_C - GL_{c \times I} = 575 - 3 - 12 - 35 - 105 = \mathbf{420}$$

**Factor de corrección (FC)**

$$FC = \frac{(\sum \sum \sum Y_{ijk})^2}{bl \left[ \frac{p(p - 1)}{2} \right]} = \frac{(9654,12)^2}{4 \times 4 \times \left[ \frac{9(9 - 1)}{2} \right]} = \mathbf{161808,94}$$

**Suma de cuadrados total (SCT)**

$$SCT = \sum \sum \sum Y_{ijk}^2 - FC$$

De los datos originales del Anexo 2.2, se tiene:

$$SCT = [(14,71)^2 + (10,24)^2 + \dots + (10,52)^2] - 161808,94 = 186146,07 - 161808,94 = \mathbf{24337,13}$$

De los totales de bloques, de ambientes y el total del experimento antes descrito, se calculan las sumas de cuadrado de ambientes y de bloques dentro de ambientes.

**Suma de cuadrados de ambientes (SCI)**

$$SCI = \frac{\sum Y_{..k}^2}{b \left[ \frac{p(p - 2)}{2} \right]} - FC = \frac{[(1823,89)^2 + \dots + (1417,98)^2]}{4 \times \left[ \frac{9(9 - 1)}{2} \right]} - 161808,94 = \mathbf{20363,33}$$

### Suma de cuadrados de bloques dentro ambientes ( $SC_{b/l}$ )

$$SC_{b/l} = \frac{\sum \sum Y_{..kr}^2}{\left[ \frac{p(p-2)}{2} \right]} - \frac{\sum Y_{...r}^2}{b \left[ \frac{p(p-2)}{2} \right]}$$

$$SC_{b/l} = \frac{[(467,92)^2 + (449,53)^2 + \dots + (911,30)^2 + (350,38)^2]}{\left[ \frac{9(9-1)}{2} \right]} - \frac{[(1823,89)^2 + \dots + (1417,98)^2]}{4 \times \left[ \frac{9(9-1)}{2} \right]}$$

$$= \frac{6561456}{36} - \frac{26232806,21}{4 \times 36} = \mathbf{90,41}$$

### Sumas de cuadrados de cruza ( $SC_c$ )

De las celdas  $C_{ij..}$  de la Tabla 2.15, se calcula la  $SC_c$ :

$$SC_c = \frac{\sum (C_{ij..})^2}{bl} - FC = \frac{[(269,42)^2 + (264,12)^2 + \dots + (218,65)^2]}{4 \times 4} - 161808,94$$

$$= \mathbf{1085,12}$$

### Sumas de cuadrados de ACG ( $SC_{ACG}$ )

$$SC_{ACG} = \left[ \frac{\sum (C_{i...})^2}{bl(p-2)} \right] - \left[ \frac{4 \times (Y_{...})^2}{blp(p-2)} \right]$$

De la columna total de cruce ( $C_{i...}$ ) de la Tabla 2.15, se obtiene:

$$SC_{ACG} = \left[ \frac{(2241,0)^2 + (2173,13)^2 + \dots + (2082,40)^2}{4 \times 4 \times 7} \right] - \left[ \frac{4 \times (9654,12)^2}{4 \times 4 \times 9 \times (9-2)} \right] = \mathbf{527,39}$$

### Sumas de cuadrados de ACE ( $SC_{ACE}$ )

$$SC_{ACE} = \left[ \frac{\sum \sum C_{ij..}^2}{bl} \right] - \left[ \frac{\sum (...)^2}{bl(p-2)} \right] + \left[ \frac{2 \times (Y_{...})^2}{bl(p-1)(p-2)} \right]$$

$$SC_{ACE} = \left[ \frac{[(269,42)^2 + (264,12)^2 + \dots + (218,65)^2]}{4 \times 4} \right] - \left[ \frac{(2241,0)^2 + (2173,13)^2 + \dots + (2082,40)^2}{4 \times 4 \times 7} \right] + \left[ \frac{2 \times (9654,12)^2}{4 \times 4 \times 8 \times 7} \right]$$

$$= \mathbf{557,73}$$

Se puede comprobar que la  $SC_c = SC_{ACG} + SC_{ACE} = \mathbf{1085,12} = 527,39 + 557,73$

**Suma de cuadrados de cruza por ambiente ( $SC_{c \times l}$ )**

$$SC_{c \times l} = (SC_{c_{Gu}} + SC_{c_{Ip}} + SC_{c_{Ob}} + SC_{c_P}) - SC_c$$

Donde:  $SC_{c_{Gu}}$  = SCc en Gualmatán,  $SC_{c_{Ip}}$  = SCc en Ipliales,  $SC_{c_{Ob}}$  = SCc en Obonuco (Pasto),  $SC_{c_P}$  = SCc en Puerres (Tabla 2.14), SCc = SC de cruza a través de las localidades.

$$SC_{c \times l} = (215,27 + 681,76 + 1555,09 + 139,94) - 1085,12 = \mathbf{1506,94}$$

**Suma de cuadrados del error ( $Sce$ )**

$$\begin{aligned} Sce &= SCT - SCl - SC_{b/l} - SC_c - SC_{c \times l} \\ &= 24337,13 - 20363,33 - 90,41 - 1085,12 - 1506,94 = \mathbf{1291,34} \end{aligned}$$

Los efectos de interacción se obtienen de la resta de la sumatoria de las SC de cada factor en los ANDEVAs individuales (Tabla 2.14) menos la SC del factor correspondiente, la cual se calculó anteriormente, así:

**Suma de cuadrados de ACG por ambiente ( $SC_{ACG \times l}$ )**

$$SC_{ACG \times l} = (SC_{ACG_{Gu}} + SC_{ACG_{Ip}} + SC_{ACG_{Ob}} + SC_{ACG_P}) - SC_{ACG}$$

Donde:  $SC_{ACG_{Gu}}$  =  $SC_{ACG}$  en Gualmatán,  $SC_{ACG_{Ip}}$  =  $SC_{ACG}$  en Ipliales,  $SC_{ACG_{Ob}}$  =  $SC_{ACG}$  en Obonuco (Pasto),  $SC_{ACG_P}$  =  $SC_{ACG}$  en Puerres (Tabla 2.14),  $SC_{ACG}$  = SC de ACG a través de las localidades.

$$SC_{ACG \times l} = (103,77 + 133,36 + 587,21 + 78,08) - 527,39 = \mathbf{375,03}$$

**Suma de cuadrados de ACE por ambiente ( $SC_{ACE \times l}$ )**

$$SC_{ACE \times l} = (SC_{ACE_{Gu}} + SC_{ACE_{Ip}} + SC_{ACE_{Ob}} + SC_{ACE_P}) - SC_{ACE}$$

Donde:  $SC_{ACE_{Gu}}$  =  $SC_{ACE}$  en Gualmatán,  $SC_{ACE_{Ip}}$  =  $SC_{ACE}$  en Ipliales,  $SC_{ACE_{Ob}}$  =  $SC_{ACE}$  en Obonuco (Pasto),  $SC_{ACE_P}$  =  $SC_{ACE}$  en Puerres (Tabla 2.14),  $SC_{ACE}$  = SC de ACE a través de las localidades.

$$SC_{ACE \times l} = (111,51 + 548,40 + 967,88 + 61,87) - 557,73 = \mathbf{1131,93}$$

**Cuadrados medios de ambientes (CMI)**

$$CMI = \frac{SCI}{GLI} = \frac{20363,33}{3} = \mathbf{6787,78}$$

**Cuadrados medios de bloques dentro de ambientes ( $CM_{b/l}$ )**

$$CM_{b/l} = \frac{SC_{b/l}}{GL_{b/l}} = \frac{90,41}{12} = \mathbf{7,53}$$

**Cuadrados medios de cruzas (CMc)**

$$CMc = \frac{SCc}{GLc} = \frac{1085,12}{35} = \mathbf{31,00}$$

**Cuadrados medios de ACG ( $CM_{ACG}$ )**

$$CM_{ACG} = \frac{SC_{ACG}}{GL_{ACG}} = \frac{527,39}{8} = \mathbf{65,92}$$

**Cuadrados medios de ACE ( $CM_{ACE}$ )**

$$CM_{ACE} = \frac{SC_{ACE}}{GL_{ACE}} = \frac{557,73}{27} = \mathbf{20,66}$$

**Cuadrados medios de cruzas por ambiente ( $CM_{c \times l}$ )**

$$CM_{c \times l} = \frac{SC_{c \times l}}{GL_{c \times l}} = \frac{1506,94}{105} = \mathbf{14,35}$$

**Cuadrados medios de ACG por ambiente ( $CM_{ACG \times l}$ )**

$$CM_{ACG \times l} = \frac{SC_{ACG \times l}}{GL_{ACG \times l}} = \frac{375,01}{24} = \mathbf{15,63}$$

**Cuadrados medios de ACE por ambiente ( $CM_{ACE \times l}$ )**

$$CM_{ACE \times l} = \frac{SC_{ACE \times l}}{GL_{ACE \times l}} = \frac{1131,92}{81} = \mathbf{13,97}$$

**Cuadrados medios del error (Cme)**

$$CMe = \frac{SCe}{GLE} = \frac{1291,34}{420} = \mathbf{3,07}$$

**F calculado de ambientes ( $F_{c_l}$ )**

$$F_{c_l} = \frac{CML}{CM_{b/l}} = \frac{6787,78}{7,53} = \mathbf{900,94}$$

**F calculado de bloques dentro de ambientes ( $F_{c_{b/l}}$ )**

$$F_{c_{b/l}} = \frac{CM_{b/l}}{CMe} = \frac{7,53}{3,07} = \mathbf{2,45}$$

**F calculado de cruzas ( $F_{c_c}$ )**

$$F_{c_c} = \frac{CM_c}{CM_{c \times l}} = \frac{31,00}{14,35} = \mathbf{2,16}$$

**F calculado de ACG ( $F_{c_{ACG}}$ )**

$$F_{c_{ACG}} = \frac{CM_{ACG}}{CM_{ACE} + CM_{ACG \times l} - CM_{ACE \times l}} = \frac{65,92}{20,66 + 15,63 - 13,97} = \mathbf{2,96}$$

Con base en Satterthwaite (1946), los GL para el denominador ( $GLd_{ACG}$ ) de este  $F_{c_{ACG}}$ , se calculan de la siguiente manera:

$$GLd_{ACG} = \frac{(CM_{ACE} + CM_{ACG \times l} - CM_{ACE \times l})^2}{\left[ \frac{CM_{ACG \times l}^2}{(p-1)(l-1)} + \frac{CM_{ACE \times l}^2}{\frac{p(p-3)}{2}(l-1)} + \frac{CM_{ACE}^2}{\frac{p(p-3)}{2}} \right]}$$

$$= \frac{(20,66 + 15,63 - 13,97)^2}{\left[ \frac{(15,63)^2}{24} + \frac{(13,97)^2}{81} + \frac{(20,66)^2}{27} \right]} = \mathbf{17,53 \cong 18}$$

Con la función =INV.F.CD(0.05,  $GL_{ACG}$ ,  $GLd_{ACG}$ ) de Excel se obtiene el F teórico (2,51): [=INV.F.CD(0,05,8,18)].

**F calculado de ACE ( $F_{c_{ACE}}$ )**

$$F_{c_{ACE}} = \frac{CM_{ACE}}{CM_{ACE \times l}} = \frac{20,66}{13,97} = \mathbf{1,48}$$

**F calculado de cruzas por ambiente ( $F_{c_{c \times l}}$ )**

$$F_{c_{c \times l}} = \frac{CM_{c \times l}}{CMe} = \frac{14,35}{3,07} = \mathbf{4,67}$$

*F calculado de ACG por ambiente ( $F_{C_{ACG \times l}}$ )*

$$F_{C_{ACG \times l}} = \frac{CM_{ACG \times l}}{CMe} = \frac{15,63}{3,07} = 5,08$$

*F calculado de ACE por ambiente ( $F_{C_{ACE \times l}}$ )*

$$F_{C_{ACE \times l}} = \frac{CM_{ACE \times l}}{CMe} = \frac{13,97}{3,07} = 4,55$$

De esta forma, también se hacen los cálculos para las otras seis variables de uchuva, cuyos cuadrados medios aparecen en la Tabla 2.16.

**Tabla 2.16**

*Cuadrados Medios del ANDEVA Para Siete Variables del Dialélico Entre Nueve LDH [Método 4 Griffing (1956)] Evaluado en Cuatro Localidades del Departamento de Nariño, Sur de Colombia.*

| <i>FV</i>         | <i>GL</i> | <i>PCC</i>   | <i>PSC</i>   | <i>DE</i>     | <i>EP</i>     | <i>SST</i>   | <i>AA</i>      | <i>RTO</i>     |
|-------------------|-----------|--------------|--------------|---------------|---------------|--------------|----------------|----------------|
| Ambientes (l)     | 3         | 64,54        | 43,74        | <b>66,82*</b> | <b>29,73*</b> | 7,74         | 1809,9         | <b>6787,3*</b> |
| Bloques/ambientes | 12        | <b>1,07*</b> | <b>0,76*</b> | 1,67          | <b>1,85*</b>  | <b>4,32*</b> | <b>2512,2*</b> | <b>7,53*</b>   |
| Cruzas            | 35        | <b>1,71*</b> | <b>1,42*</b> | <b>2,74*</b>  | <b>3,10*</b>  | <b>1,00*</b> | <b>30,29*</b>  | <b>31,01*</b>  |
| ACG               | 8         | <b>3,79*</b> | <b>3,22*</b> | <b>5,73*</b>  | <b>6,48*</b>  | <b>2,46*</b> | <b>56,53*</b>  | <b>65,94*</b>  |
| ACE               | 27        | <b>1,09*</b> | <b>0,89*</b> | <b>1,86*</b>  | <b>2,10*</b>  | <b>0,56*</b> | 22,52          | 20,66          |
| Cruzas x l        | 105       | 0,49         | 0,42         | 0,96          | 0,74          | 0,22         | 14,74          | <b>14,35*</b>  |
| ACG x l           | 24        | <b>0,77*</b> | <b>0,68*</b> | 0,93          | 0,90          | 0,24         | 10,37          | <b>15,63*</b>  |
| ACE x l           | 81        | 0,41         | 0,35         | 0,97          | 0,69          | 0,21         | 16,04          | <b>13,97*</b>  |
| Error             | 420       | 0,50         | 0,40         | 0,96          | 0,85          | 0,30         | 13,82          | 3,07           |
| Media             |           | 6,60         | 5,86         | 21,30         | 20,24         | 14,78        | 39,69          | 16,76          |

*Nota.* \*= se rechaza la hipótesis nula a un  $\alpha=0,05$ , PCC= Peso en gramos de fruto fresco con cáliz, PSC= peso en gramos de fruto seco sin cáliz, DE= diámetro ecuatorial en mm del fruto, EP= eje polar en mm del fruto, SST= sólidos solubles totales, AA= ácido ascórbico, RTO= rendimiento en t/ha.

Con base en los cuadrados medios del ANDEVA combinado (Tabla 2.16) y los cuadrados medios esperados (Tabla 2.11) se obtienen los componentes de varianza y las heredabilidades en sentido amplio y en sentido estricto (Tabla 2.17).

*Varianza ambiental ( $\sigma_e^2$ )*

$$\sigma_e^2 = CMe/(r \times l) = 0,19$$

Desviación estándar de la varianza ambiental ( $\sigma_{\sigma_e^2}$ )



$$\sigma_{\sigma_e^2} = \sqrt{\frac{2}{l(b-1) \left[ \left( \frac{p(p-1)}{2} \right) - 1 \right] + 2} \times CM_{e^2}} = \sqrt{\frac{2}{4 \times 3 \times 35 + 2} \times (3,07)^2} = \mathbf{0,21}$$

**Varianza genotípica o de cruas ( $\sigma_c^2$ )**

$$\sigma_c^2 = \frac{CM_c - CM_e}{b \times l} = \frac{31,00 - 14,35}{4 \times 4} = \mathbf{1,04}$$

Desviación estándar de la varianza genotípica ( $\sigma_{\sigma_c^2}$ )

$$\sigma_{\sigma_c^2} = \sqrt{\frac{2}{[bl(p-2)]^2} \times \left[ \frac{CM_c^2}{\frac{p(p-1)}{2}} + \frac{CM_{c \times l}^2}{\left[ (l-1) \left( \frac{p(p-1)}{2} \right) - 1 \right] + 2} \right]}$$

$$\sigma_{\sigma_c^2} = \sqrt{\frac{2}{[4 \times 4 \times (9-2)]^2} \times \left[ \frac{(31,00)^2}{36} + \frac{(14,35)^2}{3 \times 35 + 2} \right]} = \mathbf{0,07}$$

**Varianza de la ACG ( $\sigma_g^2$ )**

$$\sigma_g^2 = \frac{CM_{ACG} - CM_{ACE} - CM_{ACG \times l} + CM_{ACE \times l}}{bl(p-2)} = \frac{65,92 - 20,66 - 15,63 + 13,98}{4 \times 4 \times (9-2)} = \mathbf{0,39}$$

Desviación estándar de la varianza de la ACG ( $\sigma_{\sigma_g^2}$ )

$$\sigma_{\sigma_g^2} = \sqrt{\frac{2}{[bl(p-2)]^2} \times \left[ \frac{CM_{ACG}^2}{p+1} + \frac{CM_{ACE}^2}{\left[ \left( \frac{p(p-3)}{2} \right) \right] + 2} + \frac{CM_{ACG \times l}^2}{(l-1)(p+1)+1} + \frac{CM_{ACE \times l}^2}{\left[ (l-1) \left( \frac{p(p-3)}{2} \right) \right] + 3} \right]}$$

$$\sigma_{\sigma_g^2} = \sqrt{\frac{2}{[4 \times 4 \times 7]^2} \times \left[ \frac{(65,92)^2}{10} + \frac{(20,66)^2}{27+2} + \frac{(15,63)^2}{31} + \frac{(13,98)^2}{81+3} \right]} = \mathbf{0,27}$$

**Varianza de la ACE ( $\sigma_s^2$ )**

$$\sigma_s^2 = \frac{CM_{ACE} - CM_{ACE \times l}}{bl} = \frac{20,66 - 13,97}{4 \times 4} = \mathbf{0,42}$$

Desviación estándar de la varianza de la ACE ( $\sigma_{\sigma_s^2}$ )

$$\sigma_{\sigma_s^2} = \sqrt{\frac{2}{[bl(p-2)]^2} \times \left[ \frac{CM_{ACE}^2}{\left[\left(\frac{p(p-3)}{2}\right)\right] + 2} + \frac{CM_{ACE \times l}^2}{\left[(l-1)\left(\frac{p(p-3)}{2}\right)\right] + 3} \right]}$$

$$\sigma_{\sigma_s^2} = \sqrt{\frac{2}{[4 \times 4 \times 7]^2} \times \left[ \frac{(20,66)^2}{27 + 2} + \frac{(13,98)^2}{81 + 3} \right]} = \mathbf{0,05}$$

### *Varianza aditiva ( $\sigma_A^2$ )*

$$\sigma_A^2 = 2\sigma_g^2 = 2 \times 0,39 = \mathbf{0,78}$$

Desviación estándar de la varianza aditiva ( $\sigma_{\sigma_A^2}$ )

$$\sigma_{\sigma_A^2} = 2\sigma_{\sigma_g^2} = 2 \times 0,27 = \mathbf{0,54}$$

### *Varianza de dominancia ( $\sigma_D^2$ )*

$$\sigma_D^2 = \sigma_s^2 = \mathbf{0,42}$$

Desviación estándar de la varianza de dominancia ( $\sigma_{\sigma_D^2}$ )

$$\sigma_{\sigma_D^2} = \sigma_{\sigma_s^2} = \mathbf{0,05}$$

### *Varianza genética ( $\sigma_G^2$ )*

$$\sigma_G^2 = \sigma_A^2 + \sigma_D^2 = 0,78 + 0,42 = \mathbf{1,20}$$

Desviación estándar de la varianza genética ( $\sigma_{\sigma_G^2}$ )

$$\sigma_{\sigma_G^2} = \sigma_{\sigma_g^2} = 0,54 + 0,05 = \mathbf{0,59}$$

### *Varianza genotípica o de cruas por ambiente ( $\sigma_{c \times l}^2$ )*

$$\sigma_{c \times l}^2 = \frac{CM_{c \times l} - CMe}{b} = \frac{14,35 - 3,07}{4} = \mathbf{2,82}$$

Desviación estándar de la varianza genotípica o de cruas por ambiente ( $\sigma_{\sigma_{c \times l}^2}$ )

$$\sigma_{\sigma_{c \times l}^2} = \sqrt{\frac{2}{[bl(p-2)]^2} \times \left[ \frac{CM_{c \times l}^2}{\left[(l-1)\left(\frac{p(p-1)}{2} - 1\right)\right] + 2} + \left( \frac{2}{l(b-1)\left(\frac{p(p-1)}{2} - 1\right) + 2} \times CMe^2 \right) \right]}$$

$$\sigma_{\sigma_{c \times l}^2} = \sqrt{\frac{2}{[4 \times 4 \times (9 - 2)]^2} \times \left[ \frac{(14,35)^2}{3 \times 35 + 2} + \frac{2}{4 \times 3 \times 35 + 2} \times (3,07)^2 \right]} = \mathbf{0,02}$$

**Varianza de la ACG por ambiente ( $\sigma_{g \times l}^2$ )**

$$\sigma_{g \times l}^2 = \frac{CM_{ACG \times l} - CM_{ACE \times l}}{b(p - 2)} = \frac{15,61 - 13,98}{4 \times 7} = \mathbf{0,06}$$

Desviación estándar de la varianza de la ACG por ambiente ( $\sigma_{\sigma_{g \times l}^2}$ )

$$\sigma_{\sigma_{g \times l}^2} = \sqrt{\frac{2}{[bl(p - 2)]^2} \times \left[ \frac{CM_{ACG \times l}^2}{(l - 1)(p + 1) + 1} + \frac{CM_{ACE \times l}^2}{\left[ (l - 1) \left( \frac{p(p - 3)}{2} \right) \right] + 3} \right]}$$

$$\sigma_{\sigma_g^2} = \sqrt{\frac{2}{[4 \times 4 \times 7]^2} \times \left[ \frac{(15,63)^2}{31} + \frac{(13,98)^2}{81 + 3} \right]} = \mathbf{0,04}$$

**Varianza de la ACE por ambiente ( $\sigma_{s \times l}^2$ )**

$$\sigma_{s \times l}^2 = \frac{CM_{ACE \times l} - CMe}{b} = \frac{13,98 - 3,07}{4} = \mathbf{2,73}$$

Desviación estándar de la varianza de la ACE por ambiente ( $\sigma_{\sigma_{s \times l}^2}$ )

$$\sigma_{\sigma_{s \times l}^2} = \sqrt{\frac{2}{[bl(p - 2)]^2} \times \left[ \frac{CM_{ACE \times l}^2}{\left[ (l - 1) \left( \frac{p(p - 3)}{2} \right) \right] + 3} + \left( \frac{2}{l(b - 1) \left( \frac{p(p - 1)}{2} - 1 \right) + 2} \times CMe^2 \right) \right]}$$

$$\sigma_{\sigma_{g \times l}^2} = \sqrt{\frac{2}{[4 \times 4 \times 7]^2} \times \left[ \frac{(13,98)^2}{81 + 3} + \frac{2}{4 \times 3 \times 35 + 2} \times (3,07)^2 \right]} = \mathbf{0,03}$$

**Varianza fenotípica con base en las cruas ( $\sigma_f^2$ )**

$$\sigma_f^2 = \frac{\sigma_e^2}{bl} + \frac{\sigma_{c \times l}^2}{l} + \sigma_c^2 = \frac{3,07}{4 \times 4} + \frac{2,82}{4} + 1,04 = \mathbf{1,90}$$

Desviación estándar de la varianza genética ( $\sigma_{\sigma_F^2}$ )

$$\sigma_{\sigma_f^2} = \frac{\sigma_e^2}{bl} + \frac{\sigma_{c \times l}^2}{l} + \sigma_c^2 = \frac{0,21}{4 \times 4} + \frac{0,02}{4} + 0,07 = \mathbf{0,09}$$

### *Varianza fenotípica ( $\sigma_F^2$ )*

$$\sigma_F^2 = \frac{\sigma_e^2}{bl} + \frac{\sigma_{g \times l}^2}{l} + \frac{\sigma_{s \times l}^2}{l} + \sigma_G^2 = \frac{3,07}{4 \times 4} + \frac{0,06}{4} + \frac{2,09}{4} + 1,20 = 2,09$$

Desviación estándar de la varianza fenotípica ( $\sigma_{\sigma_F^2}$ )

$$\sigma_{\sigma_F^2} = \frac{\sigma_{\sigma_e^2}}{bl} + \frac{\sigma_{\sigma_{g \times l}^2}}{l} + \frac{\sigma_{\sigma_{s \times l}^2}}{l} + \sigma_{\sigma_G^2} = \frac{0,21}{4 \times 4} + \frac{0,04}{4} + \frac{0,03}{4} + 0,59 = 0,63$$

### *Heredabilidad media de las cruas ( $\hat{h}_c^2$ )*

$$\hat{h}_c^2 = \frac{\sigma_c^2}{\sigma_f^2} = \frac{1,04}{1,90} = 0,54$$

Desviación estándar de la heredabilidad media de las cruas ( $\sigma_{h_c^2}$ )

$$\sigma_{h_c^2} = \frac{\sigma_{\sigma_c^2}}{\sigma_f^2} = \frac{0,07}{1,90} = 0,04$$

### *Heredabilidad en sentido amplio ( $\hat{h}_a^2$ )*

$$\hat{h}_a^2 = \frac{\sigma_G^2}{\sigma_F^2} = \frac{1,20}{2,09} = 0,57$$

Desviación estándar de la heredabilidad en sentido amplio ( $\sigma_{h_a^2}$ )

$$\sigma_{h_a^2} = \frac{\sigma_{\sigma_G^2}}{\sigma_F^2} = \frac{0,59}{2,09} = 0,31$$

### *Heredabilidad en sentido estricto ( $\hat{h}_e^2$ )*

$$\hat{h}_e^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_F^2} = \frac{0,78}{2,09} = 0,37$$

Desviación estándar de la heredabilidad en sentido estricto ( $\sigma_{h_e^2}$ )

$$\sigma_{h_e^2} = \frac{\sigma_{\sigma_A^2}}{\sigma_F^2} = \frac{0,54}{2,09} = 0,26$$

*Coefficiente de variación ambiental ( $CV_e$ )*

$$CV_e = \frac{\sqrt{CMe}}{\bar{Y}_{...}} \times 100 = \frac{\sqrt{3,07}}{16,76} \times 100 = \mathbf{10,46\%}$$

*Coefficiente de variación fenotípica ( $CV_F$ )*

$$CV_F = \frac{\sqrt{\sigma_F^2}}{\bar{Y}_{...}} \times 100 = \frac{\sqrt{1,09}}{16,76} \times 100 = \mathbf{8,31\%}$$

*Coefficiente de variación genotípica ( $CV_G$ )*

$$CV_G = \frac{\sqrt{\sigma_G^2}}{\bar{Y}_{...}} \times 100 = \frac{\sqrt{1,20}}{16,76} \times 100 = \mathbf{6,53\%}$$

Una vez hechos los cálculos para RTO se procedió del mismo modo para las demás variables. Los resultados se observan en la Tabla 2.17. Dado que para todas las variables los efectos de ACG y de ACE fueron significativos, excepto la ACE para AA y RTO (Tabla 2.16), se puede establecer que los efectos aditivos y de dominancia son responsables de la expresión de PCC, PSC, DE, EP y SST, mientras que los efectos aditivos son importantes en la expresión de AA y RTO.

**Tabla 2.17**

Componentes de Varianza y Heredabilidad Para Siete Variables de 36 Híbridos Provenientes de un Dialélico Entre Nueve LDH de Uchuva [Método 4 Griffing (1956)], Evaluados en Cuatro Localidades del Departamento De Nariño.

| Parámetro               | PCC        | PSC        | DE           | EP         | SST         | AA         | RTO       |
|-------------------------|------------|------------|--------------|------------|-------------|------------|-----------|
| $\sigma_e^2$            | 0,03±0,03  | 0,03±0,03  | 0,06±0,07    | 0,05±0,06  | 0,02±0,02   | 0,86±0,95  | 0,19±0,2  |
| $\sigma_c^2$            | 0,08±0,004 | 0,06±0,003 | 0,11±0,01    | 0,15±0,01  | 0,05±0,002  | 0,97±0,07  | 1,04±0,07 |
| $\sigma_g^2$            | 0,02±0,02  | 0,02±0,01  | 0,03±0,01    | 0,04±0,03  | 0,02±0,01   | 0,35±0,23  | 0,39±0,07 |
| $\sigma_s^2$            | 0,04±0,003 | 0,03±0,002 | 0,06±0,01    | 0,09±0,01  | 0,02±0,001  | 0,40±0,06  | 0,42±0,05 |
| $\sigma_A^2$            | 0,04±0,03  | 0,04±0,003 | 0,07±0,05    | 0,07±0,05  | 0,03±0,02   | 0,71±0,47  | 0,78±0,54 |
| $\sigma_D^2$            | 0,04±0,003 | 0,03±0,002 | 0,06±0,01    | 0,09±0,01  | 0,02±0,001  | 0,40±0,06  | 0,42±0,05 |
| $\sigma_C^2$            | 0,08±0,03  | 0,07±0,03  | 0,13±0,05    | 0,16±0,06  | 0,06±0,02   | 1,11±0,53  | 1,20±0,59 |
| $\sigma_{c \times l}^2$ | -0,001±0,0 | 0,01±0,001 | 0,00±0,00    | -0,03±0,0  | -0,02±0,0   | 0,23±0,02  | 2,82±0,02 |
| $\sigma_{g \times l}^2$ | 0,01±0,002 | 0,01±0,002 | 0,0±0,0      | 0,01±0,002 | 0,001±0,001 | -0,20±0,03 | 0,06±0,04 |
| $\sigma_{s \times l}^2$ | -0,02±0,0  | -0,01±0,0  | 0,002±0,0002 | -0,04±0,0  | -0,02±0,0   | 0,56±0,05  | 2,73±0,03 |
| $\sigma_f^2$            | 0,10±0,01  | 0,10±0,01  | 0,20±0,01    | 0,20±0,01  | 0,1±0,003   | 1,9±0,13   | 1,90±0,09 |
| $\sigma_F^2$            | 0,11±0,04  | 0,09±0,03  | 0,19±0,06    | 0,21±0,06  | 0,07±0,02   | 2,07±0,61  | 2,09±0,62 |
| $\hat{h}_c^2$           | 0,71±0,03  | 0,70±0,03  | 0,65±0,03    | 0,76±0,03  | 0,78±0,03   | 0,51±0,03  | 0,54±0,03 |
| $\hat{h}_a^2$           | 0,74±0,30  | 0,74±0,30  | 0,67±0,28    | 0,78±0,27  | 0,81±0,31   | 0,51±0,25  | 0,57±0,28 |
| $\hat{h}_e^2$           | 0,37±0,27  | 0,38±0,28  | 0,38±0,25    | 0,36±0,25  | 0,48±0,29   | 0,34±0,23  | 0,37±0,26 |
| CVe                     | 10,70      | 10,80      | 4,61         | 4,55       | 3,7         | 9,36       | 10,46     |
| CVF                     | 4,95       | 5,08       | 1,94         | 2,18       | 1,69        | 3,47       | 8,31      |
| CVG                     | 4,40       | 4,50       | 1,66         | 1,99       | 1,59        | 2,66       | 6,53      |

Nota. PCC= Peso en gramos de fruto fresco con cáliz, PSC= peso en gramos de fruto seco sin cáliz, DE= diámetro ecuatorial en mm del fruto, EP= eje polar en mm del fruto, SST= sólidos solubles totales, AA= ácido ascórbico, RTO= rendimiento en t/ha.

Las heredabilidades en sentido estricto para todas las variables fueron moderadas. La heredabilidad en sentido estricto ( $\hat{h}_e^2$ ) se define como la proporción de la varianza fenotípica del carácter evaluado, que se debe a factores genéticos aditivos o a efectos heredables. De esta manera, también se conoce como la proporción de variabilidad que puede transmitirse de padres a hijos (Falconer & Mackay, 1996), por lo tanto, es de interés para los programas de fitomejoramiento, dado que se desea conocer si la selección de los padres producirá cambios hereditarios en la descendencia.

Cuando la  $\hat{h}_e^2 = 0$ , la varianza fenotípica entre los materiales genéticos evaluados no se debe a diferencias genéticas aditivas y la progenie no heredará el nivel de variación genética que caracteriza a sus padres en el rasgo de interés. Una estimación alta de la heredabilidad en sentido estricto es indicativa de un carácter simplemente heredable; por un lado ello significa que las diferencias en comportamiento para ese carácter son heredables, por otro lado, una estimación baja será muestra de un carácter menos heredable. Una estimación relativamente baja o moderada de la heredabilidad en sentido estricto de un carácter muestra que la acción génica no aditiva es más importante en el control genético del carácter investigado (Harriman & Nwammadu, 2016).

La variabilidad genética en los caracteres agronómicos es un componente clave en los programas de mejora genética de los cultivos. La heredabilidad tiene una función predictiva para indicar la fiabilidad del valor fenotípico como guía del valor de un progenitor (*breeding value*), e influye en la decisión de los métodos de selección que son más útiles para mejorar el carácter, para predecir la ganancia de la selección y para determinar la importancia relativa de los efectos genéticos. Los caracteres con alta heredabilidad pueden ser fácilmente fijados con una simple selección, lo que da lugar a un rápido progreso. Sin embargo, se ha acentuado que la heredabilidad por sí sola no tiene importancia práctica sin avance genético. El progreso genético muestra el grado de ganancia obtenida en un carácter bajo una presión de selección. Un alto progreso genético unido a una alta estimación de heredabilidad ofrece la condición más adecuada para selección (Bello *et al.*, 2012).

Hallauer *et al.* (1988) mencionan que el progreso genético obtenido con los materiales genéticos evaluados es igual a  $\Delta G = k\sqrt{\sigma_F^2}h_e^2$ . El progreso o ganancia genética (GS) en función de la fracción seleccionada se obtiene así:  $GS = kDS h_e^2$ , donde k es el diferencial de selección en unidades estándar, el cual depende del porcentaje de intensidad de selección (Tabla 2.18), DS es el diferencial de selección, que es igual a  $DS = \bar{Y}_S - \bar{Y}_O$ , donde:  $\bar{Y}_O$  = media de Y en la población evaluada y  $\bar{Y}_S$  = media de Y en la fracción seleccionada y  $h_e^2$  es la heredabilidad en sentido estrecho (Nyquist & Baker, 1991). Con base en el diferencial de selección (DS), se obtiene la heredabilidad realizada ( $h_r^2$ ), la cual se basa en el progreso genético medio, y está dada por  $h_r^2 = \Delta G / DS$ .

**Tabla 2.18**

Valores Esperados del Diferencial de Selección en Unidades Estándar (K) Para Presiones de Selección (P) o Diferente Número de Individuos Seleccionados (S) en Tamaños de Muestra (N) Mayores y Menores a 50 Genotipos (Hallauer et al., 1988).

| <b>Tamaño de muestra (N&gt;50)</b> |          |          |          |          |          |          |          |
|------------------------------------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|
| <b>p</b>                           | <b>k</b> | <b>p</b> | <b>k</b> | <b>p</b> | <b>k</b> | <b>p</b> | <b>k</b> |
| 0,01                               | 2,665    | 0,11     | 1,709    | 0,21     | 1,372    | 0,31     | 1,138    |
| 0,02                               | 2,421    | 0,12     | 1,667    | 0,22     | 1,346    | 0,32     | 1,118    |
| 0,03                               | 2,268    | 0,13     | 1,627    | 0,23     | 1,320    | 0,33     | 1,097    |
| 0,04                               | 2,154    | 0,14     | 1,590    | 0,24     | 1,295    | 0,34     | 1,078    |
| 0,05                               | 2,063    | 0,15     | 1,554    | 0,25     | 1,271    | 0,35     | 1,058    |
| 0,06                               | 1,985    | 0,16     | 1,521    | 0,26     | 1,248    | 0,36     | 1,039    |
| 0,07                               | 1,918    | 0,17     | 1,489    | 0,27     | 1,225    | 0,37     | 1,021    |
| 0,08                               | 1,858    | 0,18     | 1,458    | 0,28     | 1,202    | 0,38     | 1,002    |
| 0,09                               | 1,804    | 0,19     | 1,428    | 0,29     | 1,180    | 0,39     | 0,984    |
| 0,10                               | 1,755    | 0,20     | 1,400    | 0,30     | 1,159    | 0,40     | 0,966    |

| <b>S</b> | <b>Tamaño de muestra (N&lt;50)</b> |           |           |           |           |
|----------|------------------------------------|-----------|-----------|-----------|-----------|
|          | <b>10</b>                          | <b>20</b> | <b>30</b> | <b>40</b> | <b>50</b> |
| 1        | 1,540                              | 1,870     | 2,040     | 2,160     | 2,250     |
| 2        | 1,270                              | 1,640     | 1,830     | 1,955     | 2,050     |
| 3        | 1,067                              | 1,470     | 1,673     | 1,810     | 1,910     |
| 4        | 0,895                              | 1,333     | 1,550     | 1,693     | 1,798     |
| 5        | 0,740                              | 1,216     | 1,446     | 1,594     | 1,704     |
| 10       | -                                  | 0,768     | 1,061     | 1,241     | 1,371     |
| 15       | -                                  | -         | 0,777     | 0,991     | 1,139     |
| 20       | --                                 | -         | -         | 0,782     | 0,950     |

También es importante tener en cuenta que dependiendo del material genético se usa otro coeficiente llamado control parental, el cual se representa por c; entonces,  $\Delta G = kc \left( \sqrt{\sigma_F^2} \right) h_e^2$ . Si se trata de familias de medios hermanos  $c = 1/2$ , pero si se tienen clones, líneas, LDH o hermanos completos,  $c = 1$ . Esto permite llamar la atención en establecer plenamente el esquema de mejoramiento y la unidad de selección. Por lo tanto, el progreso genético esperado con base en el 14% de los híbridos seleccionados entre las nueve LDH, es:  $\Delta G = ck \left( \sqrt{\sigma_F^2} \right) h_e^2 = 1 \times 0,897 \times (\sqrt{2,09}) \times 0,37 = 0,48t/ha$ , donde  $c = 1$  (LDH) y  $k$  (Tabla 2.18) por interpolación es 0,897.



En la Tabla 2.19 se tienen los promedios del RTO de los 36 híbridos de uchuva a través de las cuatro localidades, los cuales presentaron un promedio general a través de las cuatro localidades de  $16,76 \pm 1,75 \text{ t/ha}$ . Si se hace una selección truncada, donde se ha establecido que los mejores genotipos son aquellos que superaron la media más una desviación estándar ( $18,51 \text{ t/ha}$ ), los híbridos seleccionados son 1x7, 1x8, 1x10, 2x8 y 6x8, cuyo promedio de RTO es  $18,75 \text{ t/ha}$ . Estos cinco híbridos comprenden el 14% de la población estudiada.

**Tabla 2.19**

*Rendimiento (RTO) en t/ha de 36 Híbridos Provenientes de un Dialélico Entre Nueve LDH de Uchuva (Physalis peruviana L.) Evaluados en Cuatro Localidades del Departamento de Nariño.*

| Híbrido | RTO          | Híbrido | RTO          | Híbrido | RTO   | Híbrido | RTO          |
|---------|--------------|---------|--------------|---------|-------|---------|--------------|
| 1x2     | 16,84        | 2x4     | 17,06        | 3x8     | 14,47 | 6x8     | <b>18,15</b> |
| 1x3     | 16,51        | 2x6     | 15,71        | 3x9     | 14,67 | 6x9     | 17,38        |
| 1x4     | 17,67        | 2x7     | 17,67        | 3x10    | 14,11 | 6x10    | 17,96        |
| 1x6     | 16,22        | 2x8     | <b>19,17</b> | 4x6     | 17,51 | 7x8     | 17,47        |
| 1x7     | <b>19,35</b> | 2x9     | 16,25        | 4x7     | 17,33 | 7x9     | 17,32        |
| 1x8     | <b>18,37</b> | 2x10    | 17,88        | 4x8     | 17,65 | 7x10    | 16,46        |
| 1x9     | 16,40        | 3x4     | 16,04        | 4x9     | 16,01 | 8x9     | 17,25        |
| 1x10    | <b>18,69</b> | 3x6     | 17,05        | 4x10    | 17,02 | 8x10    | 14,36        |
| 2x3     | 15,25        | 3x7     | 15,36        | 6x7     | 17,09 | 9x10    | 13,67        |

Nota: En negrilla y cursiva se observan los híbridos seleccionados por tener un  $RTO > \bar{Y} + \sigma$ .

Según los datos establecidos anteriormente, se tiene que el diferencial de selección (DS), es igual a:

$$DS = \bar{Y}_S - \bar{Y}_O = 18,75 - 16,76 = \mathbf{1,99 \text{ t/ha}}$$

La heredabilidad realizada está dada por:

$$h_r^2 = \Delta G / DS = 0,48 / 1,99 = \mathbf{0,24}$$

Si el progreso genético se expresa como porcentaje de la media ( $\% \Delta G$ ), se tendrá:

$$\% \Delta G = \frac{\Delta G}{\bar{Y}_{\dots}} \times 100 = \frac{0,48}{16,76} \times 100 = \mathbf{2,86\%}$$

La media esperada de la descendencia de los híbridos seleccionados o población mejorada ( $\bar{Y}_m$ ) rendirá un 2,86% más que la población original, y se puede calcular de las siguientes formas:

$$\bar{Y}_m = \bar{Y}_o + \frac{\% \Delta G \times \bar{Y}_o}{100} = 16,76 + \left( \frac{2,86 \times 16,76}{100} \right) = \mathbf{17,24t/ha}$$

$$\begin{aligned} \bar{Y}_m &= \bar{Y}_o + \Delta g = \bar{Y}_o + ck \sqrt{\sigma_F^2} \times h_e^2 = 16,76 + (0,897 \times \sqrt{2,09} \times 0,37) = 16,76 + 0,48 \\ &= \mathbf{17,24t/ha} \end{aligned}$$

Entonces, el progreso teórico de la selección es  $\Delta G = 0,48t/ha = (33,19\%) \sqrt{\sigma_F^2}$ . La media teórica del 14% de los híbridos más rendidores ( $\bar{Y}_{ts}$ ) es igual a:

$$\bar{Y}_{ts} = \bar{Y}_o + ck \sqrt{\sigma_F^2} = 16,76 + (1 \times 0,897 \times \sqrt{2,09}) = \mathbf{18,06t/ha}$$

Como puede observarse, no todo el valor del *DS* (1,99t/ha) es heredado por la siguiente generación. De esto, solo hereda el 24%, es decir, 0,48t/ha.

### *Software para obtener los componentes del ANDEVA*

Con base en lo planteado por Zhang & Kang (1997), para obtener los componentes de varianza para cada una de las localidades y a través de localidades del experimento de uchuva (Anexo 2.2), se utilizó la siguiente sintaxis de SAS:

### *ANDEVAs individual*

```
DATA METHOD4;
TITLE 'METHOD 4';
INPUT I J REP HYBRID PCC PSC DE EP SST AA YIELD ENV$;
DROP N NI NJ P;
P=9; *NUMBER OF PARENTAL LINES;
ARRAY GCA(N) G1 G2 G3 G4 G5 G6 G7 G8;
DO N=1 TO (P-1);
GCA=((I=N)-(I=P))+((J=N)-(J=P));
END;
ARRAY SCA(N) S12 S13 S14 S15 S16 S17 S18 S23 S24 S25 S26 S27 S28 S34 S35 S36 S37 S38 S45
S46 S47 S48 S56 S57 S58 S67 S68;
N=0;
DO NI=1 TO (P-3);
DO NJ=NI+1 TO (P-1);
N+1;
SCA=(I=NI) *(J=NJ)-((I=NI) +(I=NJ)) *(J=P);
IF ((I>=(P-2)) & (J>=(P-1))) | ((I>=(P-1)) & (J>=(P-2))) THEN DO;
```

```

SCA=-(I=(P-2)) *(J=(P-1)) +(I>=(P-2)) *(J=P) *(I NE NJ);
END; END; END;
CARDS;
1 2 1 1 5.88 5.15 21.05 18.69 15.57 36.60 14.71 Gualmatán
1 2 2 1 6.69 5.99 22.20 20.54 15.35 34.80 10.24 Gualmatán
. . . . .
3 9 3 20 5.01 4.66 20.21 17.80 13.95 49.88 16.32 OBONUCO
. . . . .
9 10 3 36 7.13 6.00 22.33 20.67 14.81 38.10 11.30 PUERRES
9 10 4 36 7.66 6.59 22.59 21.74 14.19 45.60 8.48 PUERRES
;
PROC SORT;
BY ENV I J;
PROC GLM;
by ENV;
CLASS REP HYBRID;
MODEL PCC PSC DE EP SST AA YIELD= REP HYBRID;
LSMEANS HYBRID;
Proc sort;
by Env i j;
PROC GLM;
by ENV;
CLASS REP HYBRID;
MODEL PCC PSC DE EP SST AA YIELD= REP G1 G2 G3 G4 G5 G6 G7 G8 S12 S13 S14 S15 S16 S17
S18 S23 S24 S25 S26 S27 S28 S34 S35 S36 S37 S38 S45 S46 S47 S48 S56 S57 S58 S67 S68;
RUN;

```

### **ANDEVA combinado a través de localidades**

```

DATA METHOD4;
TITLE 'METHOD 4';
INPUT I J REP HYBRID PCC PSC DE EP SST AA YIELD ENV$;
DROP N NI NJ P;
P=9; *NUMBER OF PARENTAL LINES;
ARRAY GCA(N) G1 G2 G3 G4 G5 G6 G7 G8;
DO N=1 TO (P-1);
GCA=((I=N)-(I=P)) +((J=N)-(J=P));
END;
ARRAY SCA(N) S12 S13 S14 S15 S16 S17 S18 S23 S24 S25 S26 S27 S28 S34 S35 S36 S37 S38 S45
S46 S47 S48 S56 S57 S58 S67 S68;
N=0;
DO NI=1 TO (P-3);
DO NJ=NI+1 TO (P-1);
N+1;

```

```

SCA=(I=NI) *(J=NJ)-((I=NI) +(I=NJ)) *(J=P);
IF ((I>=(P-2)) &(J>=(P-1))) |((I>=(P-1)) &(J>=(P-2))) THEN DO;
SCA=-(I=(P-2)) *(J=(P-1)) +(I>=(P-2)) *(J=P) *(I NE NJ);
END; END; END;
CARDS;
1 2 1 1 5.88 5.15 21.05 18.69 15.57 36.60 14.71 Gualmatán
. . . . . . . . . . .
Datos...
. . . . . . . . . . .
9 10 4 36 7.66 6.59 22.59 21.74 14.19 45.60 8.48 PUERRES
;
PROC SORT;
BY REP ENV I J;
PROC GLM;
CLASS REP ENV HYBRID;
MODEL PCC PSC DE EP SST AA YIELD=ENV REP(ENV) HYBRID HYBRID*ENV;
TEST H=HYBRID E=HYBRID*ENV; LSMEANS HYBRID;
PROC GLM;
CLASS REP ENV HYBRID;
MODEL PCC PSC DE EP SST AA YIELD=ENV REP(ENV) G1 G2 G3 G4 G5 G6 G7 G8 S12 S13 S14 S15
S16 S17 S18 S23 S24 S25 S26 S27 S28 S34 S35 S36 S37 S38 S45 S46 S47 S48 S56 S57 S58 S67 S68
G1*ENV G2*ENV G3*ENV G4*ENV G5*ENV G6*ENV G7*ENV G8*ENV S12*ENV S13*ENV
S14*ENV S15*ENV S16*ENV S17*ENV S18*ENV S23*ENV S24*ENV S25*ENV S26*ENV S27*ENV
S28*ENV S34*ENV S35*ENV S36*ENV S37*ENV S38*ENV S45*ENV S46*ENV S47*ENV S48*ENV
S56*ENV S57*ENV S58*ENV S67*ENV S68*ENV;
RUN;

```

### *En el paquete GENES (Cruz, 2006)*

En GENES se necesitan las medias de las variables analizadas en cada uno de los genotipos evaluados, donde la primera columna corresponde al genotipo i, la segunda al genotipo j, y en las siguientes se colocan las medias de las variables. Los decimales se separan con puntos. Para el análisis por localidades, se abre una hoja en blanco en GENES dando clic en el icono en forma de folder que indica entrada de datos. Se da clic en el icono de hoja en blanco que dice Novo, la cual se abre. Se copian los datos desde Excel y se pegan en esta hoja. Se graban en archivo **.dat**, teniendo cuidado que no existan líneas en blanco al final del archivo, tal como se observa con los datos de Gualmatán (Figura 2.6).

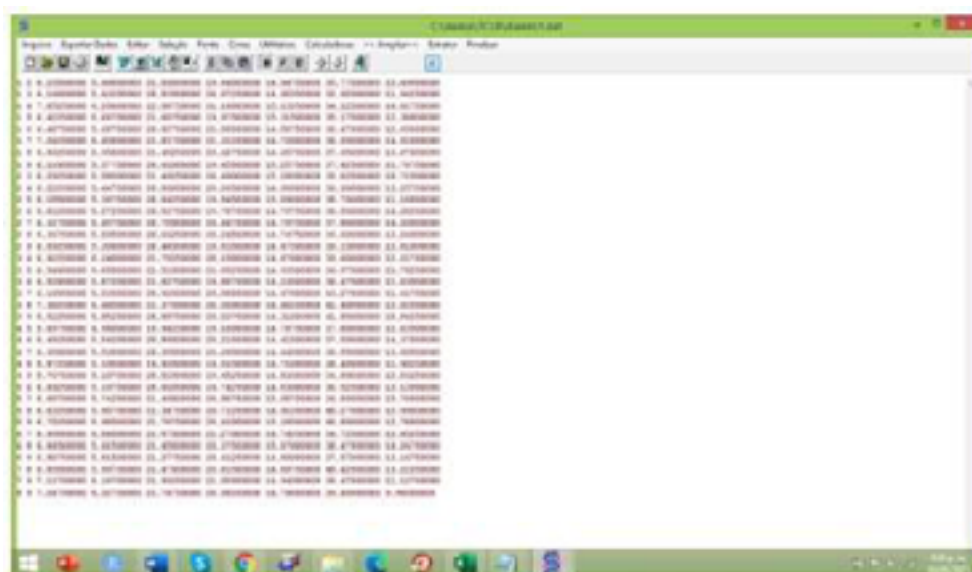


**Figura 2.6.** Estructura de los Datos Para el Análisis del Dialélico en GENES.

En la Figura 2.6 se puede observar la estructura del archivo, donde se observan los datos que tienen la estructura: padre i, padre j y las medias de las siete variables (PCC, PSC, DE, EP, SST, AA y RTO) en las siguientes columnas, así:

```

1 2 6.15500000 5.46000000 21.09500000 19.64000000 14.94750000 35.77500000 12.49500000
1 3 6.16000000 5.43250000 20.83500000 20.07250000 14.95250000 32.92500000 11.96250000
... . . . . . . . . . .
... . . . . . . . . . .
7 8 6.85500000 5.99750000 21.47000000 20.81500000 14.89750000 40.42500000 13.22250000
7 9 7.11750000 6.16750000 21.95250000 21.05500000 14.94500000 38.47500000 11.12750000
8 9 7.24750000 6.32750000 21.74750000 20.58250000 14.76000000 39.45000000 9.96500000

```

Luego, se organizan los cuadrados medios del error de las siete variables. Estos se obtienen de las salidas de los ANDEVA que entrega SAS y se ordenan en concordancia con el orden que tienen las variables en el archivo antes visto, así:

```
0.93 0.74 1.40 1.22 0.22 10.25 1.72
```

Ya en el programa GENES, se despliegan los iconos Biometría, Análise Dialéctica, Dialelos Balanceado, Griffing. En Griffing, se abre ventana de procedimientos y se escoge el método (Figuras 2.7 y 2.8).

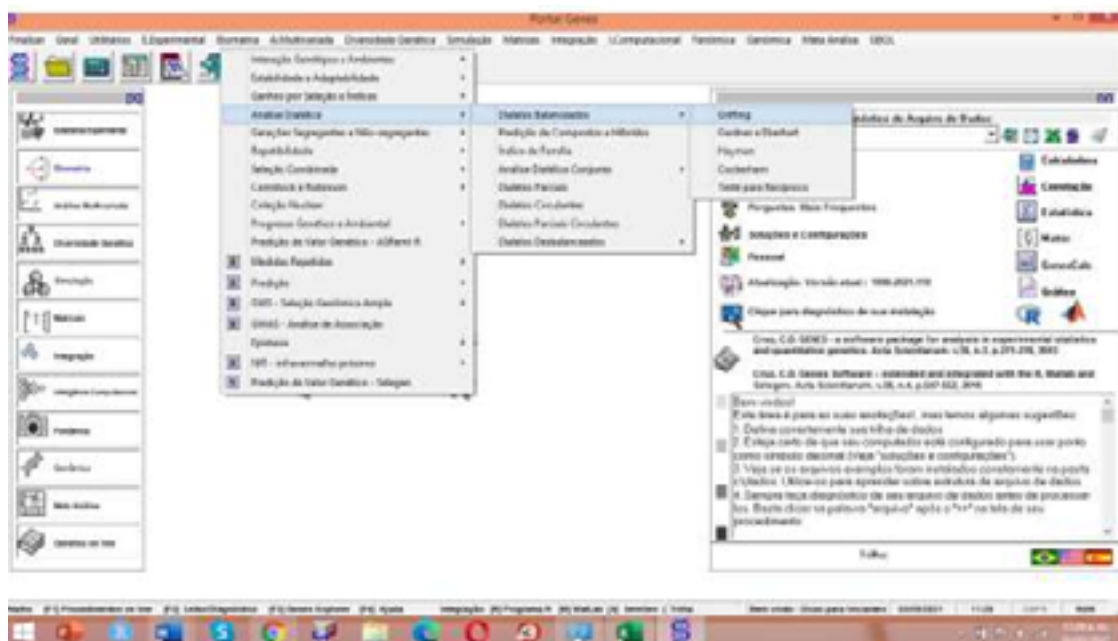


**Figura 2.7.** Herramientas de Biometría, Análise Dialéctica, Dialelos Balanceado, Griffing en GENES.

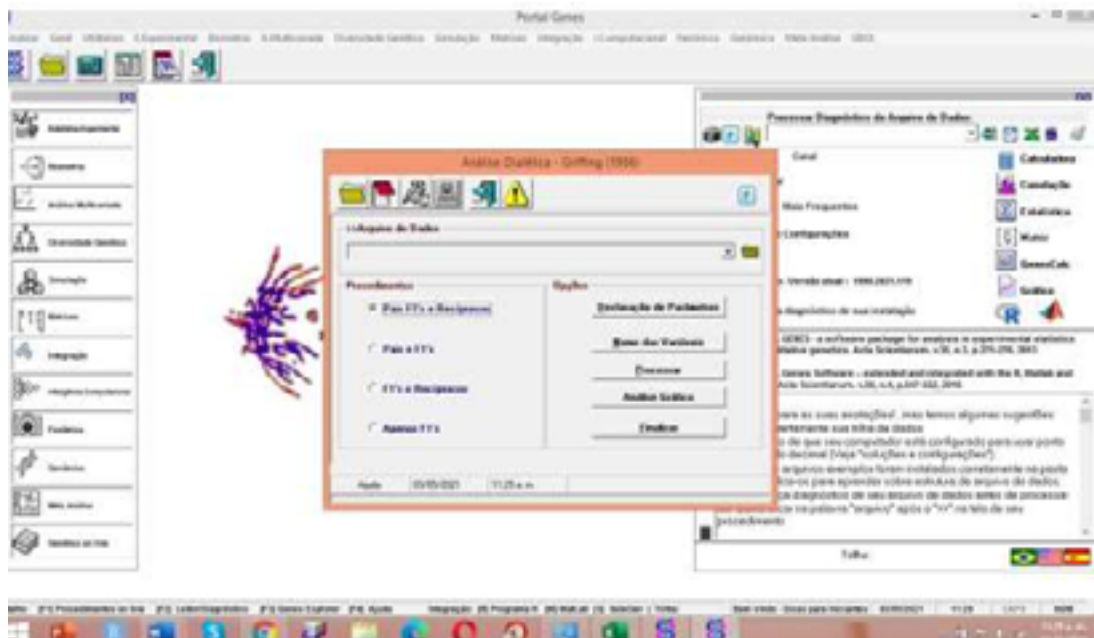


**Figura 2.8.** Ventana de métodos para escoger el método del análisis dialéctico.

Se abre el archivo de medias .dat, se da el número de variables (7), número de progenitores (9), número de repeticiones (4) y grados de libertad del error (105), como se muestra en la Figura 2.9. Se pegan los cuadrados medios del error de las siete variables, o se hace un archivo .dat con estos datos. Es preferible escribirlos directamente, dando clic en el icono de la libreta (Figura 2.10). Se retorna y se da clic en proceso, y a continuación, se observa el análisis de la información.

Para el análisis a través de localidades en GENES, se procede en forma similar a lo antes descrito. Se abre una hoja en blanco dando clic en el icono en forma de folder que indica entrada de datos. Se da clic en el icono de hoja en blanco que dice Novo, la cual se abre. Se copian los datos desde Excel y se pegan en esta hoja. Se graban en archivo .dat, teniendo cuidado que no existan líneas en blanco al final del archivo (Figura 2.11).

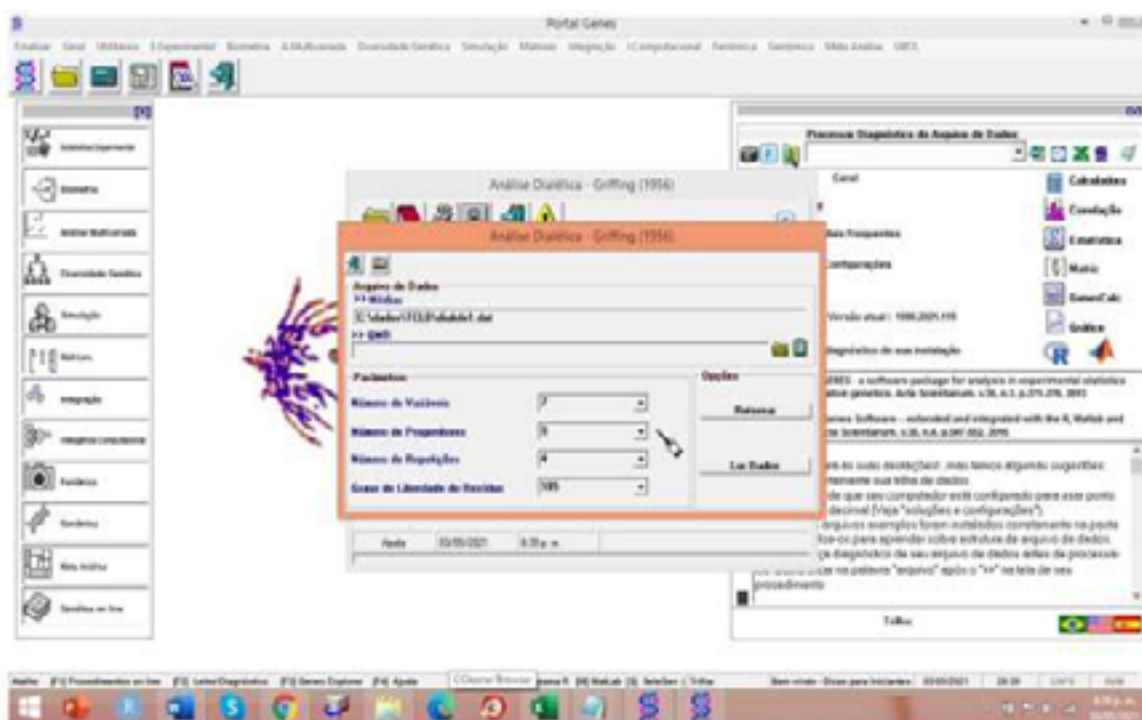


**Figura 2.9.** Ventana Para Registrar en GENES el Número de Variables, Número de Progenitores, Número de Repeticiones y Grados de Libertad del Error del Análisis.



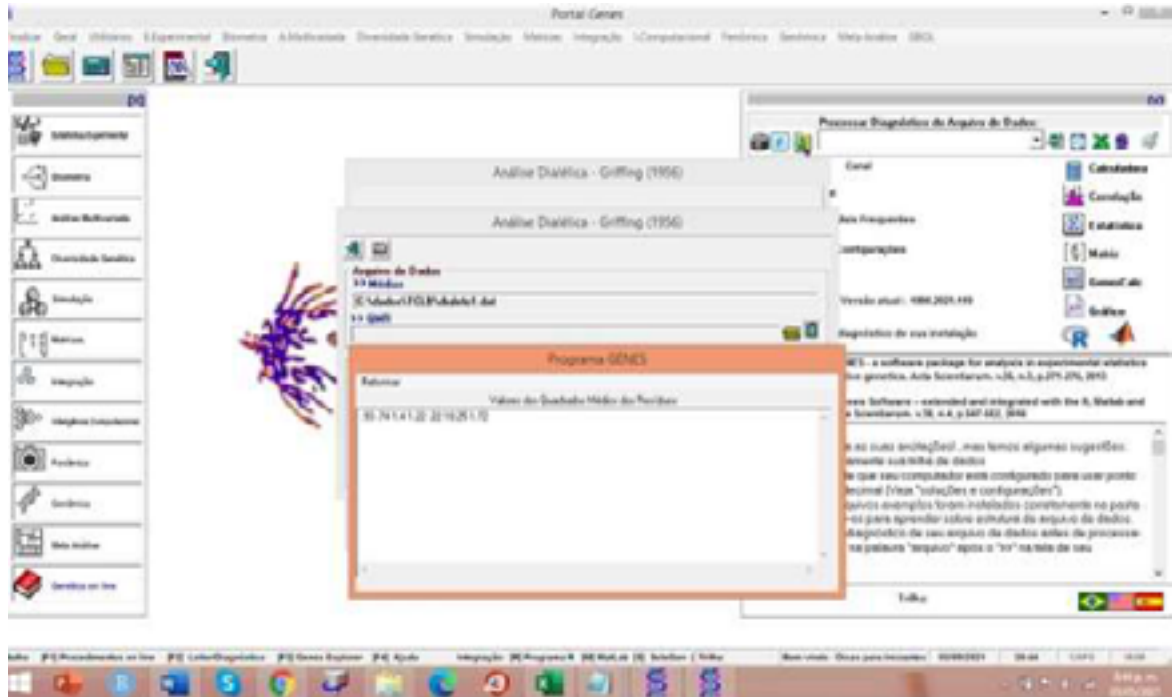


Figura 2.10. Icono para registrar los cuadrados medios del error en genes.

| Genótipo | Padre i | Padre j | Localidade | Medias das Variáveis |
|----------|---------|---------|------------|----------------------|
| 1        | 1       | 1       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 1       | 2       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 1       | 3       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 1       | 4       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 1       | 5       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 1       | 6       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 1       | 7       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 1       | 8       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 1       | 9       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 1       | 10      | 1          | 1.00                 |
| 1        | 2       | 1       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 2       | 2       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 2       | 3       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 2       | 4       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 2       | 5       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 2       | 6       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 2       | 7       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 2       | 8       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 2       | 9       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 2       | 10      | 1          | 1.00                 |
| 1        | 3       | 1       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 3       | 2       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 3       | 3       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 3       | 4       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 3       | 5       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 3       | 6       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 3       | 7       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 3       | 8       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 3       | 9       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 3       | 10      | 1          | 1.00                 |
| 1        | 4       | 1       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 4       | 2       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 4       | 3       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 4       | 4       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 4       | 5       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 4       | 6       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 4       | 7       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 4       | 8       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 4       | 9       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 4       | 10      | 1          | 1.00                 |
| 1        | 5       | 1       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 5       | 2       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 5       | 3       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 5       | 4       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 5       | 5       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 5       | 6       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 5       | 7       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 5       | 8       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 5       | 9       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 5       | 10      | 1          | 1.00                 |
| 1        | 6       | 1       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 6       | 2       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 6       | 3       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 6       | 4       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 6       | 5       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 6       | 6       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 6       | 7       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 6       | 8       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 6       | 9       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 6       | 10      | 1          | 1.00                 |
| 1        | 7       | 1       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 7       | 2       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 7       | 3       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 7       | 4       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 7       | 5       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 7       | 6       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 7       | 7       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 7       | 8       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 7       | 9       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 7       | 10      | 1          | 1.00                 |
| 1        | 8       | 1       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 8       | 2       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 8       | 3       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 8       | 4       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 8       | 5       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 8       | 6       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 8       | 7       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 8       | 8       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 8       | 9       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 8       | 10      | 1          | 1.00                 |
| 1        | 9       | 1       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 9       | 2       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 9       | 3       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 9       | 4       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 9       | 5       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 9       | 6       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 9       | 7       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 9       | 8       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 9       | 9       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 9       | 10      | 1          | 1.00                 |
| 1        | 10      | 1       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 10      | 2       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 10      | 3       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 10      | 4       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 10      | 5       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 10      | 6       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 10      | 7       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 10      | 8       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 10      | 9       | 1          | 1.00                 |
| 1        | 10      | 10      | 1          | 1.00                 |

Figura 2.11. Estructura de datos para el análisis dialélico a través de localidades en GENES.

La matriz de datos se estructura en columna, teniendo en cuenta el orden siguiente: padre i, padre j, localidad y medias de las variables las



medias de las siete variables (PCC, PSC, DE, EP, SST, AA y RTO). En seguida, se ilustra el orden de la matriz.

|   |   |   |      |      |       |       |       |       |       |
|---|---|---|------|------|-------|-------|-------|-------|-------|
| 1 | 2 | 1 | 6.16 | 5.46 | 21.10 | 19.64 | 14.95 | 35.78 | 12.50 |
| 1 | 3 | 1 | 6.16 | 5.43 | 20.84 | 20.07 | 14.95 | 32.93 | 11.96 |
| 1 | 4 | 1 | 7.05 | 6.20 | 22.09 | 21.19 | 15.13 | 34.13 | 14.02 |
| 1 | 5 | 1 | 6.42 | 5.67 | 21.61 | 19.98 | 15.32 | 35.18 | 12.38 |
| 1 | 6 | 1 | 6.49 | 5.69 | 20.83 | 21.09 | 14.51 | 38.48 | 12.70 |
| 1 | 7 | 1 | 7.24 | 6.45 | 21.82 | 21.31 | 14.72 | 38.55 | 14.52 |
| 1 | 8 | 1 | 6.86 | 5.95 | 21.48 | 20.43 | 14.66 | 37.65 | 13.07 |
| . | . | . | .    | .    | .     | .     | .     | .     | .     |
| . | . | . | .    | .    | .     | .     | .     | .     | .     |
| 6 | 9 | 3 | 6.02 | 5.55 | 21.13 | 19.61 | 14.69 | 43.03 | 26.37 |
| 7 | 8 | 3 | 6.34 | 5.85 | 21.47 | 21.04 | 15.50 | 45.52 | 26.82 |
| 7 | 9 | 3 | 7.79 | 7.22 | 22.81 | 22.63 | 14.74 | 44.02 | 19.29 |
| . | . | . | .    | .    | .     | .     | .     | .     | .     |
| . | . | . | .    | .    | .     | .     | .     | .     | .     |
| 7 | 8 | 4 | 8.18 | 7.08 | 22.71 | 21.87 | 14.65 | 36.90 | 9.62  |
| 7 | 9 | 4 | 8.22 | 7.13 | 22.82 | 21.34 | 14.62 | 36.98 | 9.45  |
| 8 | 9 | 4 | 7.60 | 6.60 | 22.48 | 21.14 | 14.87 | 39.53 | 10.15 |

Las medias se pueden obtener de los ANDEVAs individuales del análisis hecho en SAS, o en el mismo paquete GENES con la herramienta E. Experimental. Una vez preparado el archivo .dat, en la página principal de GENES, se despliegan los iconos Biometria, Análise Dialélica, Análise Dialélica Conjunta, Balanceado Griffing (Figura 2.12).

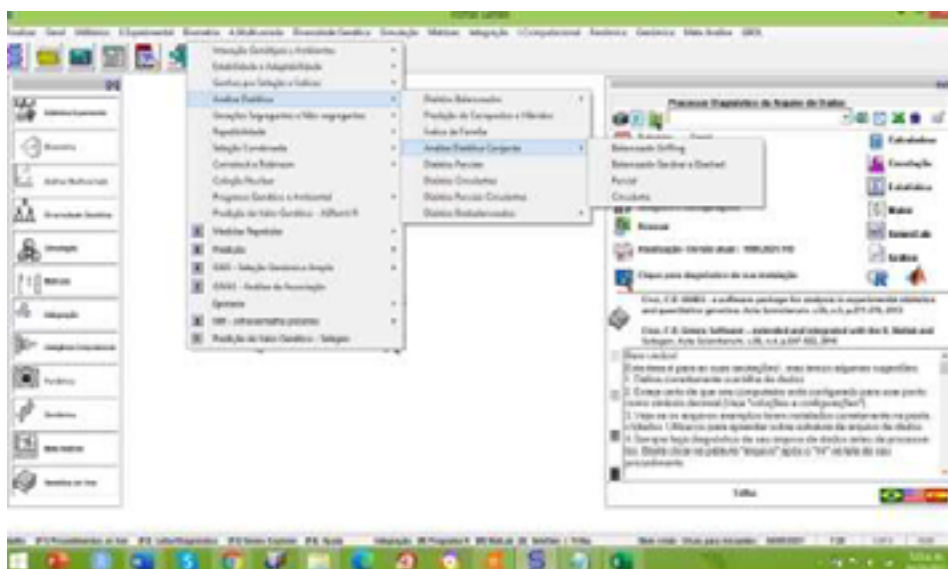


**Figura 2.12.** Herramientas de GENES Para el Análisis Dialélico de Griffing a través de Localidades (Analise Dialélica Conjunta).

Se da clic en Balanceado Griffing y se abre la ventana de diálogo donde se selecciona el método (Apenas F1's), se abre el archivo .dat, dando clic en el icono en forma de folder (Figura 2.13). Luego de cargado el archivo .dat, se da clic en Declaração de parâmetros. Se escribe la información de Número de variables (7), número de progenitores (9), número de ambientes (4), número de repeticiones (4), grados de libertad del error del ANDEVA individual (105) (Figura 2.14).

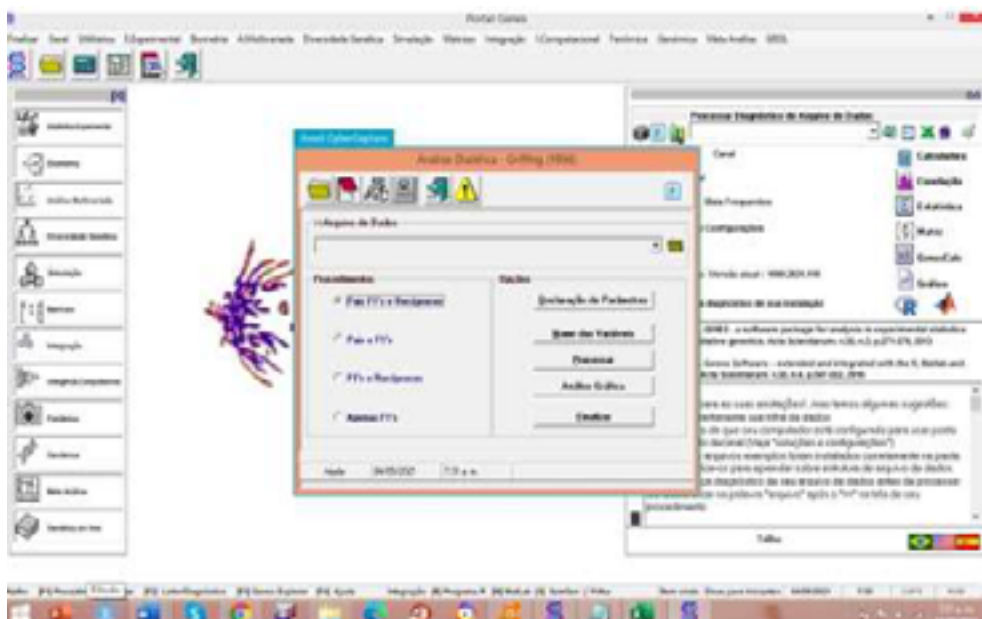


**Figura 2.13.** Ventana para ingresar el archivo .dat en el icono en forma de folder.

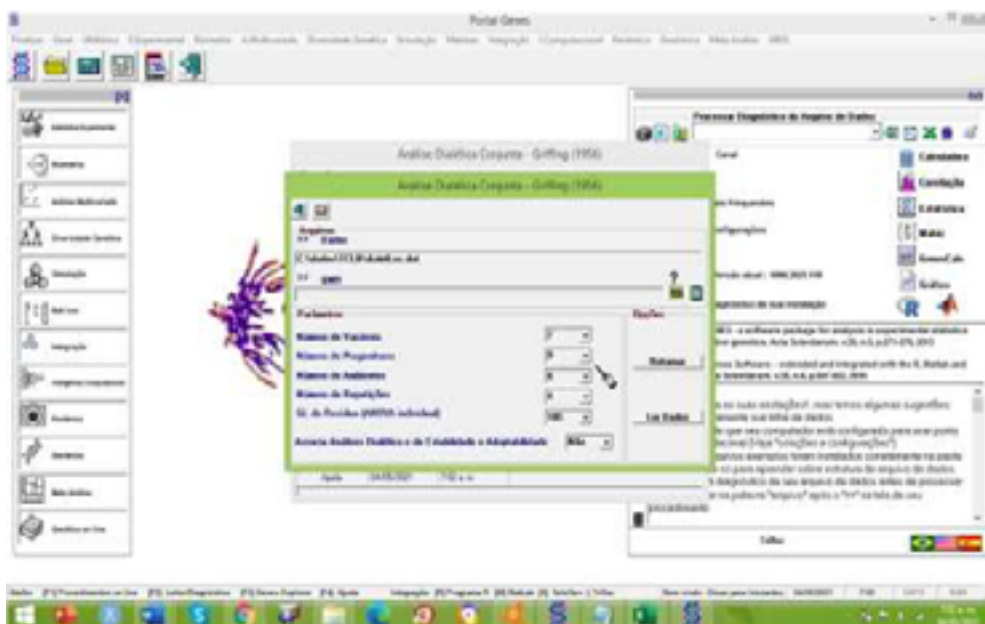


**Figura 2.14.** Declaración de Parámetros Para el Análisis de Griffing en GENES.

Posteriormente, se da clic en el icono de libreta y se despliega una matriz que contiene ambiente, variable, cuadrado medio del error y grados de libertad del error. Se llenan los valores correspondientes y se da regresar (Figura 2.15).

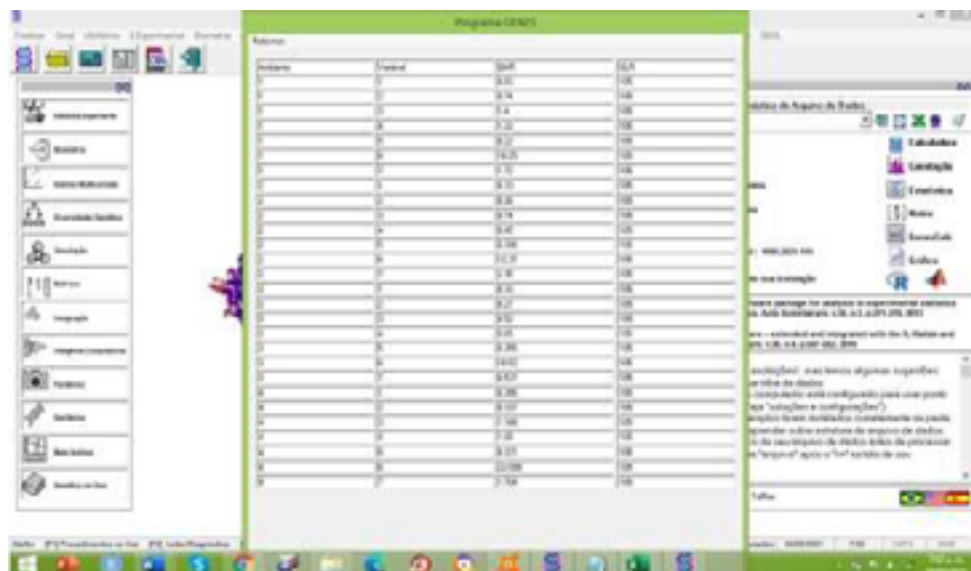


**Figura 2.15.** Registro de Cuadrado Medio y Grados de Libertad del Error de las Variables Para el Análisis Dialélico en GENES.

Esta información también se puede entregar, mediante un archivo .dat, así:

*Variable Variável QMR GLR*

1 1 0.93 105

1 2 0.74 105

. . . . .

. . . . .

4 6 22.09 105

4 7 1.704105

Finalmente, al retornar, se da clic y se observa el análisis de la información a través de localidades.

En el Capítulo 5 se describen los cuadrados medios esperados y las pruebas de hipótesis para otros métodos, que pueden asumirse bajo el modelo fijo o aleatorio cuando en una investigación se considere obtener componentes de varianza y calcular las heredabilidades de distinta índole.

## Conclusiones

Para el rendimiento de papa los valores de repetibilidad indican que existe una alta proporción de la variabilidad fenotípica que es explicada por la variabilidad genética. En uchuva, las heredabilidades evaluadas en sentido estricto fueron moderadas y difirieron según la localidad. Se observó un efecto del ambiente sobre los genes que determinan la varianza aditiva. Los efectos aditivos y de dominancia fueron responsables en la expresión de peso seco con cáliz, peso seco sin cáliz, diámetro ecuatorial del fruto, eje polar del fruto y sólidos solubles totales. Los efectos aditivos fueron importantes para ácido ascórbico y rendimiento. El progreso genético para rendimiento fue del 2,86%.

## Bibliografía del capítulo 2

- Abbott, L. & Pistorale, S. (2010). Determinación de componentes de la varianza y heredabilidad en cebadilla criolla (*Bromus catharticus* Vahl.). Agriscientia, 27(2), 115-123.
- Acevedo Barona, M., Álvarez, R., Silva, R., Torres, O. & Reyes, E. (2019). Interacción genotipo ambiente en arroz para identificar mega-ambientes y ambientes ideales mediante el modelo de regresión por sitios y biplot. Bioagro, 31(1), 35-44.
- Acciaresi, H. A. & Chidichimo H. O. (1999). Interacción genotipo-ambiente en Avena sativa L. utilizando los modelos AMMI y factorial de correspondencias. Pesquisa Agropecuária Brasileira, 34(10), 1823-1830.
- Al-Naggar, A. M. M., Atta, M. M. M., Ahmed, M. A. & Younis, A. S. M. (2016). Genetic variance, heritability and selection gain of maize (*Zea mays* L.) adaptive traits to high plant density combined with water stress. Journal of Applied Life Sciences International, 7(2), 1-17. doi: 10.9734/JALSI/2016/28414
- Bello, O. B., Ige, S. A., Azeez, M. A., Afolabi, M. S., Abdulmalik, S. Y. & Mahamood J. (2012). Heritability and genetic advance for grain yield and its component characters in maize (*Zea mays* L.). International Journal of Plant Research, 2(5), 138-145. doi: 10.5923/j.plant.20120205.01
- Comstock, R. E. & Robinson, H. F. (1948). The Components of Genetic Variance in Populations of Biparental Progenies and Their Use in Estimating the Average Degree of Dominance. Biometrics, 4(4), 254-266. doi:10.2307/3001412
- Cruz, C. D. (2006). Programa Genes: estatística experimental e matrizes. Editora Universidade Federal de Viçosa (UFV).
- Cruz, C. D. (2006b). Programa Genes: Biometria. Editora UFV.
- Cruz, C. D. (2012). Principios de genética quantitativa. Editora UFV.
- Cruz, C. D. (2013). GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. Acta Scientiarum, 35(3), 271-276.
- Cruz, C. D. (2016). Genes Software – extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. Acta Scientiarum, 38(4), 547-552.
- Falconer, D. & Mackay, T. (1996). Introduction to quantitative genetics. (4a ed.). Prentice Hall.
- Griffing, B. (1956). Concept of general and specific combining ability in relation to diallel-crossing system. Australian Journal of Biological Sciences, 9(4), 463 - 493. doi: <https://doi.org/10.1071/BI9560463>

- Gonçalves-Vidigal, M. C., Mora, F., Bignotto Souto, T., Ferreira Munhoz, R. E. & de Souza Lara, D. (2008). Heritability of quantitative traits in segregating common bean families using a Bayesian approach. *Euphytica*, 164(2), 551–560. doi: 10.1007/s10681-008-9758-6
- Hallauer, A. R., Carena, M. J. & Miranda Filho, J.B. (1988). *Quantitative Genetics in Plant Breeding*. (2a ed.). Springer.
- Hallauer, A., R. & Carena, M. J. (2009). Section I Cereal Crop Breeding: Maize Breeding. En M. J. Carena. (Ed.). *Handbook of Plant Breeding: Cereals* (pp.3-98). Springer Science + Business Media. doi: 10.1007/978-0-387-72297-9
- Hamid Khan, M., Ahmad, M., Hussain, M., -ul-Hassan M. & Ali, Q. (2018). Heritability and trait association studies in maize F1 hybrids. *International Journal of Biosciences*, 12(1), 18-26. doi: <http://dx.doi.org/10.12692/ijb/12.1.18-26>; <https://innspub.net/ijb/heritability-trait-association-studies-maize-f1-hybrids/>
- Harriman, J.C. & Nwammadu, C.A. (2016). Utilization of diallel analyses for heritability, GCA and SCA studies in crop improvement. *American Advances Journal of Biological Sciences*, 2(5), 159–167. doi: 10.18869/AAJBS.2016.159
- Hartwig, I., J.A. González da Silva, F.I. Félix de Carvalho, A. Costa de Oliveira, I. Bertan, I. Pires Valério, G. Olegário da Silva, G. Ribeiro, T. Finatto, & G. Silveira. (2007). Variabilidade fenotípica de caracteres adaptativos de aveia branca (*Avena sativa* L.) em cruzamentos dialélicos. *Ciência Rural*, 37, 337-345.
- Hill, W. G., Goddard, M. E. & Visscher, P. M. (2008). Data and theory point to mainly additive genetic variance for complex traits. *PLoS Genetics*, 4(2), e1000008. doi: 10.1371/journal.pgen.1000008
- Holland, J.B., Nyquist, W. & Cervantes-Martinez, C. (2003). Estimating and interpreting heritability for plant breeding: an update. En J. Janick (Ed). *Plant Breeding Reviews* (Vol. 22, pp. 9-112). John Wiley & Sons. doi: 10.1002/9780470650202.ch2
- Jó García, M. & Hernández, G. R. (2004). Interacción genotipo-ambiente y heredabilidad en algunos caracteres de importancia en el frijol (*Phaseolus vulgaris* L.). *Centro Agrícola*, 31(1-2), 94-98. [http://cagricola.uclv.edu.cu/descargas/pdf/V31-Número\\_1y2/cag181041361.pdf](http://cagricola.uclv.edu.cu/descargas/pdf/V31-Número_1y2/cag181041361.pdf)
- Lagos-Burbano, T. C. & Criollo-Escobar, H. (2019). *Herramientas estadísticas para la investigación en ciencias agrarias*. Editorial Universidad de Nariño.
- Laviola, B. G., Oliveira, A. M. C., Bhering, L.L., Alves, A. A., Barros, R. R., Lopes Gomes, B. E. & Cruz, C. D. (2013). Estimates of repeatability coefficients and selection gains in *Jatropha* indicate that higher cumulative genetic gains can be obtained by relaxing

- the degree of certainty in predicting the best families. *Industrial Crops and Products*, 51, 70–76. doi: <http://dx.doi.org/10.1016/j.indcrop.2013.08.016>
- Leao, P. C. S. & Gomes da Costa, J. (2003). Estimates of repeatability and path coefficients on grapes. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 3(3), 231-236.
- Lozano-Ramírez, Á., Santacruz-Varela, A., San Vicente-García, F., Crossa, J., Burgueño, J. & Molina-Galán, J. D. (2015). Modelación de la interacción genotipo x ambiente en rendimiento de híbridos de maíz blanco en ambientes múltiples. *Revista fitotecnica mexicana*, 38(4), 337-347. [http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0187-73802015000400001&lng=es&tlng=es](http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0187-73802015000400001&lng=es&tlng=es)
- Maramé, F., Dessalegne, L., Fininsa, C. & Sigvald, R. (2009). Heterosis and heritability in crosses among Asian and Ethiopian parents of hot pepper genotypes. *Euphytica*, 168, 235–247. doi: <https://doi.org/10.1007/s10681-009-9912-9>
- Mariotti, J. A. (1986). Fundamentos de genética biométrica: aplicaciones al mejoramiento genético vegetal. OEA. Monografía 32, 152 pp.
- McIntosh, M.S. (1983). Analysis of combined experiments. *Agronomy Journal*, 75, 153-155.
- Medina, C. I., Lobo, M. & Martínez, E. (2009). Revisión del estado del conocimiento sobre la función productiva del lulo (*Solanum quitoense* Lam.) en Colombia. *Corpoica Ciencia y Tecnología Agropecuaria*, 10(2), 167-179. doi: 10.21930/rcta.vol10\_num2\_art:139
- Mejía-Salazar, J. R., Galeano-Mendoza, C. H., Burbano-Erazo, E., Vallejo-Cabrera, F. A. & Arango, M. (2020). Interacción genotipo por ambiente de nueve variedades de algodón para los Valles interandinos en Colombia. *Agronomía Mesoamericana*, 31(1), 31-42. doi: 10.15517/am.v31i1.37178
- Moore, K. J. & Dixon, P.M. (2015). Analysis of combined experiments. Revisited. Symposium: Statistical Concepts. *Agronomy Journal*, 107(2), 763-771. <https://acsess.onlinelibrary.wiley.com/doi/epdf/10.2134/agronj13.0485>
- Nzuve, F., Githiri, S., Mukunya, D.M. & Gethi, J. (2013). Analysis of genotype x environment interaction for grain yield in maize hybrids. *Journal of Agricultural Science*, 5(11), 75-85. doi: <http://dx.doi.org/10.5539/jas.v5n11p75>
- Nyquist, W. & Baker, R. J. (1991). Estimation of heritability and prediction of selection response in plant populations. *Critical Reviews in Plant Sciences*, 10(3), 235-322. doi: <http://dx.doi.org/10.1080/07352689109382313>
- Peña Lomelí, A., Molina Galán, J. D., Sahagún Castellanos, J., Ortiz Cereceres, J., Márquez Sánchez, F., Cervantes Santana, T. & Santiaguillo Hernández, J. F. (2008).



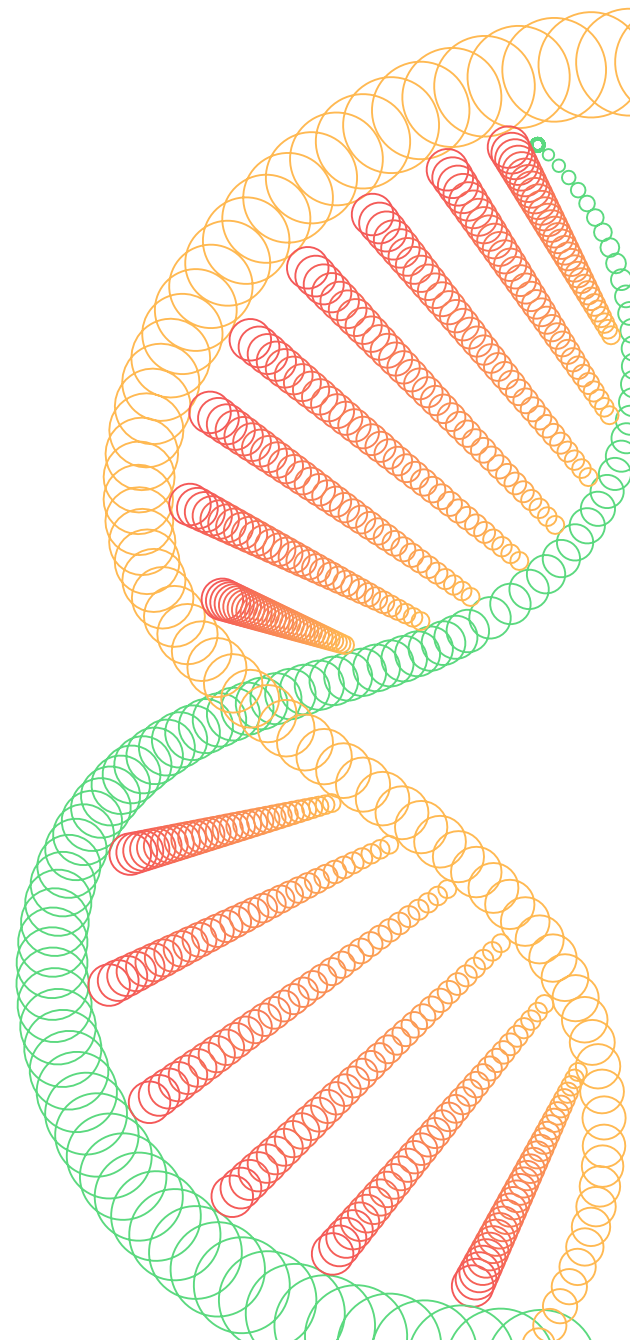
- Parámetros genéticos en la variedad CHF1 Chapingo de tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot.). Revista Chapingo, Serie Horticultura, 14(1), 5-11. [http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S1027-152X2008000100002&lng=es&tlng=es](http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1027-152X2008000100002&lng=es&tlng=es)
- Pérez López, D. J., Vázquez García, L. M., Sahagún Castellanos, J. & Rivera Peña, A. (2007). Variabilidad y caracterización de diez variedades de papa en tres localidades del estado de México. Revista Chapingo, Serie Horticultura, 13(1), 13-19. <https://www.redalyc.org/pdf/609/60913102.pdf>
- Pérez Pelea, L., Sigarroa González, A., Bandera Fernández, E., Rodríguez Medina, N. & Valdés-Infante Herrero, J. (2013). Estimación de la heredabilidad en sentido ancho a caracteres de importancia agrícola evaluados en una población de guayabo (*Psidium guajava* L.). Cultivos Tropicales, 34(1), 66-73. [http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0258-59362013000100010&lng=es&tlng=es](http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0258-59362013000100010&lng=es&tlng=es)
- Piepho, H. P., Möhring, J., Melchinger, A. E. & Büchse, A. (2008). BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. Euphytica, 161, 209–228. doi: <https://doi.org/10.1007/s10681-007-9449-8>
- Pistorale, S. M., Abbott, L. A. & Andrés, A. (2008). Diversidad genética y heredabilidad en sentido amplio en agropiro alargado, *Thinopyrum ponticum*. Ciencia e Investigación Agraria, 35(3), 259-264.
- Reddy, R. V. & Jabeen, F. (2016). Narrow sense heritability, correlation and path analysis in maize (*Zea mays* L.) SABRAO Journal of Breeding and Genetics, 48(2), 120-126. <http://sabraojournal.org/wp-content/uploads/2018/01/SABRAO-J-Breed-Genet-48-2-120-126-Reddy-1.pdf>
- Resende Deon Vilela de, M. (2002). Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas. Embrapa, Informações Tecnológicas, Brasília, 975p.
- Rimieri, P. (2017). La diversidad genética y la variabilidad genética: dos conceptos diferentes asociados al germoplasma y al mejoramiento genético vegetal. Journal of Basic and Applied Genetics, 28(2), 7-13.
- Rodríguez González, R. E., Ponce Medina, J. F., Rueda Puente, E. O., Avendaño Reyes, L., Paz Hernández, J. J., Santillano Cazares, J. & Cruz Villegas, M. (2011). Interacción genotipo-ambiente para la estabilidad de rendimiento en trigo en la región de Mexicali, B.C., México. Tropical and subtropical Agroecosystems, 14(2), 543-558. [http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S1870-04622011000200015&lng=es](http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1870-04622011000200015&lng=es)
- Romagosa, I. & Fox, P. N. (1993). Genotipo x environment interaction and adaptation. En: M. D. Hayword, N. O. Bosermark & I. Romagoza (Eds.). Plant breeding: principles and prospects (pp. 371- 390). CIHEAM.



- Satterthwaite, F. E. (1946). An approximate distribution of estimates of variance components. *Biometrics Bulletin*, 2(6), 110-114. doi: <http://dx.doi.org/10.2307/3002019>
- Searle, S. R. (1971). A biometrics invited paper: Topics in variance component estimation. *Biometrics*, 27(1), 1-76. doi:10.2307/2528928
- Schmidt, P., Hartung, J., Bennewitz, J. & Piepho, H. P. (2019). Heritability in plant breeding on a genotype-difference basis. *GENETICS*, 212(4), 991-1008. doi: <https://doi.org/10.1534/genetics.119.302134>
- Sprague, G. F., & Tatum, L. A. (1942). General vs. Specific Combining Ability in Single Crosses of Corn. *Agronomy Journal*, 34(10), 923-932. doi: 10.2134/agronj1942.00021962003400100008x
- Steel, R. G. D. & Torrie, J. H. (1960). *Principles and Procedures of Statistics: with Special Reference to the Biological Sciences*. McGraw-Hill.
- Toker, C. (2004). Estimates of broad-sense heritability for seed yield and yield criteria in faba bean (*Vicia faba* L.). *Hereditas*, 140, 222-225. doi: <https://doi.org/10.1111/j.1601-5223.2004.01780.x>
- Villaseñor Mir, H. E., Martínez Cruz, E., Santa Rosa, R. H., González González, M., Zamudio Colunga, A., Huerta Espino, J. & Espitia Rangel, E. (2017). Variabilidad genética y criterios de selección para calidad industrial de trigos introducidos en condiciones de temporal. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*, 8(3), 661-672.
- Wright, S. (1935). The analysis of variance and the correlations between relatives with respect to deviations from an optimum. *Journal of Genetics*, 30(2), 243-256. doi: <https://doi.org/10.1007/BF02982239>
- Xu, N. W., Xu, S. & Ehlers, J. (2009). Estimating the broad-sense heritability of early growth of cowpea. *International Journal of Plant Genomics*, 1-4. doi:10.1155/2009/984521
- Zhang, Y. & Kang, M. S. (1997). DIALLEL-SAS: A SAS program for Griffing's diallel analyses. *Agronomy Journal*, 87, 176-182. doi: [10.2134/agronj1997.00021962008900020005x](https://doi.org/10.2134/agronj1997.00021962008900020005x)

# **CAPÍTULO 3**

## Correlaciones y Análisis de Sendero



## Resumen

El conocimiento de las relaciones entre las variables de importancia agronómica y económica es importante para tomar decisiones en los esquemas de selección de un programa de fitomejoramiento. El objetivo fue desarrollar y aplicar los conceptos de correlación y análisis de sendero en variables cuantitativas asociadas al rendimiento y tamaño de fruto en *Solanum betaceum* Cav. Los experimentos se llevaron a cabo en tres localidades de la región natural Andina de clima frío del departamento de Nariño (municipios de Ipiales, Pasto y Tangua). El material vegetal con el cual se trabajó corresponde a 72 híbridos intervarietales originados por cruzamientos bajo el esquema de un dialélico parcial circulante entre 48 materiales genéticos y nueve testigos. Las variables evaluadas fueron frutos por planta (FPP), peso de fruto (PF), diámetro ecuatorial (DE) y eje polar (EP) del fruto, rendimiento (Rto), sólidos solubles totales (SST) y ácido cítrico (AC). Con base en estas variables se procedió a describir el fundamento de los análisis estadísticos para las correlaciones lineales, canónicas, fenotípicas, ambientales y genotípicas y Análisis de Sendero. La variación del Rto se explicó por la relación lineal de FPP y del FP. En las variables canónicas, la mayor parte de la variabilidad está explicada por el Rto, FPP y DE. Los efectos directos más importantes sobre el Rto fueron el número de FPP y el PF. El efecto indirecto de FPP vía PF, es el más importante y es el responsable de la correlación negativa entre el PF y el Rto.

**Palabras clave:** *Solanum betaceum*, rendimiento, fruto, relaciones, canónicas, parciales.

## Abstract

Knowledge of the relationships between traits of agronomic and economic importance is imperative for selection schemes of a breeding program. The objective was to develop and apply the concepts of correlation and path analysis in quantitative traits associated with yield and fruit size in *Solanum betaceum* Cav. The experiments were carried out in three localities of the natural Andean region of cold climate of the department of Nariño (municipalities of Ipiales, Pasto and Tangua). The plant material used corresponds to 72 hybrids originated by crosses under the scheme of a circulating partial diallel between 48 genetic materials and

nine controls. The traits evaluated were fruit per plant (FPP), fruit weight (FW), fruit equatorial diameter (ED) and polar axis (PE), yield, total soluble solids (TSS) and citric acid (CA). Based on these variables, we proceeded to describe the basis of statistical analyses for linear, canonical, phenotypic, environmental and genotypic correlations and path analysis. The variation of yield was explained by the linear relationship of FPP and FW. In the canonical variables, most of the variability is explained by yield, FPP and ED. The most important direct effects on yield were the number of FPP and FW. The indirect effect of FPP via FW is the most important and is responsible for the negative correlation between FW and yield.

**Key words:** *Solanum betaceum*, yield, fruit, relationships, canonical, partial.

## Introducción

El concepto de correlación está asociado al análisis del grado de relación que existe entre dos variables, la cual estadísticamente tiene que ver con la magnitud de variación conjunta o covariación que hay entre dos o más variables (Guillén, 2021). La relación entre dos variables es una correlación simple (Dagnino, 2014), y la relación entre más de dos variables es un modelo básico para correlación múltiple, la cual es una ampliación de la distribución normal multivariante (Universidades de Córdoba & Huelva, 2021). Así mismo, la relación entre dos variables, sin tener en cuenta las demás, se conoce como correlación parcial y es la relación neta entre esas variables (Camacho, 2021). Los coeficientes de correlación utilizados en diferentes situaciones son los de Pearson, Tau-b de Kendall y el de Spearman (Morales & Rodríguez, 2016).

Otro tipo de correlación es la canónica, mediante la cual se analizan las relaciones multidimensionales entre múltiples variables independientes y múltiples variables dependientes (Badii et al., 2007). La correlación canónica es un método de análisis multivariado que se utiliza para examinar la relación entre dos grupos de caracteres y permite agrupar caracteres de interés, de esta forma, es posible realizar la selección indirecta de caracteres. Esta información es útil para los procesos de selección de genotipos sobresalientes en programas de mejoramiento. Las estimaciones de la relación entre las combinaciones lineales de dos

grupos de variables, que toman el nombre de canónicas, se definen como correlación canónica (Pérez-Pelea et al., 2019).

Uno de los coeficientes de correlación más usado es el coeficiente de Pearson, especialmente en el estudio de las relaciones de caracteres cuantitativos; pero, así como se ha utilizado extensamente, también son muchas las interpretaciones incorrectas y las omisiones al momento de emplearlo, fundamentalmente cuando se trata de sus supuestos. Los errores más comunes se deben cuando se asumen relaciones de causalidad (Hernández Lalinde et al., 2018). En mejoramiento genético de plantas, una herramienta para la acertada selección de los mejores individuos es conocer las asociaciones que existen entre las variables objeto del programa de mejora, por ejemplo, entre la producción de caña vs. características agronómicas como la altura de planta y la población de tallos. Por lo tanto, la correcta comprensión de este tipo de asociaciones facilita la selección en forma indirecta de otra variable (Viveros Valens et al., 2015).

A partir del análisis de correlación lineal simple, se estructura otro tipo de análisis que permite descomponer las correlaciones entre dos variables en efectos directos e indirectos, lo cual facilita la identificación de posibles explicaciones causales de las correlaciones observadas entre una variable de carácter endógeno respuesta dependiente y una serie de variables exógenas predictivas o independientes (Valencia Ramírez & Ligarreto Moreno, 2012). Este método es conocido como análisis de sendero, el cual genera los coeficientes de Wright o path coefficients (Wright, 1918, 1934, 1960) que son la base para establecer criterios de selección indirecta entre variables de importancia agronómica y otras causales. El análisis de sendero permite entender el efecto directo que una característica afecta sobre otra y los efectos indirectos de otras características relacionadas (Almeida et al., 2014).

El Análisis de Sendero se ha aplicado en muchas especies de cultivo. En *Pachiryzus ajipa* se han determinado las variables que afectan directa e indirectamente el rendimiento de vainas (Espinoza, 2018). Investigaciones semejantes se han adelantado en maíz (Robledo Torres et al., 2003), *Cucúrbita moschata* Duch. Ex Poir, *Gossypium hirsutum* L., *Passiflora edulis* f. *flavicarpa* (Espitia et al., 2005, 2008a y 2008b), *Solanum melongena* (Araméndiz et al., 2009), *Cyphomanda betacea* Cav. Senth. (Duarte et al., 2012; Lagos-Santander et al., 2013) y *Solanum quitoense* Lam. (Duarte Alvarado et al., 2020), entre otros casos.

Otro aspecto del mejoramiento de plantas donde el análisis de correlación juega un papel importante, es poder determinar si una correlación dada por el fenotipo es una manifestación de una correlación genotípica o es un reflejo de factores ambientales. La correlación genética involucra los valores de cría o valores como progenitor para dos variables dentro de los individuos de la población, mientras que las correlaciones ambientales contienen la mayoría de la información remanente de la información fenotípica, que involucra a la correlación fenotípica de los valores fenotípicos (Mayo, 1980; Singh & Chaudhary, 1985).

Según Hallauer et al. (1988), además de determinar el grado de asociación genética entre dos características, las correlaciones genéticas son de interés para mejorar la selección. La selección indirecta puede dar una mayor respuesta a la selección para una característica, que la selección directa para la misma. Esto depende de los estimados de heredabilidad y del grado de correlación genética. Por ejemplo, si la altura de planta está ligada al rendimiento, sería más fácil optar por seleccionar plantas altas o bajas, dependiendo de la magnitud y la dirección de la correlación.

En *Solanum melongena* se ha encontrado que el número de frutos por planta presentó una correlación genética negativa y altamente significativa con respecto al peso de fruto, lo cual indica que el mejoramiento por mayor cantidad de frutos conduce a una reducción progresiva del peso de estos, lo que compromete el rendimiento y la calidad (Araméndiz et al., 2009). Espitia et al. (2005) concluyeron que en *Cucurbita moschata* la obtención de genotipos de altos rendimientos para el mercado de fruto fresco se debe hacer selección por frutos pesados y pequeños, con el fin de aprovechar el nivel de correlación genética alta, significativa e inversa entre el número de frutos y el peso de frutos por planta. En *Cyphomandra betacea* para seleccionar frutos de mayor peso se pueden utilizar, como criterios de selección, el peso de pulpa más semilla por fruto, peso de semilla por fruto y diámetro ecuatorial del fruto (Duarte et al., 2012; Lagos Santander et al., 2013). En *Solanum quitoense*, los coeficientes de correlación genética para el rendimiento, muestran asociaciones positivas significativas con el número de frutos por planta, peso y eje polar del fruto, sin embargo, si se aumenta el número de frutos por planta se afecta la calidad de fruto, lo que no es conveniente para procesos de comercialización (Duarte et al., 2020).

Con base en lo anterior, el objetivo fue desarrollar y aplicar los conceptos de correlación y Análisis de Sendero en variables cuantitativas

asociadas al rendimiento y tamaño de fruto en híbridos de *Solanum betaceum* Cav.

## Materiales y métodos

Los experimentos se llevaron a cabo en tres localidades de la región natural Andina de clima frío del departamento de Nariño. La ubicación y algunas características ambientales de las localidades se observan en la Tabla 3.1. En general, las localidades son de clima frío y frío moderado con temperaturas que oscilan entre 12 y 18°C. Pasto y Tangua tienen los valores más altos de materia orgánica que son considerados como contenidos medios. Ipiales y Tangua tienen altos contenidos de fósforo (P), sin embargo, sus suelos son de origen volcánico con alta fijación de este elemento. Los contenidos de magnesio (Mg) son bajos para Pasto e Ipiales. Como puede verse estas localidades pueden considerarse ambientes diferenciales, que son útiles en trabajos de adaptabilidad y estabilidad.

El material vegetal con el cual se trabajó corresponde a los híbridos intervarietales originados por cruzamientos bajo el esquema de un dialélico parcial circulante entre 48 materiales genéticos de *Solanum betaceum* de diferentes procedencias del departamento de Nariño (Tabla 3.2). El dialelo parcial circulante originó 72 híbridos, los cuales se evaluaron en las tres localidades antes descritas, bajo la distribución del diseño latice simple 9x9.

**Tabla 3.1**

*Posición y Algunas Características de las Localidades del Departamento de Nariño, Donde se Ubicaron los Experimentos Para Evaluar los Híbridos de un Dialélico Parcial Circulante de *Solanum betaceum* Cav.*

| <b>Localidad</b> | <b>LN</b>    | <b>LO</b>    | <b>AI</b> | <b>T°</b> | <b>pH</b>  | <b>M.O</b> |
|------------------|--------------|--------------|-----------|-----------|------------|------------|
| Ipiales          | 00°52'23''   | 77°33'3,8''  | 2750      | 12        | 6,0        | 3,33       |
| Pasto            | 01°19'33,3'' | 77°19'18,9'' | 1980      | 18        | 5,0        | 16,3       |
| Tangua           | 1°8'10,08''  | 77°26'3,41'' | 2100      | 16        | 5,4        | 5,26       |
| <b>Localidad</b> | <b>P</b>     | <b>K</b>     | <b>Ca</b> | <b>Mg</b> | <b>Tex</b> |            |
| Ipiales          | 81,13        | 0,57         | 7,38      | 1,50      | F-Ar-A     |            |
| Pasto            | 2,45         | 0,31         | 1,44      | 0,26      | F          |            |
| Tangua           | 38,82        | 0,92         | 9,78      | 3,39      | Ar-A       |            |

Nota. LN= latitud norte, LO = longitud oeste; AI = altitud (msnm), T°= temperatura (°C), M.O = materia orgánica (%), P =fósforo (mg/kg), K = potasio (cmolcarga/kg), Ca = calcio (cmolcarga/kg), Mg =magnesio (cmolcarga/kg), Tex = textura, F= franco, Ar = arcilloso, A = arenoso.



**Tabla 3.2**

Parentales e Híbridos de *Solanum betaceum* Cav. Evaluados en Cuatro Localidades del Departamento de Nariño.

| ID | Genotipo  | Origen    | ID | Genotipo | Origen      | ID | Híb  | ID | Híb   | ID | Híb   |
|----|-----------|-----------|----|----------|-------------|----|------|----|-------|----|-------|
| 1  | CBcon74   | Contadero | 25 | CBco39   | Córdoba     | 1  | 1x24 | 25 | 9x32  | 49 | 17x40 |
| 2  | CBa09     | Arboleda  | 26 | CBb75    | Buesaco     | 2  | 1x25 | 26 | 9x33  | 50 | 17x41 |
| 3  | CBb03     | Buesaco   | 27 | CBg70    | Guaitarilla | 3  | 1x26 | 27 | 9x34  | 51 | 17x42 |
| 4  | CBco44    | Córdoba   | 28 | CBu88    | La unión    | 4  | 2x25 | 28 | 10x33 | 52 | 18x41 |
| 5  | CBi49     | Ipiales   | 29 | CBsj35   | San Juan    | 5  | 2x26 | 29 | 10x34 | 53 | 18x42 |
| 6  | CBi51     | Ipiales   | 30 | CBi50    | Ipiales     | 6  | 2x27 | 30 | 10x35 | 54 | 18x43 |
| 7  | CBL81     | S Lorenzo | 31 | CBL78    | S Lorenzo   | 7  | 3x26 | 31 | 11x34 | 55 | 19x42 |
| 8  | CBunt1305 | La Unión  | 32 | CBsj37   | San Juan    | 8  | 3x27 | 32 | 11x35 | 56 | 19x43 |
| 9  | CBb04     | Córdoba   | 33 | CBc15    | Cartago     | 9  | 3x28 | 33 | 11x36 | 57 | 19x44 |
| 10 | CBc14     | Buesaco   | 34 | CBco40   | Córdoba     | 10 | 4x27 | 34 | 12x35 | 58 | 20x43 |
| 11 | CBb02     | Buesaco   | 35 | CBu84    | La unión    | 11 | 4x28 | 35 | 12x36 | 59 | 20x44 |
| 12 | CBL80     | S Lorenzo | 36 | CBb73    | Buesaco     | 12 | 4x29 | 36 | 12x37 | 60 | 20x45 |
| 13 | CBc12     | Cartago   | 37 | CBf89    | Funes       | 13 | 5x28 | 37 | 13x36 | 61 | 21x44 |
| 14 | CBp25     | Pasto     | 38 | CBu86    | La unión    | 14 | 5x29 | 38 | 13x37 | 62 | 21x45 |
| 15 | CBb08     | Buesaco   | 39 | CBsj38   | San Juan    | 15 | 5x30 | 39 | 13x38 | 63 | 21x46 |
| 16 | CBc93     | Cartago   | 40 | CBco46   | Córdoba     | 16 | 6x29 | 40 | 14x37 | 64 | 22x45 |
| 17 | CBco42    | Córdoba   | 41 | CBu65    | La unión    | 17 | 6x30 | 41 | 14x38 | 65 | 22x46 |
| 18 | CBsj36    | San Juan  | 42 | CBcon34  | Contadero   | 18 | 6x31 | 42 | 14x39 | 66 | 22x47 |
| 19 | CBcon33   | Contadero | 43 | CBu87    | La unión    | 19 | 7x30 | 43 | 15x38 | 67 | 23x46 |
| 20 | CBp19     | Pasto     | 44 | CBu94    | La unión    | 20 | 7x31 | 44 | 15x39 | 68 | 23x47 |
| 21 | CBc11     | Cartago   | 45 | CBu63    | La unión    | 21 | 7x32 | 45 | 15x40 | 69 | 23x48 |
| 22 | CBb06     | Buesaco   | 46 | CBc95    | Cartago     | 22 | 8x31 | 46 | 16x39 | 70 | 24x47 |
| 23 | CBu82     | La Unión  | 47 | CBL77    | S Lorenzo   | 23 | 8x32 | 47 | 16x40 | 71 | 24x48 |
| 24 | CBi79     | S Lorenzo | 48 | CBco41   | Córdoba     | 24 | 8x33 | 48 | 16x41 | 72 | 25x48 |

Los 81 tratamientos correspondieron a 72 híbridos y nueve parentales escogidos al azar (CBc14, CBco39, CBco42, CBco46, CBL80, CBL81, CBp19, CBsb01 y CBsj3). La parcela experimental estuvo formada por un surco de tres plantas sembradas a 2,50m entre ellas. Teniendo en cuenta que las parcelas experimentales estaban separadas a 2,50m, su área fue de 18,75m<sup>2</sup>. Se sembraron plantas de tomate de árbol regional alrededor de los ensayos para evitar el efecto de borde.

Las variables evaluadas fueron:

#### *Frutos por planta (FPP)*

Durante un ciclo de cosecha de ocho meses, se contabilizó el número total de frutos recogidos y se dividió por el número de plantas de la parcela experimental, para así obtener el número de frutos/planta.



### *Peso de fruto (PF)*

En cada cosecha se evaluó el peso total de la parcela y se dividió sobre el total de frutos cosechados. El PF se registró en gramos (g).

### *Diámetro ecuatorial (DE) y eje polar (EP) del fruto*

En cada recolección se tomaron cinco frutos al azar y se midió el DE y el EP, para obtener finalmente el promedio de estas dos variables y expresarlas en milímetros (mm).

### *Rendimiento (Rto)*

El Rto en t/ha, se obtuvo con base en la recolección de frutos en la parcela experimental durante ocho meses.

### *Sólidos solubles totales (SST)*

Los SST se determinaron en frutos estado de maduración 4 y 5 Según NTC 4105 (ICONTEC, 1997) utilizando un refractómetro “Atago de bolsillo PAL-1” y se expresó en grados brix (°Brix).

### *Ácido cítrico (AC)*

El AC se determinó por el método de titulación potenciométrica y se expresó en porcentaje. Se calculó mediante la ecuación mencionada por el ICONTEC (1997).

$$A.C = ((V1 \times N) / V2)) \times K \times 100.$$

Donde: V1= Volumen de NaOH consumido (ml), V2= Volumen de la muestra (5 ml), K = Peso equivalente del ácido cítrico (0,064 g/meq), N = Normalidad del NaOH (0,1 meq/ml).

Con base en estas variables se procederá a describir el fundamento del análisis estadístico para las correlaciones lineal, canónicas, fenotípicas, ambientales y genotípicas y análisis de sendero.

## **Resultados y discusión**

### *Operador esperanza (E)*

El valor esperado o la esperanza matemática de una variable Y, es el valor hacia donde tiende Y ( $E(Y)$ ) a lo largo de n pruebas, ensayos o mediciones. Entonces  $E(Y) = \mu_Y$ , donde  $\mu_Y$  es la media de la variable aleatoria. En un evento aleatorio, la  $E(X)$  está dada por la sumatoria de X en cada evento por la probabilidad de X en cada suceso de un espacio

muestral. Así que,  $E(Z) = \sum Z_i \times p(Z)$ . Las propiedades de  $E$ , se listan a continuación:

- i. Si  $X = (Z + Y) \Rightarrow E(Z + Y) = E(Z) + E(Y) = \mu_z + \mu_y = \mu_x$
- ii.  $E(kZ) = kE(Z)$ , donde  $k = \text{constante}$
- iii.  $E(k) = k$
- iv.  $k(Z - \mu_z)^2 = \sigma_z^2$
- v. Si  $Z \geq 0$ , entonces  $E(Z) \geq 0$ .
- vi. Si  $Z \geq X$ , entonces  $E(Z) \geq E(X)$ .
- vii. Si  $2 < X < 3$ , entonces  $2 < E(X) < 3$ .
- viii. Generalmente,  $E(XZ) \neq E(X)E(Z)$ . La igualdad se cumple cuando las variables aleatorias son independientes.

### Matriz de varianzas-covarianzas

La matriz de varianzas–covarianzas es una matriz cuadrada de  $n$  filas por  $m$  columnas, en cuya diagonal principal se ubican las varianzas, y por debajo y por encima de esta, las covarianzas de las variables incluidas en ella. Por ejemplo, sean  $Y$  y  $Z$ , dos variables aleatorias, entonces la  $E(Y - \mu_Y)(Z - \mu_Z) = \sigma_{YZ}$ , donde  $\sigma_{YZ}$  es la covarianza de  $Y$  con  $Z$ .

A partir de las medias de las ocho variables de *Solanum betaceum* obtenidas en el ensayo de Pasto (Anexo 3.1), se pueden analizar las relaciones que pueden darse entre ellas. En forma gráfica, la Figura 3.1 muestra una relación directa entre el EP y el DE del fruto, la cual implica que a valores altos de EP corresponden valores altos de DE y viceversa, en cambio la Figura 3.2, muestra una relación inversa, donde a valores altos de FPP se dan valores bajos del PF, y la ausencia de relación entre dos variables se da entre AC y SST (Figura 3.3).

La forma de cuantificar la relación entre dos variables  $X$  y  $Z$  es a través de la suma de productos cruzados (SPC), que es igual a:  $SPC = (X - \bar{X})(Z - \bar{Z})$ , la cual no considera el tamaño de la muestra o el número de datos involucrados en la medición. Entonces, el mejor estimador es la SPC promedia o covarianza (Cov), el cual mide la asociación entre dos variables. Luego:

$$Cov(x, z) = \frac{(X - \bar{X})(Z - \bar{Z})}{N} \text{ (parámetro en la población)}$$

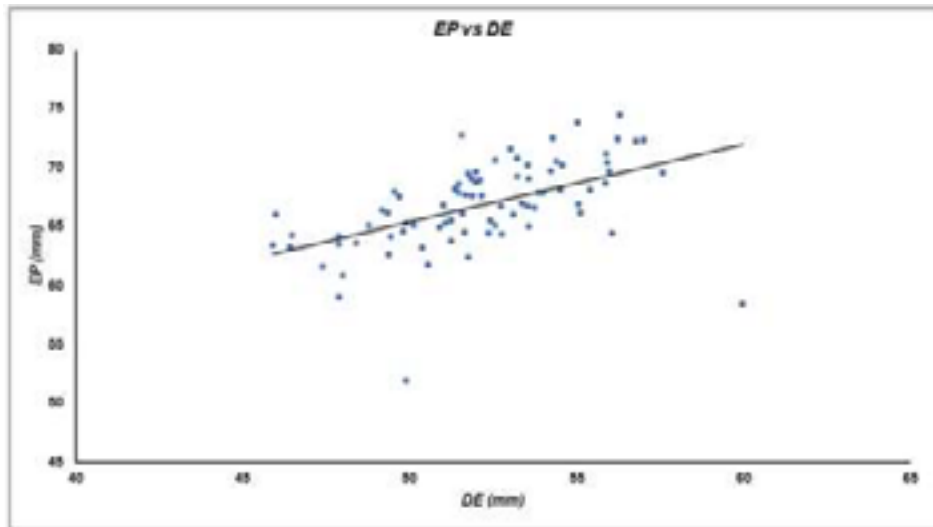


**Figura 3.1.** Relación Directa Entre el Eje Polar (EP) en mm y El Diámetro Ecuatorial (DE) en mm del Fruto de Tomate de Árbol (*Solanum betaceum*).

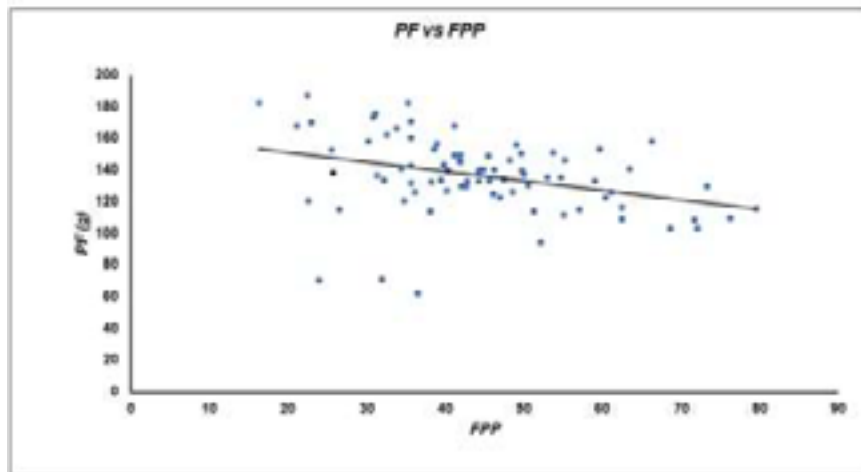


**Figura 3.2.** Relación Inversa Entre el Eje Polar (EP) en mm y El Diámetro Ecuatorial (DE) en mm del Fruto de Tomate de Árbol (*Solanum betaceum*).

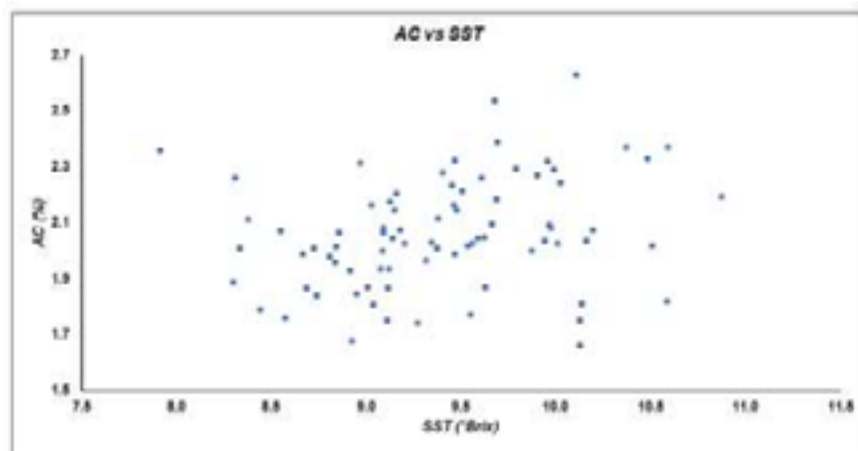


**Figura 3.3.** Ausencia de Relación Entre el Ácido Cítrico (%) y el Contenido de Sólidos Solubles Totales en °Brix (SST) en Frutos de Tomate de Árbol (*Solanum betaceum*).

$$Cov(x, z) = \frac{(X - \bar{X})(Z - \bar{Z})}{n - 1} \text{ (estimador en la muestra)}$$

$$Cov(x, z) = \frac{(X - \bar{X})(Z - \bar{Z})}{N} \text{ (parámetro en la población)}$$

$$Cov(x, z) = \frac{(X - \bar{X})(Z - \bar{Z})}{n - 1} \text{ (estimador en la muestra)}$$

$$= \frac{(X - \bar{X})(Z - \bar{Z})}{n - 1} \text{ (estimador en la muestra)}$$

| <b>Desviaciones y PC</b>                     |       |       |   |   |         |         | <b>Suma</b> |
|----------------------------------------------|-------|-------|---|---|---------|---------|-------------|
| $DE - \overline{DE}$                         | -0,38 | 1,43  | . | . | 3,38    | -0,38   | 0           |
| $EP - \overline{EP}$                         | -4,41 | 2,26  | . | . | 2,89    | 2,66    | 0           |
| $(DE - \overline{DE})(EP - \overline{EP})$   | 1,69  | 3,23  | . | . | 11,06   | -1,01   | 437,58      |
| $PF - \overline{PF}$                         | -9,99 | -2,00 | . | . | 34,14   | 36,88   | 0           |
| $FPP - \overline{FPP}$                       | -8,28 | 2,98  | . | . | -21,47  | -13,65  |             |
| $(PF - \overline{PF})(FPP - \overline{FPP})$ | 82,64 | -5,95 | . | . | -733,09 | -503,38 | -9086,29    |
| $AC - \overline{AC}$                         | 0,02  | -0,05 | . | . | -0,24   | 0,08    | 0           |
| $SST - \overline{SST}$                       | 0,58  | -0,67 | . | . | 1,19    | -0,24   | 0           |
| $(AC - \overline{AC})(SST - \overline{SST})$ | 0,01  | 0,03  | . | . | -0,29   | -0,02   | 2,44        |

Nota. PC= productos cruzados.

Como puede observarse, según la cantidad y la magnitud de la relación, la asociación más alta se da entre DE vs EP y PF vs FPP, mientras que entre AC vs SST es más baja, pero como se dijo antes, la SPC no tiene en cuenta el número de observaciones, por lo tanto, se procede a calcular la covarianza, que es un mejor estimador que la SPC. Entonces:

$$Cov(DE, EP) = \frac{(DE - \overline{DE})(EP - \overline{EP})}{N} = \frac{437,58}{81} = 5,40$$

$$Cov(PF, FPP) = \frac{(PF - \overline{PF})(FPP - \overline{FPP})}{N} = \frac{-9086,29}{81} = -112,18$$

$$Cov(AC, SST) = \frac{(AC - \overline{AC})(SST - \overline{SST})}{N} = \frac{2,44}{81} = 0,03$$

La relación más alta se da entre PF vs FPP, aunque de sentido negativo o inversa. En el parámetro de la covarianza hay otro problema que se debe tener en cuenta, es la relación entre dos variables con distintas unidades como el PF en

g y el número de FPP, las cuales no son comparables, de ahí que se utiliza el coeficiente de correlación ( $\rho = \text{rho para población, } r \text{ para muestra}$ ), mediante el cual se cancelan las unidades, así:

$$\rho = \frac{Cov(PF, FPP)}{\sigma_{PF}\sigma_{FPP}} \Rightarrow \text{las unidades } \frac{g \times No}{g \times No} \text{ se cancelan}$$

$$r_{PF-FPP} = \frac{Cov(PF, FPP)}{S_{PF}S_{FPP}} = \frac{\frac{(PF - \overline{PF})(FPP - \overline{FPP})}{n-1}}{\sqrt{\frac{\sum (PF - \overline{PF})^2}{n-1}} \sqrt{\frac{\sum (FPP - \overline{FPP})^2}{n-1}}}$$

Donde:

$\sigma = \text{desviación estándar de la población}$   
 $S = \text{desviación estándar de la muestra}$

$$r_{PF-FPP} = \frac{(PF - \overline{PF})(FPP - \overline{FPP})}{\sqrt{\sum (PF - \overline{PF})^2 \sum (FPP - \overline{FPP})^2}} = \frac{\sum PF \times FPP - n\overline{PF} \times \overline{FPP}}{\sqrt{(\sum PF^2 - n\overline{PF})(\sum FPP^2 - n\overline{FPP})}}$$

Los valores de correlación de las relaciones planteadas son las siguientes:

$$\rho = \frac{Cov(DE, EP)}{\sigma_{DE}\sigma_{EP}} = \frac{5,40}{2,87 \times 3,68} = 0,51$$

$$\rho = \frac{Cov(PF, FPP)}{\sigma_{PF}\sigma_{FPP}} = \frac{-112,18}{23,72 \times 13,64} = -0,35$$

$$\rho = \frac{Cov(AC, SST)}{\sigma_{AC}\sigma_{SST}} = \frac{0,03}{0,20 \times 0,61} = 0,25$$

El coeficiente de correlación oscila entre -1 y 1. Estos límites establecen una relación directa. Valores semejantes a cero, indican no relación. En las estimaciones de **rho<sub>xy</sub>** ( $\rho$ ) se habla del parámetro poblacional, mientras que **r<sub>xy</sub>** es su estimador. El estimador es un valor aproximado del parámetro. Cuando el valor es diferente de cero y está entre -1 y 1, no se sabe con certeza si la relación es directa o no hay relación, de ahí que es necesario establecer la prueba de hipótesis

$H_0: \rho = 0$ , no hay relación entre las variables estimadas

$H_a: |\rho| > 0$ , existe un grado de relación entre las variables estimadas

La prueba de hipótesis se hace a un nivel de significancia de  $\alpha = 0,05$ . La regla de decisión indica que se acepta la  $H_0$ , si  $|r_c| \leq r \text{ teórico o de la tabla}$  con n-2 grados de libertad (dos parámetros o estadígrafos).

Algunas orientaciones para llevar a cabo un Análisis de Correlación, tienen que ver con el tamaño de  $n$ , el cual no debe ser menor a 6 y no mayor a 30, debido a que correlaciones pequeñas pueden ser significativas. En los casos presentados aquí, donde  $n = 81$ , se podrían hacer grupos, obtener las medias y hacer una correlación de medias, tal como se describe a continuación.

Las 81 observaciones se dividen en siete grupos de 10 individuos y un grupo de 11, a los cuales se les calculó la media, la desviación estándar y se obtuvieron los coeficientes de correlación de las variables planteadas. En seguida, se muestran los promedios de los grupos a partir del Anexo 3.1. Con base en las medias de los grupos (Tabla 3.3), se hizo el Análisis de Correlación.

**Tabla 3.3**

*Medias de las Variables de Solanum betaceum de Cada uno de los Ocho Grupos Formados de las 81 Observaciones del Anexo 3.1.*

| <b>Grupo</b> | <b>FPP</b>   | <b>PF</b>     | <b>DE</b>    | <b>EP</b>    | <b>Rto</b>  | <b>CJ</b>    | <b>Bx</b>   | <b>AC</b>   |
|--------------|--------------|---------------|--------------|--------------|-------------|--------------|-------------|-------------|
| 1            | 45,84        | 131,79        | 50,76        | 65,53        | 8,52        | 35,63        | 9,27        | 2,07        |
| 2            | 43,89        | 145,79        | 53,41        | 69,14        | 9,26        | 37,18        | 9,06        | 2,08        |
| 3            | 43,44        | 125,61        | 49,97        | 64,74        | 8,10        | 36,60        | 9,10        | 2,00        |
| 4            | 47,56        | 124,34        | 52,20        | 67,44        | 9,43        | 37,24        | 9,94        | 2,12        |
| 5            | 39,54        | 149,39        | 52,96        | 67,76        | 8,47        | 33,62        | 9,49        | 2,00        |
| 6            | 41,87        | 133,94        | 53,51        | 68,95        | 8,78        | 38,66        | 9,44        | 2,11        |
| 7            | 47,01        | 134,83        | 52,17        | 67,05        | 9,13        | 35,70        | 9,41        | 2,02        |
| 8            | 45,88        | 145,31        | 52,31        | 65,54        | 8,98        | 36,38        | 9,47        | 2,12        |
| <b>Media</b> | <b>44,38</b> | <b>136,38</b> | <b>52,16</b> | <b>67,02</b> | <b>8,83</b> | <b>36,38</b> | <b>9,40</b> | <b>2,06</b> |
| <b>DE</b>    | <b>2,73</b>  | <b>9,47</b>   | <b>1,24</b>  | <b>1,63</b>  | <b>0,45</b> | <b>1,48</b>  | <b>0,28</b> | <b>0,05</b> |

De la Tabla 3.3, se obtienen las desviaciones la SPC, la Covarianza y el coeficiente de correlación (Tabla 3.3.1).

**Tabla 3.3.1**

Desviaciones la SPC, la Covarianza y el Coeficiente de Correlación.

| Desviaciones y PC                            | Suma   |        |   |   |         |                |
|----------------------------------------------|--------|--------|---|---|---------|----------------|
| $DE - \overline{DE}$                         | -1,40  | 1,25   | . | . | 0,00    | 0,15           |
| $EP - \overline{EP}$                         | -1,48  | 2,12   | . | . | 0,04    | -1,48          |
| $(DE - \overline{DE})(EP - \overline{EP})$   | 2,09   | 2,65   | . | . | 0,00    | -0,22          |
| $Cov(DE, EP)$                                |        |        |   |   |         | 1,82           |
| $r_{DE-EP}$                                  |        |        |   |   |         | <b>0,90*</b>   |
| $PF - \overline{PF}$                         | -4,59  | 9,41   | . | . | -1,55   | 8,94           |
| $FPP - \overline{FPP}$                       | 1,46   | -0,49  | . | . | 2,64    | 1,50           |
| $(PF - \overline{PF})(FPP - \overline{FPP})$ | -6,70  | -4,62  | . | . | -4,08   | 13,42          |
| $Cov(PF, FPP)$                               |        |        |   |   |         | -12,44         |
| $r_{PF-FPP}$                                 |        |        |   |   |         | <b>-0,48ns</b> |
| $AC - \overline{AC}$                         | 0,01   | 0,01   | . | . | -0,05   | 0,06           |
| $SST - \overline{SST}$                       | -0,13  | -0,34  | . | . | 0,01    | 0,07           |
| $(AC - \overline{AC})(SST - \overline{SST})$ | -0,001 | -0,005 | . | . | -0,0004 | 0,004          |
| $Cov(AC, SST)$                               |        |        |   |   |         | 0,007          |
| $r_{AC-SST}$                                 |        |        |   |   |         | <b>0,48ns</b>  |

El  $r$  teórico con un  $\alpha = 0,05$  y 6 GL es igual a 0,622, mientras que con 79 GL es igual a 0,184 (<https://www.uv.es/meliaj/Docencia/Tablas/TablaR.PDF>), por lo tanto, todos los valores de  $r$  con base en 81 observaciones son significativos; en cambio, con los ocho grupos solo la relación entre DE y EP es significativa y de alta magnitud.

### Propiedades de la Covarianza

$Cov(X, Z)$ , si  $X = Z \Rightarrow Cov(X, X) = \sigma_X^2$

$$\text{Si } X = Z \Rightarrow Cov(X, Z) = \frac{\sum (X - \bar{X})(Z - \bar{Z})}{n - 1} = \frac{\sum (X - \bar{X})(X - \bar{X})}{n - 1} = \frac{\sum (X - \bar{X})^2}{n - 1} = S_X^2$$

$$Cov(X + Y, Z) = Cov(X, Z) + Cov(Y, Z)$$

$$Cov(kY, Z) = kCov(Y, Z)$$

$$\frac{E(x - \mu_x)(y - \mu_y)}{N} = \sigma_{xy}$$

$$\frac{E(x - \mu_x)(y - \mu_y)}{n - 1} = S_{xy}$$

$\sigma_{xy}$  es la covarianza de X, Y en la población (parámetro)

$S_{xy}$  es la covarianza de X, Y en la muestra y es un estimador del parámetro  $Cov(X, Y)$ .

Ahora, sea  $V$  la matriz de varianzas-covarianzas en la población de la forma:

$$V = \begin{pmatrix} \sigma_1^2 & \sigma_{12} & \sigma_{13} \\ \sigma_{21} & \sigma_2^2 & \sigma_{23} \\ \sigma_{31} & \sigma_{32} & \sigma_3^2 \end{pmatrix}$$

Sea  $S$  la matriz de varianzas-covarianzas (valores desviados) en la muestra:

$$S = \begin{pmatrix} S_1^2 & S_{12} & S_{13} \\ S_{21} & S_2^2 & S_{23} \\ S_{31} & S_{32} & S_3^2 \end{pmatrix}$$

Sea  $R$  la matriz de correlaciones (valores normados):

$$R = \begin{pmatrix} 1 & r_{12} & r_{13} \\ r_{21} & 1 & r_{23} \\ r_{31} & r_{32} & 1 \end{pmatrix}$$

Ahora, se explica los pasos de cómo obtener las matrices  $S$  y  $R$ ;

A partir de la matriz original, se obtiene la matriz de desvíos  $X$ , dada por los  $(X_i - \bar{X})$

|       |        |       |       |       |       |       |       |
|-------|--------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| 1,46  | -4,59  | -1,41 | -1,48 | -0,31 | -0,74 | -0,13 | 0,01  |
| -0,49 | 9,41   | 1,25  | 2,12  | 0,42  | 0,81  | -0,34 | 0,01  |
| -0,94 | -10,76 | -2,19 | -2,28 | -0,74 | 0,22  | -0,30 | -0,07 |
| 3,18  | -12,03 | 0,04  | 0,42  | 0,60  | 0,86  | 0,55  | 0,06  |
| -4,84 | 13,02  | 0,80  | 0,74  | -0,36 | -2,76 | 0,09  | -0,07 |
| -2,51 | -2,43  | 1,35  | 1,93  | -0,05 | 2,29  | 0,05  | 0,04  |
| 2,64  | -1,55  | 0,00  | 0,04  | 0,29  | -0,68 | 0,01  | -0,05 |
| 1,50  | 8,94   | 0,15  | -1,48 | 0,15  | 0,00  | 0,07  | 0,06  |

Ahora se obtiene la transpuesta de  $X$  ( $X^T$ ). Esta operación se hace fácilmente en Excel, con copiar, pegado especial, valores y trasponer, y se obtiene  $X^T$ :



|       |       |        |        |       |       |       |       |
|-------|-------|--------|--------|-------|-------|-------|-------|
| 1,46  | -0,49 | -0,94  | 3,18   | -4,84 | -2,51 | 2,64  | 1,50  |
| -4,59 | 9,41  | -10,76 | -12,03 | 13,02 | -2,43 | -1,55 | 8,94  |
| -1,41 | 1,25  | -2,19  | 0,04   | 0,80  | 1,35  | 0,00  | 0,15  |
| -1,48 | 2,12  | -2,28  | 0,42   | 0,74  | 1,93  | 0,04  | -1,48 |
| -0,31 | 0,42  | -0,74  | 0,60   | -0,36 | -0,05 | 0,29  | 0,15  |
| -0,74 | 0,81  | 0,22   | 0,86   | -2,76 | 2,29  | -0,68 | 0,00  |
| -0,13 | -0,34 | -0,30  | 0,55   | 0,09  | 0,05  | 0,01  | 0,07  |
| 0,01  | 0,01  | -0,07  | 0,06   | -0,07 | 0,04  | -0,05 | 0,06  |

Luego se obtiene la matriz  $S$  ( $S = X^T X$ ). Con la herramienta MMULT, se marca el rango de salida donde se colocará  $S$  de tamaño 8x8 (ocho variables), se da MMULT, se marca la matriz 1 ( $X^T$ ), luego la matriz 2 ( $X$ ) y luego Crtl+Shift y enter, y se observa  $S$ :

|        |        |       |        |      |        |       |       |
|--------|--------|-------|--------|------|--------|-------|-------|
| 52,32  | -87,10 | -7,53 | -10,27 | 4,80 | 6,87   | 1,55  | 0,44  |
| -87,10 | 627,92 | 49,80 | 37,86  | 2,46 | -42,16 | -4,16 | -0,29 |
| -7,53  | 49,80  | 10,82 | 12,72  | 2,27 | 2,47   | 0,59  | 0,17  |
| -10,27 | 37,86  | 12,72 | 18,53  | 2,72 | 5,01   | 0,45  | 0,14  |
| 4,80   | 2,46   | 2,27  | 2,72   | 1,42 | 1,60   | 0,42  | 0,11  |
| 6,87   | -42,16 | 2,47  | 5,01   | 1,60 | 15,28  | 0,07  | 0,36  |
| 1,55   | -4,16  | 0,59  | 0,45   | 0,42 | 0,07   | 0,54  | 0,05  |
| 0,44   | -0,29  | 0,17  | 0,14   | 0,11 | 0,36   | 0,05  | 0,02  |

De la matriz anterior se obtiene la matriz de varianzas-covarianzas con los valores desviados, al dividir cada elemento sobre  $n-1$ ,  $\Rightarrow S = (X^T X) / n - 1$ :

|             |              |             |             |             |             |             |              |
|-------------|--------------|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|--------------|
| <b>7,47</b> | -12,44       | -1,08       | -1,47       | 0,69        | 0,98        | 0,22        | 0,06         |
| -12,44      | <b>89,70</b> | 7,11        | 5,41        | 0,35        | -6,02       | -0,59       | -0,04        |
| -1,08       | 7,11         | <b>1,55</b> | 1,82        | 0,32        | 0,35        | 0,08        | 0,02         |
| -1,47       | 5,41         | 1,82        | <b>2,65</b> | 0,39        | 0,72        | 0,06        | 0,02         |
| 0,69        | 0,35         | 0,32        | 0,39        | <b>0,20</b> | 0,23        | 0,06        | 0,02         |
| 0,98        | -6,02        | 0,35        | 0,72        | 0,23        | <b>2,18</b> | 0,01        | 0,05         |
| 0,22        | -0,59        | 0,08        | 0,06        | 0,06        | 0,01        | <b>0,08</b> | 0,01         |
| 0,06        | -0,04        | 0,02        | 0,02        | 0,02        | 0,05        | 0,01        | <b>0,003</b> |

En la diagonal principal de  $S$ , se observan las varianzas (en negrilla y cursivas) de cada una de las ocho variables, de las cuales se obtienen las desviaciones estándar ( $S_i = \sqrt{S^2}$ ), así:

| Variable | FPP  | PF    | DE   | EP   | Rto  | CJ   | Bx   | AC    |
|----------|------|-------|------|------|------|------|------|-------|
| Varianza | 7,47 | 89,70 | 1,55 | 2,65 | 0,20 | 2,18 | 0,08 | 0,003 |
| $S_i$    | 2,73 | 9,47  | 1,24 | 1,63 | 0,45 | 1,48 | 0,28 | 0,05  |

Finalmente, se obtiene la matriz de correlaciones de valores normados, donde se le da el mismo peso a todas las variables. En este caso, cada elemento de la matriz  $S$  se divide entre el producto de las desviaciones estándar de los elementos fila-columna que componen la celda del elemento:

$$R = \begin{pmatrix} \frac{S_1^2}{S_1 S_1} & \frac{S_{12}}{S_1 S_2} & \frac{S_{13}}{S_1 S_3} \\ \frac{S_{21}}{S_2 S_1} & \frac{S_2^2}{S_2 S_2} & \frac{S_{23}}{S_2 S_3} \\ \frac{S_{31}}{S_3 S_1} & \frac{S_{32}}{S_3 S_2} & \frac{S_3^2}{S_3 S_3} \end{pmatrix}$$

De esta forma, se obtiene la matriz de correlaciones lineales entre las ocho variables involucradas:

| Variables  | FPP   | PF    | DE          | EP          | Rto         | CJ          | Bx    | AC          |
|------------|-------|-------|-------------|-------------|-------------|-------------|-------|-------------|
| <b>FPP</b> | 1,00  | -0,48 | -0,32       | -0,33       | 0,56        | 0,24        | 0,29  | 0,43        |
| <b>PF</b>  | -0,48 | 1,00  | 0,60        | 0,35        | 0,08        | -0,43       | -0,23 | -0,08       |
| <b>DE</b>  | -0,32 | 0,60  | 1,00        | <b>0,90</b> | 0,58        | 0,19        | 0,25  | 0,36        |
| <b>EP</b>  | -0,33 | 0,35  | <b>0,90</b> | 1,00        | 0,53        | 0,30        | 0,14  | 0,23        |
| <b>Rto</b> | 0,56  | 0,08  | 0,58        | 0,53        | 1,00        | 0,34        | 0,48  | <b>0,63</b> |
| <b>CJ</b>  | 0,24  | -0,43 | 0,19        | 0,30        | 0,34        | 1,00        | 0,03  | <b>0,65</b> |
| <b>Bx</b>  | 0,29  | -0,23 | 0,25        | 0,14        | 0,48        | 0,03        | 1,00  | 0,44        |
| <b>AC</b>  | 0,43  | -0,08 | 0,36        | 0,23        | <b>0,63</b> | <b>0,65</b> | 0,44  | 1,00        |

El  $r$  teórico con un  $\alpha = 0,05$  y 6  $GL$  es igual a 0,622, por lo tanto, solo se observan correlaciones alta y positivas entre DE y EP del fruto, entre el AC y el CJ, y entre el RTO y el AC, aunque hay decir que el AC, no es considerado como un componente del rendimiento.

## Correlaciones Parciales

La correlación parcial mide el grado de interrelación de dos variables bajo el control del resto. También se define como la correlación entre dos residuales después de realizar la regresión sobre las variables controlables.

Si se hace la regresión del Rto en función del PF, dejando de lado el número de FPP, se puede plantear que:

$$Rto = \beta_0 + \beta_1 PF + E_1 \quad (1)$$

$$FPP = \beta_0 + \beta_1 PF + E_2 \quad (2)$$

De (1) y (2), se pueden obtener los residuales E1 y E2 y obtener la correlación E1 vs E2, que es la correlación parcial del Rto vs PF sin tener en cuenta el efecto de los FPP,

$$E_1 = Rto - \beta_0 - \beta_1 PF$$

$$E_2 = FPP - \beta_0 - \beta_1 PF$$

$$\Rightarrow r_{E_1-E_2} = r_{Rto-PF/FPP}$$

Ahora, las hipótesis son:

Ho:  $r_{ij}/\text{resto} = 0$

Ha:  $r_{ij}/\text{resto} \neq 0$

Para probar la hipótesis se utiliza el siguiente estadístico:

$$r_{X_1 X_2 / X_3} = \frac{r_{X_1 X_2} - r_{X_1 X_3} r_{X_2 X_3}}{\sqrt{(1 - r_{X_1 X_3}^2)(1 - r_{X_2 X_3}^2)}}$$

El error estándar de  $r_{X_1 X_2 / X_3}$  es igual a:

$$Sr_{X_1 X_2 / X_3} = \sqrt{\frac{1 - r_{X_1 X_2 / X_3}^2}{n - 3}}$$

Para probar la Ho se utiliza la prueba de t (tc):

$$tc = \frac{r_{X_1 X_2 / X_3} \sqrt{n - 3}}{\sqrt{1 - r_{X_1 X_2 / X_3}^2}}$$

La regla de decisión indica que si tc es menor que el t teórico (tt) a un nivel de significancia de  $\alpha / 2$  y n-3 grados de libertad, se acepta la Ho.

Ahora, se plantea el ejemplo numérico, por las dos formas de llegar a las correlaciones parciales. Primero se plantea las hipótesis:

Ho:  $r_{Rto-FPP/PF} = 0$

Ha:  $r_{Rto-FPP/PF} \neq 0$

Las correlaciones involucradas en la hipótesis son:

$r_{Rto-FPP} = 0,56$

$r_{Rto-PF} = 0,08$

$r_{FPP-PF} = -0,48$

$$r_{Rto-FPP/PF} = \frac{r_{Rto-FPP} - r_{Rto-PF} r_{FPP-PF}}{\sqrt{(1 - r_{Rto-PF}^2)(1 - r_{FPP-PF}^2)}} = \frac{0,56 - 0,08 \times (-0,48)}{\sqrt{(0,994)(0,770)}} = 0,68$$

$$tc = \frac{r_{Rto-FPP/PF} \sqrt{n-3}}{\sqrt{1 - r_{Rto-FPP/PF}^2}} = \frac{0,684 \times \sqrt{8-3}}{\sqrt{1 - (0,68)^2}} = 2,10$$

### Regla de Decisión

El  $t_t$  con 5 GL y  $\alpha/2 = 0,025$  es 3,163. El  $tc$  es menor que el  $tt$ , por lo tanto, se acepta la Ho, y se concluye que no existe algún grado de interrelación entre el Rto y el número de FPP.

Ahora bien, el mismo valor de la correlación parcial se obtiene mediante la correlación de los residuos de las ecuaciones (1) y (2). Para ello, se obtienen las sumas de cuadrado y las SPC, de las variables así:

| Obs         | $(FPP - \overline{FPP})$ | $(PF - \overline{PF})$ | $(Rto - \overline{Rto})$ | $(PF - \overline{PF})^2$ | PC1         | PC2           |
|-------------|--------------------------|------------------------|--------------------------|--------------------------|-------------|---------------|
| 1           | 1,46                     | -4,59                  | -0,31                    | 21,03                    | 1,44        | -6,70         |
| 2           | -0,49                    | 9,41                   | 0,42                     | 88,56                    | 3,99        | -4,62         |
| 3           | -0,94                    | -10,76                 | -0,74                    | 115,87                   | 7,92        | 10,10         |
| 4           | 3,18                     | -12,03                 | 0,60                     | 144,82                   | -7,19       | -38,32        |
| 5           | -4,84                    | 13,02                  | -0,36                    | 169,47                   | -4,70       | -63,00        |
| 6           | -2,51                    | -2,43                  | -0,05                    | 5,91                     | 0,13        | 6,11          |
| 7           | 2,64                     | -1,55                  | 0,29                     | 2,40                     | -0,46       | -4,08         |
| 8           | 1,50                     | 8,94                   | 0,15                     | 79,87                    | 1,32        | 13,42         |
| <b>Suma</b> | <b>0,00</b>              | <b>0,00</b>            | <b>0,00</b>              | <b>627,92</b>            | <b>2,46</b> | <b>-87,10</b> |

Nota. PC= productos cruzados,  $PC1 = (PF - \overline{PF})(Rto - \overline{Rto})$ ;  $PC2 = (PF - \overline{PF})(FPP - \overline{FPP})$

Los valores de los parámetros  $\beta_0$  y  $\beta_1$  para las ecuaciones (1) y (2) se consiguen por el sistema de mínimos cuadrados, que se describe en seguida. Si  $Y = \beta_0 + \beta_1 X + E_i \Rightarrow E_i = Y - \beta_0 - \beta_1 X$ . En términos de sumatoria y elevando al cuadrado los dos términos, se tiene que  $\sum E_i^2 = \sum (Y - \beta_0 - \beta_1 X)^2$ , por lo tanto,  $\sum E_i^2 = f(\beta_0, \beta_1)$ . Si se deriva  $\sum E_i^2$  en función de  $\beta_0$  y  $\beta_1$ , se tiene:

$$\frac{d \sum E_i^2}{\beta_0} = 2 \sum (Y - \beta_0 - \beta_1 X)(-1)$$

$$0 = -2 \sum (Y - \hat{\beta}_0 - \hat{\beta}_1 X); \beta_0 = \hat{\beta}_0 \wedge \beta_1 = \hat{\beta}_1$$

$$\Rightarrow \sum Y - \sum \hat{\beta}_0 - \sum \hat{\beta}_1 X = 0 \Rightarrow \frac{n\bar{Y}}{n} - \frac{n\hat{\beta}_0}{n} - \frac{\hat{\beta}_1 n\bar{X}}{n} = 0 \Rightarrow \bar{Y} - \hat{\beta}_0 - \hat{\beta}_1 \bar{X} \therefore \hat{\beta}_0 = \bar{Y} - \hat{\beta}_1 \bar{X}$$

Por lo tanto:

$$\hat{Y} = \frac{\hat{\mu}_Y}{X} = \hat{\beta}_0 + \hat{\beta}_1 \bar{X}$$

Por otro lado, se tiene que:

$$\begin{aligned} \frac{d \sum E_i^2}{\beta_1} &= 2 \sum (Y - \beta_0 - \beta_1 X)(-X) \Rightarrow 0 = -2 \sum (XY - \hat{\beta}_0 X - \hat{\beta}_1 X^2) \\ &\Rightarrow \sum XY - \hat{\beta}_0 \sum X - \hat{\beta}_1 \sum X^2 = 0 \Rightarrow \sum XY - (\bar{Y} - \hat{\beta}_1 \bar{X})n\bar{X} - \hat{\beta}_1 \sum X^2 = 0 \end{aligned}$$

$$\Rightarrow \sum XY - n\bar{X}\bar{Y} + \hat{\beta}_1 n\bar{X}^2 - \hat{\beta}_1 \sum X^2 = 0 \therefore \hat{\beta}_1 n\bar{X}^2 - \hat{\beta}_1 \sum X^2 = \sum XY - n\bar{X}\bar{Y}$$

$$\hat{\beta}_1 [\sum X^2 - n\bar{X}^2] = \sum XY - n\bar{X}\bar{Y} \Rightarrow$$

$$\hat{\beta}_1 = \frac{\sum XY - n\bar{X}\bar{Y}}{\sum X^2 - n\bar{X}^2} = \frac{\sum (X_i - \bar{X})(Y_i - \bar{Y})}{\sum (X_i - \bar{X})^2}$$

Ahora se retoman los cálculos de  $\beta_0$  y  $\beta_1$ , para las ecuaciones (1) y (2):

$$Rto = \beta_{0.1} + \beta_{1.1}PF + E_1 \quad (1)$$

$$\hat{\beta}_{1.1} = \frac{\sum (PF_i - \overline{PF})(Rto_i - \overline{Rto})}{\sum (PF_i - \overline{PF})^2} = \frac{PC1}{\sum (PF_i - \overline{PF})^2} = \frac{2,46}{627,92} = \mathbf{0,004}$$

$$\beta_{0.1} = \overline{Rto} - \beta_{1.1}\overline{PF} - E_1 = 8,83 - 0,004 \times 136,38 = \mathbf{8,30}$$

Luego, los estimados de Rto se calculan mediante la ecuación:  $Rto = 8,30 + 0,004PF$

$$FPP = \beta_{0.1} + \beta_{1.2}PF + E_2 \quad (2)$$

$$\hat{\beta}_{1.2} = \frac{\sum (PF_i - \overline{PF})(FPP_i - \overline{FPP})}{\sum (PF_i - \overline{PF})^2} = \frac{PC2}{\sum (PF_i - \overline{PF})^2} = \frac{-87,10}{627,92} = \mathbf{-0,139}$$

$$\beta_{0.1} = \overline{FPP} - \beta_{1.2}\overline{PF} - E_1 = 44,38 - (-0,139) \times 136,38 = \mathbf{63,296}$$

Los estimados de FPP se calculan con la ecuación:

$$FPP = 63,296 - 0,139P$$

A continuación, se muestran los valores estimados de  $Rto$  ( $\widehat{Rto}$ ) y de  $FPP$  ( $\widehat{FPP}$ ):

| Obs          | $\widehat{Rto}$ | $\widehat{FPP}$ | $Re_1$<br>$Rto_i - \widehat{Rto}$ | $Re_2$<br>$FPP_i - \widehat{FPP}$ | $(Re_1 - \mu Re_1)^2$             | $(Re_2 - \mu Re_2)^2$              | $(Re_1 \times Re_2)$              |
|--------------|-----------------|-----------------|-----------------------------------|-----------------------------------|-----------------------------------|------------------------------------|-----------------------------------|
| 1            | 8,81            | 45,02           | -0,30                             | 0,82                              | 0,09                              | 0,68                               | -0,24                             |
| 2            | 8,87            | 43,07           | 0,39                              | 0,81                              | 0,15                              | 0,66                               | 0,32                              |
| 3            | 8,79            | 45,87           | -0,69                             | -2,43                             | 0,48                              | 5,91                               | 1,69                              |
| 4            | 8,79            | 46,05           | 0,64                              | 1,51                              | 0,42                              | 2,30                               | 0,98                              |
| 5            | 8,88            | 42,57           | -0,41                             | -3,03                             | 0,17                              | 9,21                               | 1,25                              |
| 6            | 8,82            | 44,72           | -0,04                             | -2,85                             | 0,00                              | 8,12                               | 0,12                              |
| 7            | 8,83            | 44,59           | 0,30                              | 2,42                              | 0,09                              | 5,86                               | 0,73                              |
| 8            | 8,87            | 43,14           | 0,11                              | 2,74                              | 0,01                              | 7,51                               | 0,31                              |
| <b>Media</b> | <b>8,83</b>     | <b>44,38</b>    | <b>0,00</b>                       | <b>0,00</b>                       | <b><math>\Sigma = 1,41</math></b> | <b><math>\Sigma = 40,24</math></b> | <b><math>\Sigma = 5,14</math></b> |

Nota.  $(Y_i - \widehat{Y}_i) = Re = \text{residuales}$ ,  $\mu Re_1 = 0,00$ ,  $\mu Re_2 = 0,00$ ,  $\mu = \text{media}$ . Los  $Rto_i$  y  $FPP_i$  se observan en la Tabla 3.3.

$$r_{Re_1-Re_2} = r_{Rto-FPP} / PF = \frac{(Re_1 \times Re_2)}{\sqrt{\Sigma (Re_1 - \mu Re_1)^2 \Sigma (Re_2 - \mu Re_2)^2}} = \frac{5,14}{\sqrt{1,41 \times 40,24}} = 0,68$$

Stell & Torrie (1988) plantean que las correlaciones se obtienen a partir de la matriz simétrica de las correlaciones lineales entre k variables, la cual será la matriz R, que está dada por:

$$R = \begin{pmatrix} 1 & r_{12} & r_{13} \\ r_{21} & 1 & r_{23} \\ r_{31} & r_{32} & 1 \end{pmatrix}$$

A partir de R se puede calcular la inversa de R ( $R^{-1}$ ), que se plantea como:

$$R^{-1} = C = \begin{pmatrix} C_{11} & C_{12} & C_{13} \\ C_{21} & C_{22} & C_{23} \\ C_{31} & C_{32} & C_{33} \end{pmatrix}$$

Los elementos de C se pueden reemplazar por los menores y cofactores de R, así:

$$M_{11} = \begin{vmatrix} x & x & x \\ x & 1 & r_{23} \\ x & r_{32} & 1 \end{vmatrix} = \begin{vmatrix} 1 & r_{23} \\ r_{32} & 1 \end{vmatrix} = 1 - r_{23}^2; C_{11} = +(1 - r_{23}^2) = 1 - r_{23}^2$$

$$M_{12} = \begin{pmatrix} x & x & x \\ r_{21} & x & r_{23} \\ r_{31} & x & 1 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} r_{21} & r_{23} \\ r_{31} & 1 \end{pmatrix} = r_{21} - (r_{21} \times r_{23}) = ; C_{12} = -(r_{21} - (r_{21} \times r_{23})) \\ = -r_{21} + r_{31} \times r_{23}$$

$$M_{13} = \begin{pmatrix} x & x & x \\ r_{21} & 1 & x \\ r_{31} & r_{32} & x \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} r_{21} & 1 \\ r_{31} & r_{32} \end{pmatrix} = (r_{21} \times r_{32}) - (r_{31} \times 1); C_{13} = +((r_{21} \times r_{32}) - r_{31}) \\ = -r_{31} + r_{21} \times r_{32}$$

$$M_{21} = \begin{pmatrix} x & r_{12} & r_{13} \\ x & x & x \\ x & r_{32} & 1 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} r_{12} & r_{13} \\ r_{32} & 1 \end{pmatrix} = r_{12} - (r_{32} \times r_{13}); C_{21} = -(r_{12} - (r_{32} \times r_{13})) \\ = -r_{12} + r_{32} \times r_{13}$$

$$M_{22} = \begin{pmatrix} 1 & x & r_{13} \\ x & x & x \\ r_{31} & x & 1 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1 & r_{13} \\ r_{31} & 1 \end{pmatrix} = 1 - (r_{31} \times r_{13}); C_{22} = +(1 - r_{13}^2) = 1 - r_{13}^2$$

$$M_{23} = \begin{pmatrix} 1 & r_{12} & x \\ x & x & x \\ r_{31} & r_{32} & x \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1 & r_{12} \\ r_{31} & r_{32} \end{pmatrix} = r_{32} - (r_{31} \times r_{12}); C_{23} = -(r_{32} - (r_{31} \times r_{12})) \\ = -r_{32} + r_{31} \times r_{12}$$

$$M_{31} = \begin{pmatrix} x & r_{12} & r_{13} \\ x & 1 & r_{23} \\ x & x & x \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} r_{12} & r_{13} \\ 1 & r_{23} \end{pmatrix} = (r_{12} \times r_{23}) - r_{13}; C_{31} = +((r_{12} \times r_{23}) - r_{13}) \\ = -r_{13} + r_{12} \times r_{23}$$

$$M_{32} = \begin{pmatrix} 1 & x & r_{13} \\ r_{21} & x & r_{23} \\ x & x & x \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1 & r_{13} \\ r_{21} & r_{23} \end{pmatrix} = r_{23} - (r_{21} \times r_{13}); C_{32} = -(r_{23} - (r_{21} \times r_{13})) \\ = -r_{23} + r_{21} \times r_{13}$$

$$M_{33} = \begin{pmatrix} 1 & r_{12} & x \\ r_{21} & 1 & x \\ x & x & x \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1 & r_{12} \\ r_{21} & 1 \end{pmatrix} = 1 - (r_{21} \times r_{12}); C_{33} = +(1 - (r_{21} \times r_{12})) \\ = 1 - r_{12}^2$$

Con base en los cálculos anteriores, la matriz de menores y cofactores se escribe de la siguiente manera:

$$C = \begin{pmatrix} 1 - r_{23}^2 & -r_{21} + r_{31} \times r_{23} & -r_{31} + r_{21} \times r_{32} \\ -r_{12} + r_{32} \times r_{13} & 1 - r_{13}^2 & -r_{32} + r_{31} \times r_{12} \\ -r_{13} + r_{12} \times r_{23} & -r_{23} + r_{21} \times r_{13} & 1 - r_{12}^2 \end{pmatrix}$$

La matriz de correlaciones para FPP, PF y Rto se obtienen de la matriz de correlaciones lineales antes calculada y es igual a:

| <i>Variables</i> | <i>FPP</i> | <i>PF</i> | <i>Rto</i> |
|------------------|------------|-----------|------------|
| <i>FPP</i>       | 1,00       | -0,48     | 0,56       |
| <i>PF</i>        | -0,48      | 1,00      | 0,08       |
| <i>Rto</i>       | 0,56       | 0,08      | 1,00       |

$$R = \begin{pmatrix} 1 & -0,48 & 0,56 \\ -0,48 & 1 & 0,08 \\ 0,56 & 0,08 & 1 \end{pmatrix}$$

De la matriz  $R$  se obtiene la matriz  $C$  o inversa que corresponde a la matriz de menores y cofactores, los cuales son: +M11, -M12, +M13, -M21, +M22, -M33, +M31, -M32 y +M33:

$$C = \begin{pmatrix} 0,993 & 0,526 & -0,597 \\ 0,526 & 0,689 & -0,350 \\ -0,597 & -0,350 & 0,769 \end{pmatrix}$$

De la matriz  $C$ , se obtienen las correlaciones parciales mediante la ecuación:

$$r_{ij/\text{resto}} = \frac{-C_{ij}}{\sqrt{C_{ii}C_{jj}}}$$

Por lo tanto:

$$r_{\text{Rto-FPP}/\text{PF}} = \frac{-C_{\text{Rto-FPP}}}{\sqrt{C_{\text{Rto}}C_{\text{FPP}}}} = \frac{-(-0,597)}{\sqrt{0,769 \times 0,993}} = 0,68$$

Para probar la  $H_0: r_{\text{Rto-FPP}/\text{PF}} = 0$ , se utiliza la prueba de  $t$ , donde  $t_c$  es igual a:

$$t_c = \frac{r\sqrt{n-k}}{\sqrt{1-r^2}} = \frac{r_{\text{Rto-FPP}/\text{PF}}\sqrt{n-3}}{\sqrt{1-r_{\text{to-FPP}/\text{P}}^2}} = \frac{0,68\sqrt{8-3}}{\sqrt{1-(0,68)^2}} = \frac{1,52}{0,73} = 2,10$$



## Correlación Múltiple

El coeficiente de correlación múltiple se denota por  $R_{y-1\ 2}$  y mide la relación de una variable respecto a un grupo de variables ( $Y$  vs  $X_1, X_2, X_k$ ) y está dado por la siguiente ecuación:

$$R_{y-1\ 2} = \sqrt{\frac{r_{y1}^2 + r_{y2}^2 - 2r_{y1}r_{y2}r_{12}}{1 - r_{12}^2}}$$

El coeficiente de determinación múltiple es igual a  $R_{y-1\ 2}^2$ .

Por otro lado,  $0 < R_{y-1\ 2} \leq 1$ . Cuando  $R_{y-1\ 2}$  se acerca a uno, más estrecha es la relación entre  $Y$  vs las variables 1 y 2, y, al contrario, cuando se acerca a cero menos fuerte es la relación.

Steel & Torrie (1988) sugieren varios caminos para calcular el coeficiente de correlación múltiple. Se asume que:

$$1 - R_{y-1..k}^2 = (1 - r_{y1}^2)(1 - r_{y2/1}^2) \dots (1 - r_{yk/k..k-1}^2)$$

Para tres variables sería igual a:

$$1 - R_{y-1\ 2}^2 = (1 - r_{y1}^2)(1 - r_{y2/1}^2)$$

También se tiene que:

$$R_{y-1..k}^2 = r_{y1}b_1' + r_{y2}b_2' + \dots + r_{yk}b_k'$$

Donde:

$$b_1' = b_1 \frac{S_1}{S_y} = \frac{r_{y1} - r_{y2}r_{12}}{1 - r_{12}^2}; \quad b_2' = b_2 \frac{S_2}{S_y} = \frac{r_{y2} - r_{y1}r_{12}}{1 - r_{12}^2}$$

Otra forma de calcular  $R_{y-1..k}$  es a través de:

$$R_{y-1..k} = \sqrt{\frac{\sum \hat{y}^2}{\sum y^2}}$$

$$\hat{y} = \hat{Y} - \bar{y} = b_1x_1 + b_2x_2 + \dots + b_kx_k$$

$$\Rightarrow \sum \hat{y}^2 = \sum (\hat{Y} - \bar{y})^2 = b_1 \sum x_1y + b_2 \sum x_2y + \dots + b_k \sum x_ky = R_{y-1\ 2..k}^2 \sum (Y - \bar{y})^2$$

$$R_{y-1..k} = \sqrt{\frac{b_1 \sum x_1 y + b_2 \sum x_2 y + \dots + b_k \sum x_k y}{\sum y^2}}$$

La correlación del Rto en función del FPP y PF en *Solanum betaceum*, se puede calcular mediante las expresiones anteriores.

$$1 - R_{Rto-FPP,PF}^2 = (1 - r_{Rto-PF}^2)(1 - r_{Rto-FPP/PF}^2) = (1 - (0,08)^2)(1 - (0,683)^2) = \mathbf{0,53}$$

$$R_{Rto-FPP,PF} = \sqrt{1 - R_{Rto-FPP,PF}^2} = \sqrt{1 - 0,53} = \mathbf{0,69}$$

$$b_1^{\wedge} = \frac{r_{Rto-PF} - r_{Rto-FPP}r_{PF-FPP}}{1 - r_{PF-FPP}^2} = \frac{0,08 - 0,56 \times (-0,48)}{1 - (-0,48)^2} = 0,45$$

$$b_2^{\wedge} = \frac{r_{Rto-FPP} - r_{Rto-PF}r_{PF-FPP}}{1 - r_{PF-FPP}^2} = \frac{0,56 - 0,08 \times (-0,48)}{1 - (-0,48)^2} = 0,78$$

$$R_{Rto-FPP,PF}^2 = r_{Rto-PF}b_1^{\wedge} + r_{Rto-FPP}b_2^{\wedge} = (0,08 \times 0,45) + (0,56 \times 0,78) = 0,47$$

$$R_{Rto-FPP,PF} = \sqrt{R_{Rto-FPP,PF}^2} = \sqrt{0,47} = \mathbf{0,69}$$

El último método se basa en el cálculo de los parámetros  $\hat{\beta}$  a partir de relaciones lineales de la forma  $Y_i = \beta_0 + \beta_1 X_{1i} + \beta_2 X_{2i} + E_i$ . En términos matriciales, se tiene el vector Y, la matriz de las X y el vector de los errores, cuya expresión es igual a:  $Y = XB + E$ , donde B son los parámetros del intercepto y los coeficientes de regresión ( $\beta_1$  y  $\beta_2$ ). Para el caso de las tres variables consideradas en este acápite, el sistema sería igual a:

$$\begin{pmatrix} Y_1 \\ Y_2 \\ \vdots \\ Y_8 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1 & X_{11} & X_{21} \\ 1 & X_{12} & X_{22} \\ \vdots & \vdots & \vdots \\ 1 & X_{18} & X_{28} \end{pmatrix} \times \begin{pmatrix} \beta_0 \\ \beta_1 \\ \beta_2 \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} E_1 \\ E_2 \\ \vdots \\ E_8 \end{pmatrix}$$

Ahora  $E(Y) = E(XB) + E(E)$ , donde E es la esperanza o valor esperado. Así:  $E(Y) = \mu_{Y/X_1 \dots X_k} + 0 \Rightarrow E(Y) = E(XB)$ . Al despejar B de  $Y = XB$ , se obtiene el vector de parámetros mediante la ecuación  $\hat{\beta} = (X^T X)^{-1} X^T Y$ , por lo tanto,  $\beta_0 = 0,208$ ,  $\beta_1 = 0,022$  y  $\beta_2 = 0,128$ .

$$\sum (Rto_i - \overline{Rto})^2 = 1,42$$

$$\sum (PF - \overline{PF})(Rto_i - \overline{Rto}) = 2,46$$

$$\sum (FPP - \overline{FPP})(Rto_i - \overline{Rto}) = 4,80$$

$$R_{y-12} = \sqrt{\frac{b_1 \sum x_1 y + b_2 \sum x_2 y}{\sum y^2}}$$

$$\Rightarrow R_{Rto-FPP,PF} = \sqrt{\frac{b_1 \sum (PF - \overline{PF})(Rto_i - \overline{Rto}) + b_2 \sum (FPP - \overline{FPP})(Rto_i - \overline{Rto})}{\sum (Rto_i - \overline{Rto})^2}}$$

$$R_{Rto-FPP,PF} = \sqrt{\frac{(0,022 \times 2,46)(0,128 \times 4,80)}{1,42}} = 0,69$$

La variación del rendimiento (Rto) de los 81 genotipos de *Solanum betaceum* evaluados en el municipio de Pasto, está explicada por la relación lineal del número de frutos por planta (FPP) y del peso de fruto (FP) en un 47% ( $R_{Rto-FPP,PF}^2 = 0,47$ ). El grado de esa relación es mayor que cero y es moderado ( $R_{Rto-FPP,PF} = 0,69$ ). Sin embargo, hay que establecer la prueba de significancia para los coeficientes de correlación y regresión múltiple. La hipótesis nula es que los coeficientes de correlación o regresión son iguales a cero. En este caso, el Análisis de Varianza (ANDEVA) para la regresión múltiple para las variables PF, FPP y Rto se muestra en la Tabla 3.4.

**Tabla 3.4**

*Estructura del ANDEVA Para la Regresión Múltiple.*

| <i>FV</i>               | <i>GL</i>   | <i>SC</i>                                                                                                                                                                           |
|-------------------------|-------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Regresión (r)           | p-1 = k     | $\begin{aligned} \sum (\hat{Y} - \bar{y})^2 &= \mathbb{B}^T X^T Y - n\bar{Y}^2 \\ &= b_1 \sum X_1 y + \dots + b_k \sum X_k y \\ &= R_{y-1..k}^2 \sum (Y - \bar{y})^2 \end{aligned}$ |
| Desvíos de la regresión | n-p = n-k-1 | $SCT - SCr = (1 - R_{y-1..k}^2) \sum (Y - \bar{y})^2$                                                                                                                               |
| Total (T)               | n-1         | $Y^T Y - n\bar{y}^2 = \sum (Y - \bar{y})^2 = \sum Y_i^2 - \frac{(\sum Y_i)^2}{n}$                                                                                                   |

Nota. p = parámetros, k = número de variables.

### Hipótesis

$$H_0: \beta_1 = \beta_2 = \dots = \beta_p$$

$$H_a: \hat{\beta}_i \neq 0, \text{ con } i: 1, 2, \dots, p$$

Los cálculos para probar la hipótesis a través del ANDEVA (Tabla 3.5) de la regresión múltiple del Rto en función de los FPP y el PF en *S. betaceum* son los siguientes:

**Grados de Libertad (GL)**

$$GLr = k = 2, \text{ o } p-1 = 3-1 = 2$$

$$GLd = n-p = 8 - 3 = 5, \text{ o } 8 - 2 - 1 = 5$$

$$GLT = n - 1 = 8 - 1 = 7$$

**Suma de Cuadrados (SC)**

$$SCr = R_{Rto-FPP,PF}^2 \sum (Rto - \overline{Rto})^2 = 0,47 \times 1,42 = \mathbf{0,667}$$

$$SCd = (1 - R_{Rto-FPP,PF}^2) \sum (Rto - \overline{Rto})^2 = (1 - 0,47) \times 1,42 = \mathbf{0,752}$$

$$SCT = \sum (Rto - \overline{Rto})^2 = \mathbf{1,419}$$

**Cuadrados Medios (CM)**

$$CMr = \frac{SCr}{GLr} = \frac{0,667}{2} = \mathbf{0,334}$$

$$CMd = \frac{SCd}{GLd} = \frac{0,752}{5} = \mathbf{0,151}$$

**F Calculado**

$$Fc = \frac{CMr}{CMd} = \frac{0,334}{0,151} = \mathbf{2,217}$$

**Regla de decisión**

Dado que el Fc es menor que el F teórico (5,786) a un  $\alpha = 0,05$  con 2 y 5 GL, se acepta la hipótesis nula ( $\beta_1 = \beta_2 = 0$ ). El modelo no es significativo y no explica la relación lineal entre el Rto y las variables regresoras o explicativas, que en este caso son el número de FPP y el PF.

**Tabla 3.5**

*ANDEVA de la Regresión Múltiple del Rto en Función de los FPP y el PF en *S. betaceum*.*

| <i>FV</i>                   | <i>GL</i> | <i>SC</i> | <i>CM</i> | <i>Fc</i> |
|-----------------------------|-----------|-----------|-----------|-----------|
| Regresión (r)               | 2         | 0,667     | 0,334     | 2,217     |
| Desvíos de la regresión (d) | 5         | 0,752     | 0,151     |           |
| Total (T)                   | 7         | 1,419     |           |           |

Ahora bien, a partir del ANDEVA, se puede calcular el coeficiente de correlación múltiple, mediante  $\sqrt{R^2}$ .

$$R^2 = \frac{\mathbb{B}^T X^T Y - n\bar{Y}^2}{Y^T Y - n\bar{Y}^2} = \frac{\sum (\hat{Y} - \bar{y})^2}{\sum (Y - \bar{y})^2} = \frac{SCr}{SCT} = \frac{0,667}{1,419} = \mathbf{0,47}$$

También se puede obtener por:

$$R^2 = 1 - \frac{SCd}{SCT} = 1 - \frac{0,752}{1,419} = \mathbf{0,47}$$

El  $R^2$  ajustado ( $R^2_{aj}$ ) indica el grado de intensidad o efectividad que tienen las variables regresoras o independientes en explicar la variable dependiente (Rto). Este se calcula mediante la fórmula:

$$R^2_{aj} = 1 - \left[ \frac{n-1}{n-k-1} \right] \times (1 - R^2) = 1 - \left[ \frac{8-1}{8-2-1} \right] \times (1 - 0,47) = \mathbf{0,258}$$

El coeficiente de correlación múltiple es igual a:

$$R = \sqrt{R^2} = \sqrt{0,47} = \mathbf{0,69}$$

La regresión o el grado de explicación de la variación del Rto debido a otras variables, conocido como factor de inflación de la varianza (Iv), se da por:

$$Iv = \frac{1}{1 - R^2} = \frac{1}{1 - 0,47} = 1,89$$

Si este valor es mayor a 10, existen problemas de multicolinealidad o ésta es muy alta.

Para determinar si una variable, en este caso FPP, explica la variabilidad del Rto que no está dada por el PF, se fragmenta la SCr en dos partes:

La debida solo a FPP, así:

$$M1 = r^2_{Rto-FPP} \sum (Y - \bar{y})^2 = ((0,56)^2 \times 1,42 = 0,45, \text{ con 1 GL}$$

La reducción de la SCr debido al PF, es igual a:

$$M2 = [R_{Rto-FPP,PF}^2 \Sigma (Rto - \overline{Rto})^2] - [r_{Rto-FPP}^2 \Sigma (Y - \bar{y})^2] \\ = 0,67 - 0,45 = 0,22 \text{ con 1 GL}$$

La prueba de significancia para estos dos modelos es:

$$F = \frac{CM_{M2}}{CMd} = \frac{0,22}{0,15} = 1,48$$

Este F es menor que el F teórico (6,608) a un  $\alpha = 0,05$  con 1 y 5 GL, lo cual confirma lo encontrado con las correlaciones lineales y parciales. El modelo de regresión lineal del Rto en función del PF y FPP no es significativo, es decir, que el Rto no se explica con base en la función lineal del número del PF y FPP.

La matriz X (PF, FPP) corresponde a:

$$X = \begin{pmatrix} 1 & 131,79 & 45,84 \\ 1 & 145,79 & 43,89 \\ 1 & 125,61 & 43,44 \\ 1 & 124,34 & 47,56 \\ 1 & 149,39 & 39,54 \\ 1 & 133,94 & 41,87 \\ 1 & 134,83 & 47,01 \\ 1 & 145,31 & 45,88 \end{pmatrix}$$

La transpuesta de X ( $X^T$ ) es:

$$X^T = \begin{pmatrix} 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 \\ 131,79 & 145,79 & 125,61 & 124,34 & 149,39 & 133,94 & 134,83 & 145,31 \\ 45,84 & 43,89 & 43,44 & 47,56 & 39,54 & 41,87 & 47,01 & 45,88 \end{pmatrix}$$

Ahora se obtiene la matriz A ( $A = X^T X$ ):  $A = \begin{pmatrix} 8,0 & 1091,0 & 355,0 \\ 1091,0 & 149415,4 & 48330,7 \\ 355,0 & 48330,7 & 15808,3 \end{pmatrix}$

La inversa de A ( $A^{-1}$ ):  $A^{-1} = \begin{pmatrix} 129,297 & -0,435 & -1,573 \\ -0,435 & 0,002 & 0,003 \\ -1,573 & 0,003 & 0,025 \end{pmatrix}$

El vector Y (Rto), es:  $Y = \begin{pmatrix} 8,52 \\ 9,26 \\ 8,10 \\ 9,43 \\ 8,47 \\ 8,78 \\ 9,13 \\ 8,98 \end{pmatrix}$

$$\text{Luego: } X^T Y = \begin{pmatrix} 70,661 \\ 9638,88 \\ 3140,653 \end{pmatrix}$$

Al resolver la ecuación  $\hat{\beta} = (X^T X)^{-1} X^T Y = A^{-1} X^T Y$  se obtiene la matriz de las varianzas de los parámetros ( $V(\hat{\beta}_i)$ ), la cual corresponde a:

$$V(\hat{\beta}_i) = \begin{pmatrix} V(\hat{\beta}_0) \\ V(\hat{\beta}_1) \\ V(\hat{\beta}_2) \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0,208 \\ 0,022 \\ 0,128 \end{pmatrix}$$

Las  $V(\hat{\beta}_i)$  son los coeficientes de los parámetros  $\hat{\beta}_0$  (0,208),  $\hat{\beta}_1$  (0,022) y  $\hat{\beta}_2$  (0,128). A los parámetros  $\hat{\beta}_1$  y  $\hat{\beta}_2$  se los llama coeficientes de regresión parcial. Las hipótesis relacionadas con estos parámetros, son las siguientes:

$$\begin{aligned} H_{01}: \beta_1 &= 0 \\ H_{02}: \beta_2 &= 0 \end{aligned}$$

La prueba de hipótesis de los  $\hat{\beta}_i$  se hace mediante la distribución de t, que es igual a:

$$tc = \frac{\hat{\beta}_i - 0}{S_{\hat{\beta}_i}}$$

$$S_{\hat{\beta}_i}^2 = A^{-1} S_{Rto/FPP,PF}^2 = A^{-1} CMe$$

$$S_{\hat{\beta}_i}^2 = \begin{pmatrix} 129,297 & -0,435 & -1,573 \\ -0,435 & 0,002 & 0,003 \\ -1,573 & 0,003 & 0,025 \end{pmatrix} \times 0,151 = \begin{pmatrix} \mathbf{19,450} & -0,065 & -0,237 \\ -0,065 & \mathbf{0,0003} & 0,0005 \\ -0,237 & 0,0005 & \mathbf{0,0037} \end{pmatrix}$$

En la diagonal se ubican las varianzas  $S_{\hat{\beta}_i}^2$ , que son  $S_{\hat{\beta}_0}^2 = 19,45$ ,  $S_{\hat{\beta}_1}^2 = 0,0003$  y  $S_{\hat{\beta}_2}^2 = 0,0037$ . De aquí, se obtienen los errores estándar de los  $\hat{\beta}_i$  ( $S_{\hat{\beta}_i}$ ):

$$S_{\hat{\beta}_i} = \sqrt{S_{\hat{\beta}_i}^2}$$

Entonces,

$$S_{\hat{\beta}_0} = \sqrt{S_{\hat{\beta}_0}^2} = \sqrt{19,45} = 4,410$$

$$S_{\hat{\beta}_1} = \sqrt{S_{\hat{\beta}_1}^2} = \sqrt{0,0003} = 0,0176$$

$$S_{\hat{\beta}_2} = \sqrt{S_{\hat{\beta}_2}^2} = \sqrt{0,0037} = 0,061$$

En seguida, se prueban las hipótesis nulas ( $H_0$ ):

$$tc_1 = \frac{\hat{\beta}_1 - 0}{S_{\hat{\beta}_1}} = \frac{0,022}{0,0176} = 1,23$$

$$tc_2 = \frac{\hat{\beta}_2 - 0}{S_{\hat{\beta}_2}} = \frac{0,128}{0,061} = 2,10$$

De la función de Excel **=INV.T.2C(0,05;5)**, se obtiene el t teórico con 1 y 5 GL a un alfa de 0,05, el cual es igual a 2,57, por lo tanto,  $\hat{\beta}_1$  y  $\hat{\beta}_2$  son iguales a cero. Se concluye que, en Pasto, el Rto de *S. betaceum* es independiente de la variación de FPP y PF. El modelo lineal  $Rto = 0,208 + 0,022PF + 0,128FPP + E_i$  no es adecuado para explicar la variabilidad del Rto, será necesario probar otros modelos.

Los coeficientes de regresión parcial estándar ( $b_i^{\wedge}$ ) miden la importancia de la variable en el modelo, no tienen unidades y se pueden comparar. Estos corresponden a:

$$b_1^{\wedge} = \hat{\beta}_1 \frac{\sqrt{S_{PF}^2}}{\sqrt{S_{Rto}^2}} = 0,022 \times \frac{\sqrt{89,70}}{\sqrt{0,203}} = 0,022 \times \frac{9,471}{0,450} = 0,463$$

$$b_2^{\wedge} = \hat{\beta}_2 \frac{\sqrt{S_{FPP}^2}}{\sqrt{S_{Rto}^2}} = 0,128 \times \frac{\sqrt{7,475}}{\sqrt{0,203}} = 0,128 \times \frac{2,734}{0,450} = 0,777$$

$$\frac{\sqrt{S_{PF}^2}}{\sqrt{S_{Rto}^2}} = \frac{S_{PF}}{S_{Rto}} = P$$

$P$  se define como coeficiente de sendero o efecto directo. Los  $b_i^{\wedge}$  ya habían sido calculados con el objeto de deducir el coeficiente de correlación múltiple. Sus hipótesis son:

$$H_{01}: b_1^{\wedge} = 0$$

$$H_{02}: b_2^{\wedge} = 0$$



Las pruebas de las Hoi, se realizan mediante la fórmula:

$$tc_i = \frac{b_i}{\sqrt{\frac{1 - R_{y-12}^2}{(1 - r_{12}^2)(n - k)}}}$$

$$tc_1 = \frac{b_1}{\sqrt{\frac{1 - R_{Rto-PF FPP}^2}{(1 - r_{PF, FPP}^2)(n - k)}}} = \frac{0,463}{\sqrt{\frac{1 - 0,47}{(1 - (-0,48)^2)(8 - 2)}}} = \frac{0,463}{0,339} = 1,367$$

$$tc_2 = \frac{b_2}{\sqrt{\frac{1 - R_{Rto-PF FPP}^2}{(1 - r_{PF, FPP}^2)(n - k)}}} = \frac{0,777}{\sqrt{\frac{1 - 0,47}{(1 - (-0,48)^2)(8 - 2)}}} = \frac{0,777}{0,339} = 2,293$$

Los tc son menores al t teórico 2,57, por lo tanto, se corrobora lo que se ha encontrado por varios caminos. La conclusión es que, bajo las condiciones de Pasto, en *S. betaceum* no existe una relación lineal entre el Rto versus PF y FPP.

Estos análisis no requieren de paquetes estadísticos complejos. Todos los cálculos se pueden realizar con las herramientas estadísticas del complemento Análisis de datos que se ubica dentro de la pestaña Datos de Excel (Figura 3.4).

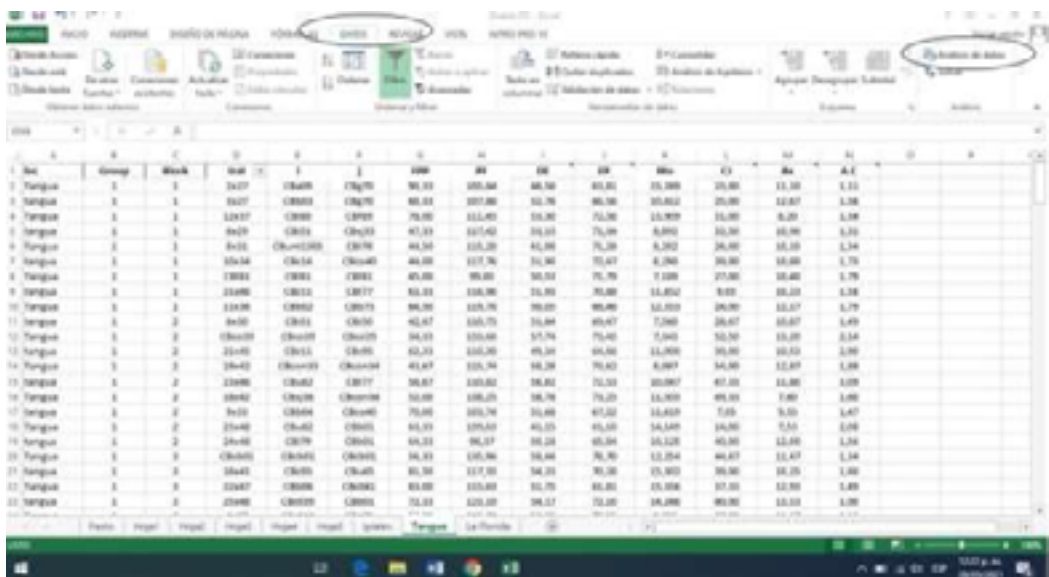


Figura 3.4. Herramienta de Datos de Excel.

Al desplegar Análisis de datos de Excel, existen las opciones de Análisis, así:

Se escoge Coeficiente de correlación y se da enter. Se marca el Rango de entradas, agrupado por columnas. Se señala si hay o no Rótulos en la primera fila. Se marca el Rango de salida y se da aceptar y aparece la matriz de correlaciones lineales de Pearson de las variables consideradas.

Para el Análisis de Regresión múltiple y obtener el coeficiente de correlación múltiple, se da clic en Análisis de datos. Se marca Regresión, se señala el Rango Y de entrada, se da enter. Se señala el Rango X de entrada (matriz de PF y FPP), se marca Residuos, Residuos estándares, Rótulos, se señala el Rango de salida, aceptar, y se demuestra el Análisis de Regresión Múltiple con todos los parámetros necesarios para tomar decisiones.

En Excel también se encuentran las herramientas para hacer operaciones con matrices. En la pestaña Inicio se encuentra la pestaña Autosuma. Ahí se busca Más funciones, Matemáticas y Trigonométricas. Aquí se encuentran las funciones MDETERM que devuelve el determinante de una matriz, MMULT que devuelve el producto matricial de dos matrices para multiplicar matrices y MINVERSA que devuelve la inversa de una matriz. Para obtener las salidas de MMULT y MINVERSA se necesita de marcar el rango de salida; luego de marcar las matrices involucradas en las operaciones, se marca Ctrl+Shift, enter (Ver capítulo 1).

### Sintaxis SAS

Sintaxis SAS para correlación parcial Rto vs FPP sin tener en cuenta el peso de fruto (PF), la cual se puede realizar mediante la sentencia *Proc corr, var FPP Rto; Partial PF;* o mediante la correlación de residuos de *var rRto rFPP;* obtenidos de los modelos Rto vs PF y FPP vs PF, tal como se muestra en la siguiente sintaxis:

```
Data a;
Input PF FPP Rto;
Cards;
131.79 45.84 8.52
145.79 43.89 9.26
125.61 43.44 8.10
```

```

124.34 47.56 9.43
149.39 39.54 8.47
133.94 41.87 8.78
134.83 47.01 9.13
145.31 45.88 8.98
;
Proc reg noprint;
Model Rto= PF;
Output out =residuos R=rRto;
Proc reg noprint;
Model FPP= PF;
Output out =residuos R=rFPP;
Proc corr;
var rRto rFPP;
run;
Proc corr; var FPP Rto;
Partial PF;
Run;

```

El coeficiente de correlación múltiple ( $R$ ) se obtiene directamente del análisis de regresión múltiple (Proc Reg; *Model Rto= PF FPP;*)., tal como se muestra a continuación. El  $R$  será igual a la raíz cuadrada del coeficiente de determinación, que en las salidas de SAS aparece como R-cuadrado.

```

Data a;
Input PF FPP Rto;
Cards;
131.79 45.84 8.52
145.79 43.89 9.26
125.61 43.44 8.10
124.34 47.56 9.43
149.39 39.54 8.47
133.94 41.87 8.78
134.83 47.01 9.13
145.31 45.88 8.98
;
Proc reg;
Model Rto= PF FPP;
Run;

```

Nota: si se quieren obtener los coeficientes de regresión estándar en el modelo, se da la opción STB, así:  $Model\ Rto = PF\ FPP / STB$ ;

Ahora, de los datos originales de cada una de las localidades de Pasto, Ipiales y Tangua, a través de la herramienta =ALEATORIO () de Excel, se tomaron al azar 12 datos de los 81 tratamientos del experimento del dialelo parcial circulante entre 48 parentales de *Solanum betaceum*. Los datos de 36 individuos, se muestran en el Anexo 3.2. El Análisis de Regresión Múltiple del Rto del rendimiento (Rto) en función del número de frutos por planta (FPP), peso de frutos en g (PF), diámetro ecuatorial de fruto en mm (DE), eje polar de fruto en mm (EP), contenido de fruto en mm por fruto (CJ), sólidos solubles totales en °Brix (SST) y ácido cítrico en porcentaje (AC) se presenta en la Tabla 3.6.

**Tabla 3.6**

*Análisis de Regresión Múltiple del Rendimiento de Solanum betaceum en Función de Siete Variables Evaluadas en una Muestra Aleatoria de 36 Genotipos, Provenientes de 81 Tratamientos de un Ensayo de Dialelos Parciales Circulantes.*

| <b>Cuadrados medios</b>                        |                                   |              |                                   |               |                                   |           |                                   |           |
|------------------------------------------------|-----------------------------------|--------------|-----------------------------------|---------------|-----------------------------------|-----------|-----------------------------------|-----------|
| <b>FV</b>                                      | <b>GL</b>                         | <b>Pasto</b> | <b>Ipiales</b>                    | <b>Tangua</b> | <b>Local</b>                      |           |                                   |           |
| Regresión                                      | 7                                 | 34,32*       | 32,71*                            | 14,51*        | 120,92*                           |           |                                   |           |
| Residuos                                       | 4                                 | 0,42         | 2,584                             | 0,109         | 2,373                             |           |                                   |           |
| R                                              |                                   | 0,997        | 0,978                             | 0,998         | 0,963                             |           |                                   |           |
| R <sup>2</sup>                                 |                                   | 0,993        | 0,957                             | 0,996         | 0,927                             |           |                                   |           |
| R <sup>2</sup> ajustado                        |                                   | 0,981        | 0,881                             | 0,988         | 0,909                             |           |                                   |           |
| <b><math>\beta_0</math> y <math>X_i</math></b> | <b>Pasto</b>                      |              | <b>Ipiales</b>                    |               | <b>Tangua</b>                     |           | <b>Localidades</b>                |           |
|                                                | <b><math>\hat{\beta}_i</math></b> | <b>DE</b>    | <b><math>\hat{\beta}_i</math></b> | <b>DE</b>     | <b><math>\hat{\beta}_i</math></b> | <b>DE</b> | <b><math>\hat{\beta}_i</math></b> | <b>DE</b> |
| $\beta_0$                                      | 10,37                             | 6,08         | -22,26                            | 8,97          | -10,46*                           | 2,41      | -14,08*                           | 5,03      |
| FPP                                            | 0,17*                             | 0,01         | 0,19*                             | 0,03          | 0,16*                             | 0,01      | 0,19*                             | 0,01      |
| PF                                             | 0,05*                             | 0,02         | 0,11*                             | 0,02          | 0,10*                             | 0,01      | 0,08*                             | 0,01      |
| DE                                             | 0,32                              | 0,18         | 0,07                              | 0,08          | -0,02                             | 0,07      | 0,01                              | 0,06      |
| EP                                             | -0,27                             | 0,12         | 0,14                              | 0,07          | 0,01                              | 0,04      | 0,09                              | 0,05      |
| CJ                                             | -0,01                             | 0,04         | 0,00                              | 0,06          | -0,01                             | 0,02      | 0,01                              | 0,03      |
| Bx                                             | -0,90                             | 0,46         | -0,44                             | 0,56          | 0,02                              | 0,13      | -0,18                             | 0,29      |
| AC                                             | -2,67*                            | 0,88         | 0,24                              | 0,90          | 0,36                              | 0,37      | -0,53                             | 0,63      |

Nota.  $\beta_0$ = intercepto, R= coeficiente de correlación múltiple, R<sup>2</sup>= coeficiente de determinación, DE= desviación estándar, FPP = frutos por planta, PF= peso de frutos en g, DE= diámetro ecuatorial de fruto en mm, EP= eje polar de fruto en mm, Rto= rendimiento en t/ha, CJ= contenido de fruto en mm por fruto, SST= sólidos solubles totales en °Brix, AC= ácido cítrico en porcentaje.

Como puede observarse en la Tabla 3.6, los parámetros  $\hat{\beta}_i$  para el número de FPP y el PF en las tres localidades y a través de estas, son significativos, lo cual indica que estas dos variables son importantes para definir los componentes de rendimiento en tomate de árbol. Es necesario definir el modelo que se ajusta para determinar los componentes de rendimiento, a través de algunas metodologías como son los algoritmos Forward, Backward, Stepwise o a través del Análisis de Sendero.

### Forward

Inicia con un modelo reducido  $Y = \beta_o + E$ , luego se pasa a modelos que indican el aporte de cada variable, así:

$Y = \beta_o + \beta_1 X_1 + E$ . Se mira el aporte de  $X_1$  a la suma de cuadrados (SC) del modelo.

$Y = \beta_o + \beta_1 X_2 + E$ . Se mira el aporte de  $X_2$  a la SC del modelo.

$Y = \beta_o + \beta_1 X_3 + E$ . Se mira el aporte de  $X_3$  a la SC del modelo.

En cada caso se observa el F calculado ( $F_c$ ) de cada variable independiente, el cual refleja la contribución de la variable al modelo si esta está incluida. Luego se comparan los ( $Pr > F$ ) con los valores SLENTY, opción que se incluye en la sentencia MODEL de SAS. Si esta se omite, el valor de SLENTY es igual 0,50. SLENTY (del inglés Significance Level Entry) es el nivel de significancia elegido para escoger una variable para el modelo. Si SLENTY=0,05, indica que las variables significativas con valores menores o iguales a 0,05 entran en el proceso de análisis. Ahora se prueban modelos aumentados con aquellas variables que obtengan los mayores valores de  $F_c$ , por ejemplo,  $Y = \beta_o + \beta_1 X_1 + E$ . A este modelo, donde  $X_1$  obtuvo el mayor  $F_c$ , se le adicionan variables:

$Y = \beta_o + \beta_1 X_1 + \beta_2 X_2 + E$ . Se observa el  $F_c$ .

$Y = \beta_o + X_1 + \beta_2 X_3 + E$ . Se observa el  $F_c$ .

De estos dos modelos, se incluye al modelo la variable que mostró el mayor valor de  $F_c$  y que sea significativa a un  $\alpha=0,5$ . El proceso termina cuando ( $Pr > F$ ) < SLENTY y ninguna es significativa. En caso contrario, se da entrada al modelo a la variable que tiene el mayor  $F_c$ . Se repite la evaluación del modelo con las variables añadidas, hasta que ninguna de las variables aumentadas produzca un  $F_c$  significativo. La sintaxis SAS de Forward es la siguiente:

```

Data a;
Input PF FPP Rto;
Cards;
131.79 45.84 8.52
145.79 43.89 9.26
125.61 43.44 8.10
124.34 47.56 9.43
149.39 39.54 8.47
133.94 41.87 8.78
134.83 47.01 9.13
145.31 45.88 8.98
;
Proc reg;
Model Rto= PF FPP/selection=Forward; (También se puede usar Model
Rto= PF FPP/method=Forward;)
Run;

```

Nota: si se define, por ejemplo, un valor  $Slentry = 0.05$ , entonces la sentencia será *Model Rto= PF FPP/selection=Forward Slentry =0.05*; Sin intercepto, la sentencia es *Model Rto= PF FPP/no int selection=Forward*;

### Backward

Es un método de eliminación de variables hacia atrás. Se inicia con un modelo completo de la forma  $Y = \beta_0 + \beta_1 X_1 + \beta_2 X_2 + \dots + \beta_k X_k + E$ , para llegar a un modelo reducido. En este caso, se eliminan una a una las variables no relevantes hasta que todas las remanentes producen un  $(Pr > F)$  significativamente menor que el valor SLSTAY (del inglés Significance Level for Staying), el cual puede especificarse. Si se omite, por defecto SLSTAY es igual a 0,10. SLSTAY es el nivel de la significancia designado para resolver si una variable permanece o no en el modelo, cuando se utiliza la opción BACKWARD. En cada paso, sale aquella variable que menos aporta a la SC del modelo y la que produce el menor Fc. La eliminación hacia atrás se detiene cuando las variables restantes en el modelo producen un  $(Pr > F)$  menor al SLSTAR= 0,10, ejemplo:  $(Pr > F) = 0,07$  es menor a SLSTAR= 0,10. La sintaxis SAS para Backward es:

```

Data a;
Input PF FPP Rto;
Cards;

```

```

131.79 45.84 8.52
145.79 43.89 9.26
125.61 43.44 8.10
124.34 47.56 9.43
149.39 39.54 8.47
133.94 41.87 8.78
134.83 47.01 9.13
145.31 45.88 8.98
;
Proc reg;
Model Rto= PF FPP/selection=backward;
Run;

```

*Nota:* si se define un valor para SLSTAY, por ejemplo, igual a 0,15, entonces la sentencia será *Model Rto= PF FPP/selection= backward SLSTAY=0.15;*

### Stepwise

Es una modificación de las dos anteriores, especialmente del Forward (hacia adelante). Comienza a jugar con la exclusión de una variable que no se elimina del todo del modelo, dado que puede entrar nuevamente. Las variables que ya están en el modelo no necesariamente permanecen en él. Como en Forward, las variables se añaden una a una al modelo hasta que produzcan un  $[(Pr>F) <SLENTY=0,10]$ . Luego de incluir una variable, Stepwise elimina cualquier variable que no produzca un  $[(Pr>F) <SLTAY=0,15]$ . El proceso de ingreso y extracción de variables se repite hasta que ninguna variable produce un  $[(Pr>F) <SLENTY=0,10]$  y todas las variables del modelo son significativas al nivel SLSTAY  $[(Pr>F) <SLTAY=0,15]$ , o cuando la variable que se introduce al modelo es la que se elimina del modelo en el paso anterior. Para resumir, en Stepwise, las variables se añaden como en Forward, pero después de adicionar una variable, todas las variables del modelo son candidatas a ser eliminadas, según los SLENTY y SLSTAY, lo que hay que especificar en el modelo de SAS, así: *Model Rto= PF FPP/selection= stepwise slentry = 0.10 slstay = 0.15;*

Otros métodos que permiten seleccionar modelos se describen en SAS Institute Inc. (2019) y son los siguientes:

### El Mejor $R^2$ Máximo (MAXR)

Hay que recordar que el  $R^2 = \frac{SC \text{ modelo}}{SC \text{ total}}$ . “La técnica MAXR no tiene en cuenta un solo modelo. Puede probar el mejor modelo de una variable, de dos variables, y así repetidamente, aunque no se garantiza encontrar el modelo con el mayor  $R^2$  para cada tamaño. MAXR inicia con el modelo de una variable que produce el mayor  $R^2$ . Luego se incrementa otra variable, la que produce el mayor aumento de  $R^2$ . Una vez obtenido el modelo de dos variables, se compara cada una de las variables del modelo con cada una de las variables que no están en el modelo. Para cada comparación, el método MAXR determina si la eliminación de una variable, y su sustitución por la otra, aumenta el  $R^2$ .

Después de comparar todos los cambios posibles, el método MAXR realiza el cambio que produce el mayor aumento de  $R^2$ . Las comparaciones comienzan de nuevo, y el proceso continúa hasta que el método MAXR encuentra que ningún cambio podría aumentar  $R^2$ . Así, el modelo de dos variables alcanzado se considera el "mejor" modelo de dos variables que la técnica puede encontrar. A continuación, se añade otra variable al modelo y se repite el proceso de comparación y cambio para encontrar el "mejor" modelo de tres variables, y así sucesivamente. La diferencia entre STEPWISE y MAXR, es que en este último se evalúan todas las variables antes de realizar cualquier cambio. En el método STEPWISE se puede eliminar la peor variable sin tener en cuenta lo que podría conseguirse con la adición de la “mejor variable restante”. La sintaxis SAS, es:

```
Data a;
Input PF FPP Rto;
Cards;
131.79 45.84 8.52
. . .
. . .
145.31 45.88 8.98
;
Proc reg;;
Model Rto= PF FPP/selection=MAXR;
Run;
```



### El Mejor $R^2$ Mínimo (MINR)

El método MINR se parece mucho al método MAXR, pero el cambio elegido es el que produce el menor aumento de  $R^2$ . Para un número determinado de variables en el modelo, los métodos MAXR y MINR suelen producir el mismo "mejor" modelo, pero el método MINR considera más modelos de cada tamaño. La sintaxis SAS es:

```
Data a;
Input PF FPP Rto;
Cards;
131.79 45.84 8.52
. . .
. . .
145.31 45.88 8.98
145.31 45.88 8.98
;
Proc reg;
Model Rto= PF FPP/selection=MINR;
Run;
```

### Selección por $R^2$ (RSQUARE)

El método RSQUARE encuentra subconjuntos de variables independientes que predicen mejor una variable dependiente por regresión lineal en la muestra dada. Puede especificar el mayor y el menor número de variables independientes que deben aparecer en un subconjunto y el número de subconjuntos de cada tamaño que deben seleccionarse. El método RSQUARE puede realizar eficazmente todas las posibles regresiones de subconjuntos y mostrar los modelos en orden decreciente de la magnitud de  $R^2$  dentro de cada tamaño de subconjunto. Hay otros estadísticos disponibles para comparar subconjuntos de diferentes tamaños. Estos estadísticos, así como los coeficientes de regresión estimados, pueden mostrarse o enviarse a un conjunto de datos SAS.

Los modelos de subconjuntos seleccionados por el método RSQUARE son óptimos en términos de  $R^2$  para la muestra dada, pero no son necesariamente óptimos para la población de la que se extrae la muestra, o para cualquier otra muestra para la que se quieran hacer predicciones. Si se selecciona un modelo de subconjunto sobre la base de un gran valor

de  $R^2$  o cualquier otro criterio comúnmente utilizado para la selección de modelos, entonces todos los estadísticos de regresión calculados para ese modelo bajo el supuesto de que está dado a priori, incluyendo todos los estadísticos calculados por PROC REG, están sesgados.

Aunque el método RSQUARE es una herramienta útil para la construcción de modelos exploratorios, no se puede confiar en ningún método estadístico para identificar el modelo "verdadero". La construcción efectiva de un modelo requiere una teoría sustantiva que sugiera predictores relevantes y formas funcionales meritorias para el modelo.

El método RSQUARE difiere de los otros métodos de selección en que RSQUARE siempre identifica el modelo con el mayor  $R^2$  para cada número de variables consideradas. Los otros métodos de selección no garantizan que se encuentre el modelo con el mayor  $R^2$ . El método RSQUARE requiere mucho más tiempo de ordenador que los otros métodos de selección, por lo que es un método de selección diferente, por ejemplo, al método STEPWISE. Es una buena opción cuando hay muchas variables independientes que considerar. La sintaxis SAS es:

```
Data a;
Input PF FPP Rto;
Cards;
131.79 45.84 8.52
. . .
. . .
145.31 45.88 8.98
;
Proc reg;
Model Rto= PF FPP/selection=RSQUARE;
Run;
```

### **Selección por $R^2$ Ajustada (ADJRSQ)**

Este método es similar al método RSQUARE, salvo que el estadístico  $R^2$  ajustado se utiliza como criterio para seleccionar los modelos, y el método encuentra los modelos con el  $R^2$  ajustado más alto dentro del rango de tamaños. La sintaxis SAS corresponde a:

```
Data a;
```

```
Input PF FPP Rto;
Cards;
131.79 45.84 8.52
. . .
. . .
145.31 45.88 8.98
;
Proc reg;
Model Rto= PF FPP/selection=ADJRSQ;
Run;
```

$$R^2 \text{ ajustado} = \frac{1 - (1 - R^2)(n - 1)}{GLE} = \frac{1 - e^2(n - 1)}{GLE}$$

Donde: GLe = grados de libertad del error,  $e^2$  = coeficiente de enajenación ( $1 - R^2$ ).

### Selección Cp de Mallows C(p)

Este método es similar al método ADJRSQ, pero utiliza el estadístico C(p) de Mallows como criterio de selección de modelos. Los modelos se enumeran en orden ascendente de C(p). El mejor modelo es aquél donde el número de k variables más el intercepto es igual a C(p) o en su defecto cuando  $k=C(p)$ . El C(p) se obtiene de:

$$C(p) = \frac{SCEp}{S^2} - (N - 2p)$$

Donde: SCEp = SC del error del modelo reducido,  $S^2$  = SC del error con todas las variables, p = número de parámetros del modelo. La sintaxis SAS, es:

```
Data a;
Input PF FPP Rto;
Cards;
131.79 45.84 8.52
. . .
. . .
145.31 45.88 8.98
;
Proc reg;
Model Rto= PF FPP/selection=Cp;
Run;
```

### None

None es el método predeterminado y no existe la posibilidad de seleccionar el modelo. Se utiliza el modelo completo especificado en la sentencia MODEL para ajustar el modelo. Para muchos análisis de regresión, éste podría ser el único método que se necesita (SAS Institute Inc., 2019). La sintaxis es:

```
Data a;
Input PF FPP Rto;
Cards;
131.79 45.84 8.52
. . .
. . .
145.31 45.88 8.98
;
Proc reg;
Model Rto= PF FPP/selection=None;
Run;
```

### Correlación Canónica

Hotelling (1935 y 1936) desarrolló la metodología del análisis de correlación canónica para establecer y cuantificar la relación entre dos grupos de variables. El Análisis de Correlación Canónica se centra en la correlación entre una combinación lineal de un grupo de variables y una combinación lineal de las variables de otro conjunto. La idea es determinar primero el par de combinaciones lineales que tienen la mayor correlación.

A continuación, se determina el par de combinaciones lineales que tiene la mayor correlación entre todos los pares no correlacionados con el par inicialmente seleccionado. De esta forma, el proceso continúa. Los pares de combinaciones lineales se denominan variables canónicas, y sus correlaciones se denominan correlaciones canónicas. En síntesis, la correlación canónica mide la fuerza con que se relacionan o asocian dos grupos de variables. El aspecto de maximización de la técnica representa un intento de concentrar una relación de alta dimensión entre dos conjuntos de variables en unos pocos pares de variables canónicas (Johnson & Wichern, 1992).

Teniendo en cuenta los datos del Anexo 3.2, se estableció la relación entre el grupo  $Y$  conformado por el Rto ( $Y_1$ ) y el PF ( $Y_2$ ) y el grupo  $X$  formado por el número de FPP ( $X_1$ ), DE ( $X_2$ ) y EP ( $X_3$ ). El primer grupo se representa por un vector  $Y_{(p \times 1)}$  ( $p$  = número de variables de  $Y$ ) y el segundo grupo por el vector  $X_{(q \times 1)}$  ( $q$  = número de variables de  $X$ ).  $Y$  es el grupo más pequeño, por lo tanto,  $p \leq q$ . Para los dos grupos, se tiene que:

$$E(Y) = \mu_Y; \text{Cov}(Y) = \Sigma_{YY}$$

$$E(X) = \mu_X; \text{Cov}(X) = \Sigma_{XX}$$

$$\text{Cov}(XY) = \Sigma_{XY} = \Sigma_{YX}$$

$$Y = \begin{pmatrix} Y_1 \\ Y_2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \text{Rendimiento (Rto)} \\ \text{Peso de fruto (PF)} \end{pmatrix}$$

$$X = \begin{pmatrix} X_1 \\ X_2 \\ X_3 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \text{Frutos por planta (FPP)} \\ \text{Diamétero ecuatorial de fruto (DE)} \\ \text{Eje polar de fruto (EP)} \end{pmatrix}$$

$$\text{Entonces } Z = \begin{bmatrix} Y_1 \\ Y_2 \\ X_1 \\ X_2 \\ X_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Y \\ X \end{bmatrix} \text{ y } \mu_{Z[(p+q) \times 1]} = E(Z) = \begin{bmatrix} \mu_Y \\ \mu_X \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mu_{Y_1} \\ \mu_{Y_2} \\ \mu_{X_1} \\ \mu_{X_2} \\ \mu_{X_3} \end{bmatrix}$$

Con base en las definiciones de multiplicación y traspuesta de matrices se genera la matriz de productos cruzados y la matriz de covarianza, que es igual a:

$$\Sigma_{[(p+q) \times (p+q)]} = \frac{E(Z - \mu)^T (Z - \mu)}{n - 1}$$

$$\Sigma_{[(p+q) \times (p+q)]} = \begin{bmatrix} \frac{E(Y - \mu_Y)^T (Y - \mu_Y)}{n - 1} & \frac{E(X - \mu_X)^T (Y - \mu_Y)}{n - 1} \\ \frac{E(Y - \mu_Y)^T (X - \mu_X)}{n - 1} & \frac{E(X - \mu_X)^T (X - \mu_X)}{n - 1} \end{bmatrix}$$

$$\Rightarrow \Sigma_{[(p+q) \times (p+q)]} = \left[ \begin{array}{c|c} \Sigma_{YY_{(p \times p)}} & \Sigma_{YX_{(p \times q)}} \\ \hline \Sigma_{XY_{(q \times p)}} & \Sigma_{XX_{(q \times q)}} \end{array} \right]$$

Las covarianzas entre pares de variables de los diferentes grupos, una variable de  $Y$ , una variable de  $X$ , está contenida en  $\Sigma_{YX_{(p \times q)}}$  o en su equivalente  $\Sigma_{XY_{(q \times p)}}$ . Es decir, los  $pq$  elementos de  $\Sigma_{YX}$  permiten determinar la asociación entre dos conjuntos. Si  $p$  y  $q$  son relativamente grandes, la interpretación de los elementos de  $\Sigma_{YX}$  de forma colectiva no es útil. Las combinaciones lineales de las variables son las que resultan interesantes y útiles con fines predictivos o comparativos. El principal objetivo de análisis de correlación canónica es resumir las asociaciones entre los conjuntos  $Y$  y  $X$ , en términos de pocas covarianzas (o correlaciones) que son elegidas de manera minuciosa, en lugar de las  $pq$  covarianzas  $\Sigma_{YX}$ . Entonces:

$$E(Z) = \begin{bmatrix} \mu_Y \\ - \\ \mu_X \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mu_{Y_1} \\ \mu_{Y_2} \\ - \\ \mu_{X_1} \\ \mu_{X_2} \\ \mu_{X_3} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 11,78 \\ 120,74 \\ - \\ 63,71 \\ 51,47 \\ 66,65 \end{bmatrix} =$$

$$\Sigma_{[(p+q) \times (p+q)]} = \left[ \begin{array}{cc|cc} 25,08 & 9,28 & 123,85 & 5,09 & -7,10 \\ 9,28 & 831,24 & -337,43 & 53,38 & 49,09 \\ \hline 123,85 & -337,4 & 821,39 & 3,84 & -76,77 \\ 5,09 & 53,38 & 3,84 & 31,85 & -5,61 \\ -7,10 & 49,09 & -76,77 & -5,61 & 46,41 \end{array} \right]$$

Ahora, se obtienen las inversas de las matrices  $\Sigma_{YY_{(p \times p)}}$  y  $\Sigma_{XX_{(q \times q)}}$ , mediante la sentencia de R Studio:

```
C=matrix(nrow=2,ncol=2, c(26.08, 9.28, 9.28, 831.24),byrow=TRUE)
C
solve(C)
```

Luego:

$$\Sigma_{YY_{(p \times p)}} = \begin{bmatrix} 25,08 & 9,28 \\ 9,28 & 831,24 \end{bmatrix} \Rightarrow \Sigma_{YY_{(p \times p)}}^{-1} = \begin{bmatrix} 0,039 & -0,0004 \\ -0,0004 & 0,0012 \end{bmatrix}$$

$$\begin{aligned}\Sigma_{XX(q \times q)} &= \begin{bmatrix} 821,39 & 3,84 & -76,77 \\ 3,84 & 31,85 & -5,61 \\ -76,77 & -5,61 & 46,41 \end{bmatrix} \Rightarrow \Sigma_{XX(q \times q)}^{-1} \\ &= \begin{bmatrix} 0,0014 & 0,0003 & 0,0024 \\ 0,0003 & 0,0321 & 0,0043 \\ 0,0024 & 0,0043 & 0,0261 \end{bmatrix}\end{aligned}$$

Las matrices  $\Sigma_{YX(p \times q)}$  y  $\Sigma_{XY(q \times p)}$  tienen diferentes dimensiones, pero poseen los mismos elementos:

$$\Sigma_{YX(p \times q)} = \begin{bmatrix} 123,85 & 5,09 & -7,10 \\ -337,43 & 53,38 & 49,09 \end{bmatrix}$$

$$\Sigma_{XY(q \times p)} = \begin{bmatrix} 123,85 & -337,4 \\ 5,09 & 53,38 \\ -7,10 & 49,09 \end{bmatrix}$$

Con las inversas de las matrices  $\Sigma_{XX(q \times q)}$  y  $\Sigma_{YY(p \times p)}$  y las matrices  $\Sigma_{YX(p \times q)}$  y  $\Sigma_{XY(q \times p)}$ , se calculan las matrices cuadradas  $C_1$  y  $C_2$ , mediante las siguientes ecuaciones:

$$C_1 = \Sigma_{XX}^{-1} \Sigma_{XY} \Sigma_{YY}^{-1} \Sigma_{YX} = \begin{bmatrix} 0,96 & 0,01 & -0,07 \\ -0,04 & 0,14 & 0,07 \\ 0,35 & 0,07 & 0,003 \end{bmatrix}$$

En seguida, se obtienen los auto valores o valores propios, los cuales surgen de resolver  $|C_1 - \lambda I| = 0$ , donde  $|C_1 - \lambda I| = \det(C_1 - \lambda I)$ . Entonces:

$$|C_1 - \lambda I| = \begin{bmatrix} 0,96 - \lambda & 0,01 & -0,07 \\ -0,04 & 0,14 - \lambda & 0,07 \\ 0,35 & 0,07 & 0,003 - \lambda \end{bmatrix}$$

Para resolver esta ecuación, se pueden aplicar los conceptos desarrollados en el tema 1.9 del capítulo 1 sobre la ecuación característica de una matriz, o simplemente utilizar la función `eigen()` del paquete estadístico R Studio, que calcula los auto valores y auto vectores de una matriz, así:

```
C1=matrix (nrow=3, ncol=3, c (0.96, 0.01, -0.07, -0.04, 0.14, 0.07, 0.35,
0.07, 0.003), byrow=TRUE)
C1
eigen(C1)
```

Las salidas son:

```
eigen () decomposition
$values
[1] 0.9368870395 0.1722065732 0.0001063873

$vectors
      [,1] [,2] [,3]
[1,] 0.93730775 0.03019154 0.06892385
[2,] -0.01947934 0.90697022 -0.40195147
[3,] 0.34795795 0.42011129 0.91306326
```

Aquí se retendrán dos valores propios, establecidos por el mínimo valor de  $p$  (2) y  $q$  (3). Por lo tanto,  $\lambda_1 = 0,937$ ,  $\lambda_2 = 0,172$ . Las raíces cuadradas de estos valores propios son las primeras correlaciones canónicas ( $rc = \sqrt{\lambda_i}$ ), de ahí que  $rc_1 = \sqrt{0,937} = 0,968$  y  $rc_2 = \sqrt{0,172} = 0,415$ . La  $rc_1 = \sqrt{0,937} = 0,968$  es más alta que cualquier correlación lineal entre una variable del grupo de las  $X$  y una variable del grupo de las  $Y$ .

Ahora bien:

$$C_2 = \Sigma_{YY}^{-1} \Sigma_{YX} \Sigma_{XX}^{-1} \Sigma_{XY} = \begin{bmatrix} 0,788 & -1,627 \\ -0,056 & 0,321 \end{bmatrix}$$

$$|C_2 - \lambda I| = \begin{bmatrix} 0,788 - \lambda & -1,627 \\ -0,056 & 0,321 - \lambda \end{bmatrix}$$

Se obtienen los valores propios y auto vectores, a través de R Studio:

```
C2=matrix (nrow=2, ncol=2, c (0.788, -1.627, -0.056, 0.321),
byrow=TRUE)
C2
eigen(C2)
```

```
$values
[1] 0.9361206 0.1728794
```

```
$vectors
      [,1] [,2]
```



[1,] 0.99588153 0.9353816  
[2,] -0.09066412 0.3536401

0,935 0,353

Se corrobora que  $\lambda_1 = 0,937$ ,  $\lambda_2 = 0,172$ ,  $rc_1 = 0,968$  y  $rc_2 = 0,415$ .

El primer vector canónico corresponde a la transpuesta del primer auto vector de  $C_2$ , por lo tanto,  $a = a^T = (0,996 - 0,091)$ , y el segundo al primer auto vector de  $C_1$ , y es  $b = b^T = (0,937 - 0,0195 \ 0,348)$ . Ahora, se debe comprobar que:  $a^T \Sigma_{YY} a = 1$

$$\Rightarrow (0,996 \ -0,091) \begin{bmatrix} 25,08 & 9,28 \\ 9,28 & 831,24 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 0,996 \\ -0,091 \end{bmatrix} = 31,75$$

Como  $a^T \Sigma_{YY} a$  es diferente de uno, entonces las  $a^T$  se dividen entre  $\sqrt{31,075} = 5,575$ . De esta forma se logran los primeros coeficientes  $a_i$ . Luego:

$$a_1 = \left( \frac{0,996}{5,575} \right) = 0,179 \wedge a_2 = \left( \frac{-0,091}{5,575} \right) = -0,016$$

Con los coeficientes  $a_i$ , se construye la primera combinación lineal del conjunto de variables  $Y (U)$ :

$$U_1 = a_1 Y_1 + \dots + a_p Y_p \Rightarrow U_1 = 0,179 Y_1 - 0,016 Y_2$$

Los primeros coeficientes de  $b$  se obtienen de manera semejante. Se debe comprobar la restricción  $b^T \Sigma_{XX} b = 1$

$$\Rightarrow (0,937 \ -0,0195 \ 0,348) \begin{bmatrix} 821,39 & 3,84 & -76,77 \\ 3,84 & 31,85 & -5,61 \\ -76,77 & -5,61 & 46,41 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 0,937 \\ -0,0195 \\ 0,348 \end{bmatrix} = 676,66$$

Dado que  $b^T \Sigma_{XX} b$  es diferente de uno, entonces los  $b^T$  se dividen entre  $\sqrt{676,66} = 26,013$ . Así se tienen los primeros coeficientes  $b_i$ :

$$b_1 = \left( \frac{0,937}{26,013} \right) = 0,036; \quad b_2 = \left( \frac{-0,0195}{26,013} \right) = -0,001 \wedge b_3 = \left( \frac{0,348}{26,013} \right) = 0,013$$

Con los  $b_i$ , se construye la primera combinación lineal del conjunto de variables  $X (V)$ :

$$V_1 = b_1X_1 + \dots + b_qX_q \Rightarrow V_1 = 0,036X_1 - 0,0016X_2 + 0,013X_3$$

Tanto  $a_{1,i}(0,179 \quad -0,016)$  como  $b_{1,i}(0,036 \quad -0,0016 \quad 0,013)$  son los primeros vectores canónicos.  $U_1$  y  $V_1$  son las primeras variables canónicas con varianza uno.

Las varianzas de U y V, se muestran en seguida:

$$Var(U) = a^T \Sigma_{YY} a$$

$$Var(V) = b^T \Sigma_{XX} b$$

$$Cov(U, V) = a^T \Sigma_{XY} b$$

$$Corr(U, V) = \frac{a^T \Sigma_{YX} b}{\sqrt{a^T \Sigma_{YY} a} \sqrt{b^T \Sigma_{XX} b}}$$

Se calcula:

$$a^T \Sigma_{YX} b = (0,996 \quad -0,091) \begin{bmatrix} 123,85 & 5,09 & -7,10 \\ -337,43 & 53,38 & 49,09 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 0,937 \\ -0,0195 \\ 0,348 \end{bmatrix} = 140,338$$

$$Corr(U_1, V_1) = \frac{140,338}{5,575 \times 26,013} = \mathbf{0,968}$$

El valor de esta correlación ya había sido obtenido mediante la  $\sqrt{\lambda_1}$ . El coeficiente de determinación es igual a  $(0,968)^2 = 0,937$ , valor que corresponde a la proporción de la varianza de la variable canónica  $U_k$  que es explicada por el grupo de variables X.

De la misma manera se calculan los vectores canónicos y variables canónicas restantes  $U_2, V_2$ :

$$a_2^T(0,935 \quad 0,353)$$

$$a_2^T \Sigma_{YY} a_2 = 132,506$$

$$a_{2,1} = \frac{0,935}{\sqrt{132,506}} = 0,08; \quad a_{2,2} = \frac{0,353}{\sqrt{132,506}} = 0,031$$

Segundo vector canónico:  $a_{2,i}(0,08 \quad 0,031)$

Segunda variable canónica:

$$U_2 = a_{2.1}Y_1 + \dots + a_{2.p}Y_p \Rightarrow U_2 = 0,08Y_1 + 0,031Y_2$$

$$b_2^T(0,03 \quad 0,907 \quad 0,42)$$

$$b_2^T \Sigma_{XX} b_2 = 29,125$$

$$b_{2.1} = \frac{0,03}{\sqrt{29,125}} = 0,006; \quad b_{2.2} = \frac{0,907}{\sqrt{29,125}} = 0,168 \wedge b_{2.3} = \frac{0,42}{\sqrt{29,125}} = 0,078$$

Segundo vector canónico:  $b_{2i}(0,006 \quad 0,168 \quad 0,078)$

Segunda variable canónica:

$$V_2 = b_{2.1}X_1 + \dots + b_{2.q}X_q \Rightarrow V_2 = 0,006X_1 + 0,168X_2 + 0,078X_3$$

$$Var(U_2) = a_2^T \Sigma_{YY} a_2 = 132,506$$

$$Var(V_2) = b_2^T \Sigma_{XX} b_2 = 29,125$$

$$Cov(U_2, V_2) = a_2^T \Sigma_{XY} b_2$$

$$Corr(U_2, V_2) = \frac{a_2^T \Sigma_{XY} b_2}{\sqrt{a_2^T \Sigma_{YY} a_2} \sqrt{b_2^T \Sigma_{XX} b_2}} = \frac{53,588}{\sqrt{132,506} \times \sqrt{29,125}} = 0,863$$

Teniendo en cuenta la contribución de las variables a cada una de las variables canónicas, se puede concluir que tanto en  $U_1$  como en  $U_2$ , la mayor parte de la variabilidad está explicada por  $Y_1$  (Rto), en la variable  $V_1$  por  $X_1$  (FPP) y en  $V_2$  por  $X_2$  (DE). La interpretación de  $\hat{U}_k$  y  $\hat{V}_k$  a menudo se complementa con las correlaciones entre las variables canónicas y las variables de los grupos Y y X. Entonces, se definen las matrices:

$$\hat{A}_{(p \times p)} = (\hat{a}_1 \quad \hat{a}_2 \quad \dots \quad \hat{a}_p)^T; \quad \hat{B}_{(q \times q)} = (\hat{b}_1 \quad \hat{b}_2 \quad \dots \quad \hat{b}_q)^T$$

$$\hat{A}_{(p \times p)} = \begin{bmatrix} 0,179 & -0,016 \\ 0,08 & 0,031 \end{bmatrix}; \quad \hat{B}_{(q \times q)} = \begin{bmatrix} 0,036 & -0,0016 & 0,013 \\ 0,006 & 0,168 & 0,078 \end{bmatrix}$$

Los coeficientes de correlación entre las variables canónicas y los grupos de variables Y y X, se calculan así:

$$\text{Correlación entre } \hat{U} \text{ vs } Y = R_{\hat{U}-Y} = \hat{A} \Sigma_{YY}^{-1/2}$$

$$\text{Correlación entre } \hat{V} \text{ vs } Y = R_{\hat{V}-Y} = \hat{B} \Sigma_{XX}^{-1/2}$$

$$\text{Correlación entre } \hat{U} \text{ vs } X = R_{\hat{U}-X} = \hat{A} \Sigma_{YX}^{-1/2}$$

Correlación entre  $\hat{U}$  vs  $Y = R_{\hat{U}-Y} = \hat{A} \Sigma_{XY} D_{YY}^{-1/2}$

Donde  $D_{YY}^{-1/2}$  y  $D_{XX}^{-1/2}$  son las matrices diagonales del inverso de la desviación estándar de las variables de los grupos Y y X, respectivamente, y corresponden a:

$$D_{YY}^{-1/2} = \begin{bmatrix} \frac{1}{\sqrt{S_{Y_1}^2}} & 0 \\ 0 & \frac{1}{\sqrt{S_{Y_2}^2}} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \frac{1}{\sqrt{26,08}} & 0 \\ 0 & \frac{1}{\sqrt{831,24}} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0,196 & 0 \\ 0 & 0,035 \end{bmatrix}$$

$$D_{XX}^{-1/2} = \begin{bmatrix} \frac{1}{\sqrt{S_{X_1}^2}} & 0 & 0 \\ 0 & \frac{1}{\sqrt{S_{X_2}^2}} & 0 \\ 0 & 0 & \frac{1}{\sqrt{S_{X_3}^2}} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \frac{1}{\sqrt{821,39}} & 0 & 0 \\ 0 & \frac{1}{\sqrt{31,85}} & 0 \\ 0 & 0 & \frac{1}{\sqrt{46,41}} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0,04 & 0 & 0 \\ 0 & 0,18 & 0 \\ 0 & 0 & 0,15 \end{bmatrix}$$

La sintaxis SAS para realizar el análisis de correlación canónica es la siguiente:

```
data a;
input Rto PF FPP DE EP;
Cards;
11.39 138.63 51.33 56.56 71.18
12.89 116.24 69.33 53.38 63.08
13.13 174.65 47.00 55.16 68.31
6.41 129.30 31.00 49.83 60.81
12.13 102.92 73.67 51.61 63.21
2.39 179.22 8.33 54.37 73.89
11.03 127.66 54.00 52.23 65.64
9.99 123.21 50.67 53.67 64.03
19.82 106.16 116.67 47.31 61.71
4.50 181.41 15.50 54.40 70.67
5.67 120.74 29.33 45.94 64.83
9.67 126.84 47.67 50.01 61.63
22.71 126.33 112.33 52.33 74.54
```

15.84 73.89 134.00 62.06 43.50  
 8.69 83.59 65.00 50.27 73.84  
 18.09 149.40 75.67 71.84 52.30  
 19.16 116.25 103.00 50.88 62.26  
 16.98 114.08 93.00 53.70 74.56  
 18.41 201.86 57.00 53.68 69.98  
 12.56 80.51 97.50 40.24 61.77  
 9.29 108.51 53.50 49.63 77.48  
 10.97 100.83 68.00 44.84 63.69  
 21.75 139.17 97.67 53.37 69.16  
 18.17 128.05 88.67 54.66 71.13  
 12.906 121.61 66.33 48.83 76.10  
 6.378 89.91 44.33 49.63 66.34  
 5.011 104.39 30.00 58.77 75.53  
 9.131 86.04 66.33 47.07 63.33  
 14.149 139.63 63.33 41.15 61.10  
 10.954 105.87 64.67 48.76 66.88  
 8.598 114.33 47.00 53.45 71.74  
 8.290 117.76 44.00 51.90 72.47  
 8.608 110.55 48.67 49.58 66.84  
 11.000 110.30 62.33 49.34 64.66  
 12.655 89.54 88.33 44.64 63.23  
 4.860 107.21 28.33 47.70 68.10

;

```

proc cancorr out=canout vprefix=sales vname="Sales Variables"
                wprefix=scores wname="Test Scores";
var Rto PF;
with FPP DE EP;
run;
proc gplot;
axis1 length=3 in;
axis2 length=4.5 in;
plot sales1*scores1 / vaxis=axis1 haxis=axis2;
symbol v=J f=special h=2 i=r color=black;
run;
  
```

## Correlaciones Genéticas y Análisis de Sendero

Hallauer et al. (1988) indican que las correlaciones genéticas son importantes para determinar el grado de asociación entre las variables de

importancia agronómica, y cómo estas relaciones pueden mejorar la selección. Las correlaciones genéticas son útiles si la selección indirecta da una mayor respuesta a la selección para un rasgo que la selección directa para el mismo rasgo. Esto depende de las estimaciones de la heredabilidad de cada rasgo y de la correlación genética entre ellos. Normalmente, en programas de selección cíclica o en programas de desarrollo de líneas que requieren una combinación de caracteres para satisfacer a los productores, se mide más de una característica en las progenies evaluadas.

Aunque en el rendimiento es el principal carácter y de mayor interés para el mejorador, también la madurez, la estabilidad, la calidad del grano, la fortaleza del tallo, la tolerancia al estrés abiótico y biótico, entre otros, son caracteres que el mejorador de maíz moderno debe tener en cuenta para la utilidad final de los genotipos evaluados para el rendimiento del grano. Por ejemplo, un genotipo de alto rendimiento tendrá un uso limitado en la parte norte del Cinturón de Maíz de los Estados Unidos si es de floración muy tardía, tiene un alto contenido de humedad en el grano en la madurez fisiológica, y tiene una lenta tasa de pérdida de humedad entre la madurez fisiológica y la madurez de la cosecha. Del mismo modo, un genotipo de alto rendimiento que tiene una calidad de tallo muy pobre no es aceptable en situaciones que utilizan la cosecha mecánica. Por lo tanto, es importante buscar las asociaciones deseables entre los caracteres.

En frijol común (*Phaseolus vulgaris*) la variable que mejor se ha correlacionado y que ha tenido un mayor efecto sobre el rendimiento de grano, es el número de vainas por planta, la cual debería considerarse en la selección indirecta para aumentar este rasgo (Gonçalves et al., 2003). En zapallo (*Cucurbita moschata*) se ha encontrado que las correlaciones genéticas fueron superiores a las fenotípicas y ambientales. La producción por planta presentó las correlaciones parciales fenotípicas y genéticas más altas con el peso por fruto y el número de frutos por planta, por lo tanto, estas dos variables pueden usarse como criterios de selección para la obtención de cultivares de alto rendimiento en esta especie (Espitia et al., 2005). En un estudio con 81 genotipos de tomate de árbol (*Solanum betaceum*), el peso de fruto (PF) presentó las mayores correlaciones genéticas con el peso de pulpa más semilla y el diámetro ecuatorial del fruto. El análisis de sendero con base en las correlaciones genotípicas, mostró que el espesor interno del fruto fue la variable que tuvo el mayor efecto directo sobre el peso de fruto, lo cual demuestra que una selección

por peso de fruto da como resultado un aumento en el espesor interno del mismo (Duarte et al., 2012).

Ceballos et al. (1991) encontraron un aumento muy rápido de la resistencia a las enfermedades tizón de la hoja del maíz del norte (NCLB) inducido por *Exserohilum turcicum* (Pass.) L Leonard y Suggs (= *Helminthosporium turcicum* Pass.) y roya (*Puccinia sorghi* Schw.) sin cambiar la madurez de las poblaciones ni reducir el potencial de rendimiento del grano, medido por la siembra en condiciones relativamente libres de enfermedades. Bajo la presión de la enfermedad, el rendimiento se asoció con la resistencia a NCLB, la reducción del volcamiento del tallo y el mayor número de mazorcas por planta. Los resultados sugieren altos valores de heredabilidad para la resistencia poligénica a NCLB. Este estudio también proporcionó pruebas de que la selección para aumentar la resistencia a NCLB no disminuye necesariamente el potencial de rendimiento. No se encontró evidencia de una asociación negativa consistente entre la resistencia a NCLB y el potencial de rendimiento cuando se evaluó en ausencia de la enfermedad. Además, resistencia a la NCLB tuvo un efecto positivo significativo en rendimiento con la presión de la enfermedad. Del mismo modo, no se encontraron pruebas de correlación negativa entre NCLB o el rendimiento y la resistencia a la roya.

En otros casos, las correlaciones de magnitud negativa entre los caracteres no son deseables para los avances en los programas de fitomejoramiento. En los frutales y hortalizas de fruto, cuando se incrementa el número de frutos por planta disminuye el peso de frutos, tal como lo encontraron Echeverri *et al.* (1998) en pimentón (*Capsicum annuum*), donde se dieron correlaciones fenotípicas y genotípicas negativas entre el rendimiento y el peso promedio del fruto. Esto sugiere la dificultad de mejorar la producción aumentando el tamaño y/o el peso del fruto. Como consecuencia, la selección simultánea por alto rendimiento por planta con frutos grandes será difícil.

La función productiva de un cultivo está dada por:

$$F = G + L + G \times L$$

Donde **F**= fenotipo, **G**= genotipo, **L**= ambiente dado por las condiciones edafoclimáticas de localidad y las labores culturales del cultivo.

“Se supone que las desviaciones ambientales y los valores genotípicos son independientes entre sí; en otras palabras, no hay correlación entre el valor genotípico y la desviación ambiental. La correlación entre el genotipo y el medio ambiente rara vez es una complicación importante y, por lo general, puede ignorarse en las poblaciones experimentales, donde la aleatorización del medio ambiente es uno de los principales objetivos del diseño experimental. Sin embargo, hay algunas situaciones en las que la correlación existe. La producción de leche en el ganado lechero es un ejemplo. La práctica normal de la ganadería lechera consiste en alimentar a las vacas en función de su rendimiento, y los mejores fenotipos reciben más comida. Esto introduce una correlación entre el valor fenotípico y la desviación ambiental; y, puesto que los valores genotípicos y fenotípicos están correlacionados, también existe una correlación entre el valor genotípico y la desviación ambiental. Cuando existe una correlación, la varianza fenotípica se incrementa en el doble de la covarianza de los valores genotípicos y las desviaciones ambientales” (Falconer & Mackay, 1996).

Entonces, en términos de varianza, la ecuación de la función productiva se convierte en:

$$\sigma_F^2 = \sigma_G^2 + \sigma_L^2 + 2Cov(G, L)$$

La forma de medir la  $cov(G, L)$ , es estimar la  $\sigma_L^2$  al descomponer la  $\sigma_F^2$  en  $\sigma_G^2$  y  $\sigma_L^2$ . De esta forma, también se estima la  $\sigma_G^2$  directamente de la varianza de genotipos que son diferentes y son evaluados en un ambiente constante. La obtención de la  $\sigma_G^2$  y  $\sigma_L^2$  estimados directamente de la  $\sigma_F^2$ , produce una estimación de  $2cov(G, L)$ . Esto es posible solo cuando se tienen líneas homocigotas y si los aspectos no aleatorios del ambiente, como por ejemplo los niveles de riego, pudieran ser identificados. La covarianza, que en la práctica se desconoce, se considera como parte de la varianza genética, ya que los aspectos no aleatorios del ambiente hacen parte de ella, tal como lo expresan Falconer & Mackay (1996), para quienes esto es no es descabellado con la producción de leche de vaca y es menos satisfactorio con la inteligencia humana, porque los efectos ambientales en los niños no son una consecuencia de sus propios genotipos, sino de los genotipos de sus padres.

Las correlaciones son importantes por tres razones primordiales. En primer lugar, las causas genéticas de la correlación se dan a través de la acción pleiotrópica de los genes. En segundo lugar, respecto a los cambios provocados por la selección, es importante saber cómo la mejora de una variable provocará un cambio simultáneo en otras características. Y, en tercer lugar, en relación con la selección natural, la correspondencia entre



un carácter cuantitativo métrico y la aptitud es el agente principal que determina las propiedades genéticas de ese carácter en una población natural; por lo tanto, es importante distinguir entre las causas de la correlación genética y la de tipo ambiental (Falconer & Mackay, 1996).

Como se dijo anteriormente, la causa genética de la correlación, principalmente, es la pleiotropía, aunque el equilibrio de ligamiento es una causa de correlación transitoria, especialmente en las poblaciones derivadas de cruzamientos entre materiales genéticos. La pleiotropía no es más que la propiedad de un gen que afecta a dos o más caracteres, de modo que si el gen es segregante provoca una variación simultánea en los caracteres a los que afecta. El grado de correlación resultante de la pleiotropía expresa el grado que dos caracteres están influenciados por los mismos genes. Pero la correlación resultante de la pleiotropía es el efecto global, o neto, de todos los genes segregantes que afectan a ambos caracteres. Algunos genes pueden aumentar ambos caracteres, mientras que, en otros, los primeros tienden a causar una correlación positiva y los segundos una negativa. Así pues, la pleiotropía no provoca necesariamente una correlación detectable. El medio ambiente es una causa de correlación en la medida en que dos caracteres están influenciados por las mismas diferencias de condiciones ambientales. De nuevo, la correlación resultante de causas ambientales es el efecto global de todos los factores ambientales que varían; algunos pueden tender a causar una correlación positiva, otros una negativa (Falconer & Mackay, 1996).

La correlación entre dos caracteres tiene los componentes de correlación entre valores genotípicos y las desviaciones ambientales. De esta forma, se evalúan independientemente las causas genéticas, fenotípicas y ambientales de la correlación. Cuando se tiene una estructura familiar es posible estimar la correlación genética aditiva. La correlación de los *breeding value* o los valores como progenitor de dos caracteres evaluados en los materiales genéticos, y la correlación ambiental —que no es rigurosamente la correlación de las desviaciones ambientales, sino la correlación de las desviaciones ambientales junto con las desviaciones genéticas no aditivas—, son las correlaciones genéticas y ambientales que corresponden a la división de la covarianza en el componente genético aditivo frente al resto. Lo que se necesita es una estimación de la correlación genética  $r_G$  definida como la correlación del valor como progenitor para dos caracteres, la cual contiene la mayor parte

de la información restante contenida en la correlación fenotípica,  $r_F$ , la cual se da entre los valores fenotípicos (Mayo, 1980).

Las correlaciones fenotípicas ( $r_{F(X,Z)}$ ), genotípica ( $r_{G(X,Z)}$ ) y ambiental ( $r_{L(X,Z)}$ ), se calculan así:

$$r_{F(X,Z)} = \frac{Cov_{F(X,Z)}}{\sqrt{S_{F_X} S_{F_Z}}}$$

Donde:  $Cov_{F(X,Z)}$  = covarianza fenotípica entre los caracteres  $X$  y  $Z$ ,  $S_{F_X}, S_{F_Z}$  = desviaciones estándar fenotípicas de las variables  $X$  y  $Z$ , respectivamente.

$$r_{G(X,Z)} = \frac{Cov_{G(X,Z)}}{\sqrt{S_{G_X} S_{G_Z}}}$$

Donde:  $Cov_{G(X,Z)}$  = covarianza genotípica entre los caracteres  $X$  y  $Z$ ,  $S_{F_X}, S_{F_Z}$  = desviaciones estándar genotípicas de las variables  $X$  y  $Z$ , en su orden.

$$r_{L(X,Z)} = \frac{Cov_{L(X,Z)}}{\sqrt{S_{L_X} S_{L_Z}}}$$

Donde:  $Cov_{L(X,Z)}$  = covarianza ambiental entre los caracteres  $X$  y  $Z$ ,  $S_{L_X}, S_{L_Z}$  = desviaciones estándar ambientales de las variables  $X$  y  $Z$ , consecutivamente.

Para el cálculo de estas correlaciones es necesario disponer del Análisis de Varianza bajo el modelo escogido en la investigación. En este caso, se utilizarán los datos de las variables relacionadas con los componentes del rendimiento de un Dialélico Parcial Circulante (DPC) entre 48 parentales de tomate de árbol (*Solanum betaceum*) evaluados en tres localidades (Anexo 3.3). Se considera un modelo mixto, donde los genotipos son de efecto aleatorio y las localidades de efecto fijo. Hay que aclarar que, en cada localidad, el experimento se llevó a cabo bajo el Diseño Látice simple 9x9. Las eficiencias del Diseño Látice respecto al diseño Bloques Completos al azar (BCA) BCA, estuvo entre 98 a 112%, de ahí que la información de las variables se analizó con el diseño de BCA. El modelo estadístico (Kempton & Kurnow, 1961) utilizado, fue el siguiente:

$$Y_{ijk} = \mu + L_K + R_j(L_k) + G_i + (L \times G)_{ki} + \varepsilon_{ijk}$$

Donde:  $\mu$  = a la media general del experimento,  $L_K$  = efecto de la localidad k-esima,  $R_j(L_k)$  = efecto de la repetición j-ésima dentro de la localidad k-esima,  $G_i$  = efecto del genotipo i-ésimo,  $(L \times G)_{ki}$  = interacción de la localidad k-ésima por el genotipo i-ésimo y  $\varepsilon_{ijk}$  = error experimental.

$$G_i = g_{i_1} + g_{i_2} + S_{i_1 i_2}$$

En la cual  $g_{i_1}$ ,  $g_{i_2}$  y  $S_{i_1 i_2}$ , se asumen como variables independientes con varianzas  $\sigma_{g_{i_1}}^2$ ,  $\sigma_{g_{i_2}}^2$  y  $\sigma_{S_{i_1 i_2}}^2$ , donde:  $\sigma_g^2 = Cov(MH)$  y  $\sigma_s^2 = Cov(HC) - 2Cov(MH)$ . En este caso,  $g$  = efectos de aptitud combinatoria general (ACG),  $s$  = aptitud combinatoria específica (ACE),  $MH$  = familias de medios hermanos y  $HC$  = hermanos completos.

Kempton & Kurnow (1961), quienes desarrollaron el diseño del diallelo parcial circulante, cuyo procedimiento estadístico se explicará en el capítulo 5, indican que, para un valor general de endocría ( $F$ ), el componente  $\sigma_g^2 = Cov(MH)$  involucra solo las variaciones debidas a efectos aditivos e interacciones de los efectos aditivos y que  $\sigma_s^2 = Cov(HC) - 2Cov(MH)$  involucra la varianza debida a efectos no aditivos.

Si se tienen líneas completamente endogámicas, la  $\sigma_g^2 = \frac{1}{4}\sigma_A^2 + \frac{1}{4}\sigma_{AA}^2 + \dots$  y la  $\sigma_s^2 = \sigma_D^2 + \frac{1}{2}\sigma_{AA}^2 + \dots$ . La varianza genotípica total es  $\sigma_g^2 + \sigma_s^2$ . Si se ignora la epistasis, la varianza aditiva es  $2\sigma_g^2$ . La relación entre la varianza aditiva y la varianza genotípica total sería entonces  $2\sigma_g^2 / (2\sigma_g^2 + \sigma_s^2)$ . La raíz cuadrada del doble de la relación entre dominancia y varianza aditiva, si las frecuencias de los genes son iguales a 1/2, se puede interpretar como el grado medio de dominancia, el cual es  $\sqrt{\sigma_s^2 / \sigma_g^2}$ .

Ahora, si se tienen materiales genéticos no endogámicos en absoluto, es decir,  $F = 0$ , la  $\sigma_g^2 = \frac{1}{4}\sigma_A^2 + \frac{1}{16}\sigma_{AA}^2 + \dots$  y la  $\sigma_s^2 = \sigma_D^2 + \frac{1}{8}\sigma_{AA}^2 + \dots$ . La varianza genotípica total es  $\sigma_g^2 + \sigma_s^2$ . Si se puede ignorar la epistasis, la varianza aditiva es igual a la  $\sigma_g^2$ . La relación entre la varianza aditiva y la varianza genotípica total sería entonces  $\sigma_g^2 / (\sigma_g^2 + \sigma_s^2)$ . El grado medio de dominancia correspondería a  $\sqrt{2\sigma_s^2 / \sigma_g^2}$ .

El ANDEVA del modelo estadístico antes descrito se presenta en la Tabla 3.7. Aquí se observan las esperanzas de los cuadrados medios de los parámetros genéticos de los híbridos y sus componentes genéticos como son la ACG y la ACE.

**Tabla 3.7**

*ANDEVA para un Dialélico Parcial Circulante entre p Parentales Evaluados en l Localidades o Ambientes.*

| <i>FV</i>               | <i>GL</i>       | <i>CM</i>           | <i>CME</i>                                                                                                         |
|-------------------------|-----------------|---------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Ambientes (l)           | l-1             |                     |                                                                                                                    |
| Bloques/ambientes (b/l) | l(b-1)          |                     |                                                                                                                    |
| Cruzas (c)              | (ps/2)-1        | CM <sub>c</sub>     | $\sigma_e^2 + b\sigma_{cxl}^2 + bl\sigma_c^2$                                                                      |
| ACG                     | p-1             | CM <sub>ACG</sub>   | $\sigma_e^2 + b\sigma_{sxl}^2 + \frac{bs(p-2)}{p-1}\sigma_{gxl}^2 + bl\sigma_s^2 + \frac{lbs(p-2)}{p-1}\sigma_g^2$ |
| ACE                     | p(s/2-1)        | CM <sub>ACE</sub>   | $\sigma_e^2 + b\sigma_{sxl}^2 + bl\sigma_s^2$                                                                      |
| c x l                   | [(ps/2)-1](l-1) | CM <sub>cxl</sub>   | $\sigma_e^2 + b\sigma_{cxl}^2$                                                                                     |
| ACG x l                 | (p-1)(l-1)      | CM <sub>ACGxl</sub> | $\sigma_e^2 + b\sigma_{sxl}^2 + \frac{bs(p-2)}{p-1}\sigma_{gxl}^2$                                                 |
| ACE x l                 | [p(s/2-1)](l-1) | CM <sub>ACExl</sub> | $\sigma_e^2 + b\sigma_{sxl}^2$                                                                                     |
| Error (e)               | l(b-1)(ps/2-1)  | CM <sub>e</sub>     | $\sigma_e^2$                                                                                                       |
| Total                   | lb(ps/2)-1      |                     |                                                                                                                    |

*Nota.* p = progenitores, l = localidad o ambiente, b = bloques o repeticiones, c = cruzas, g = varianza de los efectos de aptitud combinatoria general, s = varianza de los efectos de aptitud combinatoria específica.

Una vez se tiene claro el modelo genético utilizado, se puede hacer el cálculo de las correlaciones genéticas. Para obtener la correlación entre las cinco variables consideradas en el Anexo 3.3, el primer paso es sumar las variables involucradas en cada correlación, por ejemplo, para FPP vs PF, se suman los valores de ellas y se obtiene una variable FPP+PF, luego se hace el ANDEVA para las tres. De esta forma, se obtuvieron las sumas de las demás variables. Los ANDEVAS combinados a través de las localidades de las variables originales y las sumas de cuadrado (SC) de las variables generadas se observan en las Tablas 3.8 y 3.9, respectivamente. Los análisis se hicieron con la ayuda de los paquetes estadísticos SAS y GENES, cuya sintaxis se explicará en el capítulo 5.

**Tabla 3.8**

ANDEVA Combinado Para Cinco Variables de un Dialélico Parcial Circulante Entre 48 Parentales de Tomate de Árbol (*Solanum betaceum*), Evaluados en Tres Localidades del Departamento de Nariño.

| Variables      |     | FPP      |                | PF       |                | DE     |               | EP     |              | Rto    |               |
|----------------|-----|----------|----------------|----------|----------------|--------|---------------|--------|--------------|--------|---------------|
| FV             | GL  | SC       | CM             | SC       | CM             | SC     | CM            | SC     | CM           | SC     | CM            |
| Localidad (L)  | 2   | 106101,1 | <b>53050,6</b> | 52789,3  | <b>26394,6</b> | 4512,9 | <b>2256,5</b> | 1406,1 | <b>703,0</b> | 4447,4 | <b>2223,7</b> |
| Repetición/L   | 3   | 99708,3  | <b>33236,1</b> | 51163,3  | <b>17054,4</b> | 1111,2 | <b>370,4</b>  | 1536,7 | <b>512,2</b> | 3295,8 | <b>1098,6</b> |
| Genotipo (G)   | 80  | 80333,0  | <b>1004,2</b>  | 112901,5 | <b>1411,3</b>  | 7640,9 | <b>95,5</b>   | 4771,7 | <b>59,6</b>  | 1734,0 | <b>21,7</b>   |
| H vs T         | 1   | 4073,1   | <b>4073,1</b>  | 1264,9   | <b>1264,9</b>  | 4,6    | 4,6           | 5,2    | 5,2          | 117,1  | <b>117,1</b>  |
| Híbridos (H)   | 71  | 72549,9  | <b>1021,8</b>  | 93819,5  | <b>1321,4</b>  | 6493,7 | <b>91,5</b>   | 3946,4 | <b>55,6</b>  | 1525,5 | 21,5          |
| ACG            | 47  | 54078,9  | <b>1150,6</b>  | 85980,4  | <b>1829,4</b>  | 5098,8 | 108,5         | 3517,8 | <b>74,8</b>  | 1032,0 | 22,0          |
| ACE            | 24  | 18472,2  | <b>769,7</b>   | 7841,3   | 326,7          | 1395,0 | <b>58,1</b>   | 427,9  | 17,8         | 493,4  | 20,6          |
| Testigos (T)   | 8   | 3710,0   | <b>463,7</b>   | 17817,2  | <b>2227,1</b>  | 1142,7 | <b>142,8</b>  | 820,1  | <b>102,5</b> | 91,4   | 11,4          |
| LxG            | 160 | 79532,4  | 497,1          | 48771,5  | <b>304,8</b>   | 6849,3 | <b>42,8</b>   | 6211,7 | 38,8         | 2802,8 | 17,5          |
| HvsTxL         | 2   | 2381,3   | 1190,6         | 55,2     | 27,6           | 24,9   | 12,5          | 15,3   | 7,7          | 76,5   | 38,2          |
| H*L            | 142 | 69030,3  | 486,1          | 42623,8  | 300,2          | 6063,2 | <b>42,7</b>   | 5233,0 | 36,9         | 2436,1 | 17,2          |
| ACGxL          | 94  | 36635,1  | 389,7          | 30669,3  | <b>326,3</b>   | 3440,0 | 36,6          | 3736,6 | 39,8         | 1477,5 | 15,7          |
| ACExL          | 48  | 32393,9  | <b>674,9</b>   | 11954,4  | 249,0          | 2623,1 | <b>54,6</b>   | 1496,0 | 31,2         | 958,1  | 20,0          |
| TxL            | 16  | 8120,8   | <b>507,5</b>   | 6092,5   | 380,8          | 761,2  | <b>47,6</b>   | 963,3  | <b>60,2</b>  | 290,2  | <b>18,1</b>   |
| Error          | 240 | 100590,4 | 419,1          | 56013,8  | 233,4          | 6785,0 | 28,3          | 8467,1 | 35,3         | 3588,7 | 15,0          |
| R <sup>2</sup> |     |          | 0,8            |          | 0,8            |        | 0,7           |        | 0,6          |        | 0,8           |
| CV             |     |          | 34,0           |          | 12,2           |        | 9,8           |        | 8,9          |        | 34,0          |

Nota. R<sup>2</sup>= coeficiente de determinación, CV= coeficiente de variación en porcentaje, ACG= aptitud combinatoria general, ACE= aptitud combinatoria específica, FPP= frutos por planta, PF= peso de fruto en g, DE= diámetro ecuatorial del fruto en mm, EP= eje polar en mm, Rto= rendimiento en t/ha.

De las sumas de cuadrados (SC) del ANDEVA de las variables generadas, se calcula la suma de productos (SP) de las variables de una correlación. Si se tienen las variables A, B y A+B, entonces la  $SP_{(A,B)} = SC_{(A+B)} - SC_{(A)} - SC_{(B)}$ . Inmediatamente, se obtienen los cuadrados medios para las variables A, B y A+B, dividiendo las SP entre los grados de libertad de las respectivas fuentes de variación. Para el caso de tomate de árbol, del ANDEVA combinado de las variables originales (Tabla 3.8) y de las variables generadas para el dialélico parcial circulante de 48 parentales (Tabla 3.9) se obtuvo la SP para todas las fuentes de variación (Tabla 3.10).

**Tabla 3.9**

Sumas de Cuadrado del ANDEVA Combinado Para las Variables Generadas por las Sumas de las Cinco Variables del Dialélico Parcial Circulante entre 48 Parentales de Tomate de Árbol (*Solanum betaceum*), Evaluadas en Tres Localidades del Departamento de Nariño.

| <b>FV</b>     | <b>GL</b> | <b>FPP+PF</b> | <b>FPP+DE</b> | <b>FPP+EP</b> | <b>FPP+Rto</b> | <b>PF+DE</b>  |
|---------------|-----------|---------------|---------------|---------------|----------------|---------------|
| Localidad (L) | 2         | 108294,1      | 152100,8      | 88962,1       | 153570,2       | 56675,6       |
| Repetición/L  | 3         | 15297,5       | 107337,7      | 94998,2       | 139245,5       | 52363,0       |
| Genotipo (G)  | 80        | 75577,1       | 60627,0       | 71945,1       | 100774,3       | 167034,8      |
| H vs T        | 1         | 798,0         | 4349,7        | 4368,0        | 5571,0         | 1118,1        |
| Híbridos (H)  | 71        | 66881,2       | 54362,3       | 65095,0       | 90651,8        | 138546,8      |
| ACG           | 47        | 45001,4       | 36693,3       | 45694,6       | 66094,7        | 126594,1      |
| ACE           | 24        | 21879,8       | 17665,6       | 19401,2       | 24558,4        | 11952,7       |
| Testigos (T)  | 8         | 7897,9        | 1915,0        | 2482,1        | 4551,5         | 27369,9       |
| LxG           | 160       | 99777,8       | 85981,2       | 85031,6       | 107679,8       | 62565,5       |
| HvsTxL        | 2         | 3115,8        | 2464,9        | 2501,1        | 3309,1         | 114,1         |
| H*L           | 142       | 89252,7       | 74365,0       | 73832,5       | 93253,0        | 54741,4       |
| ACGxL         | 94        | 56226,7       | 38349,8       | 39471,9       | 49661,4        | 38842,1       |
| ACExL         | 48        | 33029,7       | 36015,8       | 34359,9       | 43590,9        | 15899,3       |
| TxL           | 16        | 7409,2        | 9151,3        | 8698,0        | 11117,8        | 7710,0        |
| Error         | 240       | 129504,1      | 99802,7       | 113578,3      | 137696,5       | 69473,7       |
| <b>FV</b>     | <b>GL</b> | <b>PF+EP</b>  | <b>PF+Rto</b> | <b>DE+EP</b>  | <b>DE+Rto</b>  | <b>EP+Rto</b> |
| Localidad (L) | 2         | 48062,5       | 50992,1       | 1248,8        | 17768,9        | 1640,8        |
| Repetición/L  | 3         | 51771,1       | 30036,5       | 138,8         | 5686,4         | 3607,9        |
| Genotipo (G)  | 80        | 146115,9      | 112204,4      | 17273,1       | 8445,9         | 6624,2        |
| H vs T        | 1         | 1108,6        | 612,5         | 19,4          | 167,7          | 171,5         |
| Híbridos (H)  | 71        | 120992,7      | 94146,6       | 14445,7       | 7041,4         | 5700,6        |
| ACG           | 47        | 111450,3      | 85432,5       | 12989,3       | 5435,2         | 4619,5        |
| ACE           | 24        | 9542,4        | 8714,0        | 1456,4        | 1606,2         | 1081,1        |
| Testigos (T)  | 8         | 24014,5       | 17445,4       | 2808,0        | 1236,8         | 752,0         |
| LxG           | 160       | 61301,3       | 54594,4       | 9294,1        | 11010,7        | 399,7         |
| HvsTxL        | 2         | 104,9         | 250,4         | 79,0          | 125,1          | 110,5         |
| H*L           | 142       | 52884,3       | 48355,3       | 7903,7        | 9576,4         | 7998,0        |
| ACGxL         | 94        | 39878,7       | 35777,2       | 5037,6        | 5494,2         | 5740,9        |
| ACExL         | 48        | 13005,6       | 12578,1       | 2866,1        | 4082,2         | 2257,1        |
| TxL           | 16        | 8312,1        | 5988,7        | 1311,4        | 1327,6         | 1307,1        |
| Error         | 240       | 71654,3       | 62389,3       | 10453,9       | 9351,8         | 13595,2       |

Por ejemplo, para la correlación del FPP vs PF, la SP de localidades se obtuvo de la siguiente manera:

$$SP_{FPP+PF} = (1/2)(108294,1 - 106101,1 - 52789,3) = -25298,16$$

La SP de los genotipos:

$$SP_{FPP+PF} = (1/2)(75577,1 - 80333,0 - 112901,5) = -58828,70$$

La SP de los híbridos:

$$SP_{FPP+PF} = (1/2)(68821,2 - 72549,9 - 93819,5) = -49745,85$$

La SP de la ACG:

$$SP_{FPP+PF} = (1/2)(111450,3 - 54078,9 - 85980,4) = -47528,99$$

La SP de la ACE:

$$SP_{FPP+PF} = (1/2)(9542,4 - 18472,2 - 7841,3) = -2216,85$$

De la misma manera, se calculan las SP para las relaciones planteadas. Estas se condensan en la Tabla 3.10.

**Tabla 3.10**

Sumas de Productos del ANDEVA Combinado Para las Variables Generadas por las Sumas de las Cinco Variables del Dialélico Parcial Circulante Entre 48 Parentales de Tomate de Árbol (*Solanum betaceum*), Evaluados en Tres Localidades del Departamento de Nariño.

| <b>FV</b>     | <b>GL</b> | <b>FPP+PF</b> | <b>FPP+DE</b> | <b>FPP+EP</b> | <b>FPP+Rto</b> | <b>PF+DE</b>  |
|---------------|-----------|---------------|---------------|---------------|----------------|---------------|
| Localidad (L) | 2         | -25298,16     | 20743,39      | -9272,54      | 21510,85       | -313,28       |
| Repetición/L  | 3         | -67787,00     | 3259,10       | -3123,39      | 18120,73       | 44,24         |
| Genotipo (G)  | 80        | -58828,70     | -13673,49     | -6579,79      | 9353,65        | 23246,15      |
| H vs T        | 1         | -2269,98      | 136,02        | 144,90        | 690,42         | -75,70        |
| Híbridos (H)  | 71        | -49745,85     | -12343,01     | -5700,46      | 8288,31        | 19115,60      |
| ACG           | 47        | -47528,99     | -11242,21     | -5951,03      | 5491,86        | 17757,46      |
| ACE           | 24        | -2216,85      | -1100,80      | 250,57        | 2796,46        | 1358,14       |
| Testigos (T)  | 8         | -6814,62      | -1468,83      | -1024,00      | 375,06         | 4205,02       |
| LxG           | 160       | -14263,07     | -200,28       | -356,23       | 12672,29       | 3472,37       |
| HvsTxL        | 2         | 339,65        | 29,33         | 52,24         | 425,66         | 16,98         |
| H*L           | 142       | -11198,16     | -363,28       | -214,93       | 10893,87       | 3027,29       |
| ACGxL         | 94        | -5538,88      | -862,64       | -449,89       | 5774,42        | 2366,38       |
| ACExL         | 48        | -5659,28      | 499,37        | 234,97        | 5119,45        | 660,91        |
| TxL           | 16        | -3402,02      | 134,68        | -193,07       | 1353,38        | 428,19        |
| Error         | 240       | -13550,08     | -3786,35      | 2260,35       | 16758,69       | 3337,48       |
| <b>FV</b>     | <b>GL</b> | <b>PF+EP</b>  | <b>PF+Rto</b> | <b>DE+EP</b>  | <b>DE+Rto</b>  | <b>EP+Rto</b> |
| Localidad (L) | 2         | -3066,45      | -3122,29      | -2335,08      | 4404,26        | -2106,33      |
| Repetición/L  | 3         | -464,47       | -12211,29     | -1254,58      | 639,68         | -612,33       |
| Genotipo (G)  | 80        | 14221,33      | -1215,56      | 2430,21       | -464,52        | 59,23         |
| H vs T        | 1         | -80,72        | -384,76       | 4,85          | 23,03          | 24,64         |
| Híbridos (H)  | 71        | 11612,60      | -600,31       | 2003,06       | -488,91        | 114,75        |
| ACG           | 47        | 10976,03      | -789,96       | 2186,35       | -347,82        | 34,83         |
| ACE           | 24        | 636,57        | 189,65        | -183,28       | -141,09        | 79,92         |
| Testigos (T)  | 8         | 2688,64       | -231,60       | 422,58        | 1,35           | -79,74        |
| LxG           | 160       | 3159,07       | 1510,02       | -1883,45      | 679,26         | -4307,41      |
| HvsTxL        | 2         | 17,20         | 59,35         | 19,36         | 11,85          | 9,34          |
| H*L           | 142       | 2513,98       | 1648,05       | -1696,05      | 538,87         | 164,91        |
| ACGxL         | 94        | 2736,37       | 1815,20       | -1069,51      | 288,36         | 263,39        |
| ACExL         | 48        | -222,39       | -167,15       | -626,54       | 250,50         | -98,48        |
| TxL           | 16        | 628,12        | -197,01       | -206,55       | 138,13         | 26,78         |
| Error         | 240       | 3586,69       | 1393,42       | -2399,13      | -510,94        | 769,65        |

Al dividir la SP, por los respectivos grados de libertad (GL), se obtienen los cuadrados medios de las variables generadas (Tabla 3.11), los cuales junto a los cuadrados medios de las variables originales (Tabla 3.8)



permitirán hacer los cálculos de los coeficientes de regresión genotípica, fenotípica y ambiental, tal como se explicará a continuación.

**Tabla 3.11**

*Cuadrados Medios del ANDEVA Combinado Para las Variables Generadas por las Sumas de las Cinco Variables del Dialélico Parcial Circulante Entre 48 Parentales de Tomate de Árbol (*Solanum betaceum*), Evaluados en Tres Localidades del Departamento de Nariño.*

| <b>FV</b>     | <b>GL</b> | <b>FPP+PF</b> | <b>FPP+DE</b> | <b>FPP+EP</b> | <b>FPP+Rto</b> | <b>PF+DE</b>  |
|---------------|-----------|---------------|---------------|---------------|----------------|---------------|
| Localidad (L) | 2         | -12649,08     | 10371,70      | -4636,27      | 10755,42       | -156,64       |
| Repetición/L  | 3         | -22595,67     | 1086,37       | -1041,13      | 6040,24        | 14,75         |
| Genotipo (G)  | 80        | -735,36       | -170,92       | -82,25        | 116,92         | 290,58        |
| H vs T        | 1         | -2269,98      | 136,02        | 144,90        | 690,42         | -75,70        |
| Híbridos (H)  | 71        | -700,65       | -173,85       | -80,29        | 116,74         | 269,23        |
| ACG           | 47        | -1011,26      | -239,20       | -126,62       | 116,85         | 377,82        |
| ACE           | 24        | -92,37        | -45,87        | 10,44         | 116,52         | 56,59         |
| Testigos (T)  | 8         | -851,83       | -183,60       | -128,00       | 46,88          | 525,63        |
| LxG           | 160       | -89,14        | -1,25         | -2,23         | 79,20          | 21,70         |
| HvsTxL        | 2         | 169,83        | 14,67         | 26,12         | 212,83         | 8,49          |
| H*L           | 142       | -78,86        | -2,56         | -1,51         | 76,72          | 21,32         |
| ACGxL         | 94        | -58,92        | -9,18         | -4,79         | 61,43          | 25,17         |
| ACExL         | 48        | -117,90       | 10,40         | 4,90          | 106,66         | 13,77         |
| TxL           | 16        | -212,63       | 8,42          | -12,07        | 84,59          | 26,76         |
| Error         | 240       | -56,46        | -15,78        | 9,42          | 69,83          | 13,91         |
| <b>FV</b>     | <b>GL</b> | <b>PF+EP</b>  | <b>PF+Rto</b> | <b>DE+EP</b>  | <b>DE+Rto</b>  | <b>EP+Rto</b> |
| Localidad (L) | 2         | -1533,22      | -1561,15      | -1167,54      | 2202,13        | -1053,16      |
| Repetición/L  | 3         | -154,82       | -4070,43      | -418,19       | 213,23         | -204,11       |
| Genotipo (G)  | 80        | 177,77        | -15,19        | 30,38         | -5,81          | 0,74          |
| H vs T        | 1         | -80,72        | -384,76       | 4,85          | 23,03          | 24,64         |
| Híbridos (H)  | 71        | 163,56        | -8,46         | 28,21         | -6,89          | 1,62          |
| ACG           | 47        | 233,53        | -16,81        | 46,52         | -7,40          | 0,74          |
| ACE           | 24        | 26,52         | 7,90          | -7,64         | -5,88          | 3,33          |
| Testigos (T)  | 8         | 336,08        | -28,95        | 52,82         | 0,17           | -9,97         |
| LxG           | 160       | 19,74         | 9,44          | -11,77        | 4,25           | -26,92        |
| HvsTxL        | 2         | 8,60          | 29,68         | 9,68          | 5,92           | 4,67          |
| H*L           | 142       | 17,70         | 11,61         | -11,94        | 3,79           | 1,16          |
| ACGxL         | 94        | 29,11         | 19,31         | -11,38        | 3,07           | 2,80          |
| ACExL         | 48        | -4,63         | -3,48         | -13,05        | 5,22           | -2,05         |
| TxL           | 16        | 39,26         | -12,31        | -12,91        | 8,63           | 1,67          |
| Error         | 240       | 14,94         | 5,81          | -10,00        | -2,13          | 3,21          |

Con base en los datos de la Tabla 3.11 se obtienen los parámetros genéticos para las variables originales y generadas según las esperanzas

de los cuadrados medios (ECM) que se observan en la Tabla 3.7. A continuación se explica cómo se obtuvieron las varianzas de los diferentes parámetros genéticos.

$$ECM_{ACG} = \sigma_e^2 + b\sigma_{sxl}^2 + \frac{bs(p-2)}{p-1}\sigma_{gxl}^2 + bl\sigma_s^2 + \frac{lbs(p-2)}{p-1}\sigma_g^2$$

$$\sigma_g^2 = \frac{CM_{ACG} - CM_{ACE} - CM_{ACG \times l} + CM_{ACE \times l}}{\frac{lbs(p-2)}{p-1}}$$

$$\sigma_{g \times l}^2 = \frac{CM_{ACG \times l} + CM_{ACE \times l}}{\frac{lbs(p-2)}{p-1}}$$

$$ECM_{ACE} = \sigma_e^2 + b\sigma_{sxl}^2 + bl\sigma_s^2$$

$$\sigma_s^2 = \frac{CM_{ACE} - CM_{ACE \times l}}{bl}$$

$$\sigma_A^2 = \sigma_g^2; \sigma_D^2 = 2\sigma_s^2$$

$$\sigma_e^2 = \frac{CM_e}{b \times l}; \sigma_F^2 = \sigma_A^2 + \sigma_D^2 + \sigma_e^2$$

Donde:  $\sigma_g^2$  = varianza debido a los efectos de ACG,  $\sigma_s^2$  = varianza debido a los efectos de ACE,  $\sigma_A^2$  varianza aditiva,  $\sigma_D^2$  varianza de dominancia,  $\sigma_e^2$  varianza ambiental y  $\sigma_F^2$  = varianza fenotípica, l = localidad, b = bloques o repeticiones, S = número de cruzamientos en los que participa un parental (p), en este caso S es igual a tres.

Con base en las ecuaciones anteriores se obtuvieron los parámetros para las variables originales y generadas (Tabla 3.12). Para ilustrar los cálculos de estos parámetros, en seguida se presenta el proceso para los parámetros del número de FPP:

$$\sigma_g^2 = \frac{1150,6 - 769,7 - 389,7 + 674,9}{\frac{3 \times 2 \times 3 \times (48 - 2)}{48 - 1}} = 37,81$$

$$\sigma_{g \times l}^2 = \frac{389,7 - 674,9}{\frac{3 \times 2 \times 3 \times (48 - 2)}{48 - 1}} = -48,56$$

$$\sigma_s^2 = \frac{769,7 - 674,9}{2 \times 3} = 15,80$$

$$\sigma_{s \times l}^2 = \frac{674,9 - 419,13}{2 \times 3} = 127,85$$

$$\sigma_A^2 = 37,81; \sigma_D^2 = 2 \times 37,81 = 31,60; \sigma_G^2 = \sigma_A^2 + \sigma_D^2 = 37,81 + 31,60 = 69,41$$

$$\sigma_e^2 = \frac{419,1}{2 \times 3} = 69,85$$

$$\sigma_F^2 = \frac{\sigma_e^2}{bl} + \frac{\sigma_{g \times l}^2}{l} + \frac{\sigma_{s \times l}^2}{l} + \sigma_G^2 = \frac{419,13}{2 \times 3} + \left( \frac{-48,56}{3} \right) + \frac{127,85}{3} + 69,41 = 165,70$$

**Tabla 3.12**

Parámetros Genéticos Para las Variables Originales y Generadas del Dialélico Parcial Circulante Entre 48 Parentales de Tomate de Árbol (*Solanum betaceum*), Evaluados en Tres Localidades del Departamento de Nariño.

| <i>P</i>                | <i>FPP</i>     | <i>PF</i>    | <i>DE</i>    | <i>EP</i>     | <i>Rto</i>   | <i>FPP+PF</i> | <i>FPP+DE</i> | <i>FPP+EP</i> |
|-------------------------|----------------|--------------|--------------|---------------|--------------|---------------|---------------|---------------|
| $\sigma_g^2$            | 37,81          | 80,91        | 3,88         | 2,75          | 0,32         | -55,51        | -9,86         | -7,23         |
| $\sigma_s^2$            | 15,80          | 12,95        | 0,58         | -2,22         | 0,10         | 4,26          | -9,38         | 0,92          |
| $\sigma_{g \times l}^2$ | -48,56         | 13,15        | -3,07        | 1,46          | -0,72        | 10,04         | -3,33         | -1,65         |
| $\sigma_{s \times l}^2$ | 127,87         | 7,83         | 13,19        | -2,06         | 2,50         | -30,72        | 13,09         | -2,26         |
| $\sigma_A^2$            | 37,81          | 80,91        | 3,88         | 2,75          | 0,32         | -55,51        | -9,86         | -7,23         |
| $\sigma_D^2$            | 31,60          | 25,89        | 1,16         | -4,45         | 0,20         | 8,51          | -18,76        | 1,85          |
| $\sigma_e^2$            | 69,85          | 38,90        | 4,71         | 5,88          | 2,49         | -9,41         | -2,63         | 1,57          |
| $\sigma_F^2$            | 165,70         | 152,69       | 13,13        | 3,99          | 3,61         | -63,30        | -28,00        | -5,12         |
| <i>P</i>                | <i>FPP+Rto</i> | <i>PF+DE</i> | <i>PF+EP</i> | <i>PF+Rto</i> | <i>DE+EP</i> | <i>DE+Rto</i> | <i>EP+Rto</i> |               |
| $\sigma_g^2$            | 2,59           | 17,59        | 9,84         | -2,70         | 2,98         | 0,04          | -0,42         |               |
| $\sigma_s^2$            | 1,64           | 7,14         | 5,19         | 1,90          | 0,90         | -1,85         | 0,90          |               |
| $\sigma_{g \times l}^2$ | -7,70          | 1,94         | 5,75         | 3,88          | 0,29         | -0,37         | 0,83          |               |
| $\sigma_{s \times l}^2$ | 18,41          | -0,07        | -9,79        | -4,64         | -1,53        | 3,67          | -2,63         |               |
| $\sigma_A^2$            | 2,59           | 17,59        | 9,84         | -2,70         | 2,98         | 0,04          | -0,42         |               |
| $\sigma_D^2$            | 3,29           | 14,27        | 10,39        | 3,79          | 1,81         | -3,70         | 1,79          |               |
| $\sigma_e^2$            | 11,64          | 2,32         | 2,49         | 0,97          | -1,67        | -0,35         | 0,53          |               |
| $\sigma_F^2$            | 21,08          | 34,80        | 21,36        | 1,81          | 2,70         | -2,92         | 1,30          |               |

Nota. *P*= parámetro,  $\sigma_g^2$ = varianza genética debida a la ACG,  $\sigma_s^2$ = varianza genética debida a la ACE,  $\sigma_{g \times l}^2$ = varianza de la interacción ACG x localidad,  $\sigma_{s \times l}^2$ = varianza de la interacción ACE x localidad,  $\sigma_A^2$  = varianza aditiva,  $\sigma_D^2$ = varianza de dominancia,  $\sigma_e^2$ = varianza ambiental,  $\sigma_F^2$ = varianza fenotípica, FPP= frutos por planta, PF= peso de fruto en g, DE= diámetro ecuatorial del fruto en mm, EP= eje polar en mm, Rto= rendimiento en t/ha.

De esta forma, se obtuvieron los parámetros genéticos, fenotípicos y ambientales necesarios para calcular las respectivas correlaciones (Tabla 3.12). A partir de las fórmulas  $r_{G(X,Z)} = \frac{Cov_{G(X,Z)}}{\sqrt{S_{GX}S_{GZ}}}$ ,  $r_{F(X,Z)} = \frac{Cov_{F(X,Z)}}{\sqrt{S_{FX}S_{FZ}}}$  y  $r_{L(X,Z)} =$

$\frac{Cov_{L(X,Z)}}{\sqrt{S_{LX}S_{LZ}}}$ , se originan las correlaciones genéticas, fenotípicas y ambientales, respectivamente. Solo se ilustrará la correlación del número de FPP vs PF, dado que para las demás se sigue el mismo procedimiento.

Entonces, de la Tabla 3.12, se tiene que la correlación genética de FPP vs PF, es:

$$r_{G(FPP,PF)} = \frac{Cov_{G(FPP,PF)}}{\sqrt{S_{GFPP}S_{GPF}}} = \frac{-55,51}{\sqrt{37,81 \times 80,91}} = -1,00$$

La correlación fenotípica es:

$$r_{F(FPP,PF)} = \frac{Cov_{F(FPP,PF)}}{\sqrt{S_{FFPP}S_{FFPF}}} = \frac{-63,30}{\sqrt{165,70 \times 152,69}} = -0,40$$

Y la correlación ambiental es:

$$r_{L(FPP,PF)} = \frac{Cov_{L(FPP,PF)}}{\sqrt{S_{LFPP}S_{LPF}}} = \frac{9,41}{\sqrt{69,85 \times 38,90}} = -0,47$$

En la Tabla 3.13 se resumen los tres tipos de correlación entre las cinco variables relacionadas con los componentes del rendimiento de tomate de árbol (*Solanum betaceum* Cav.). Como puede observarse, las correlaciones genéticas son de tipo aditivo, las cuales son más relevantes para los programas de fitomejoramiento que las genéticas, las cuales son afectadas por los efectos de dominancia, por lo tanto, no son útiles para las estimaciones del progreso genético.

De acuerdo con Falconer & Mackay (1995) las desviaciones estándar de las correlaciones genéticas ( $r_G$ ) y aditivas, las que se pueden usar para establecer las significancias de las respectivas correlaciones, están dadas por las siguientes fórmulas:

$$\sigma_{r_G} = \frac{1 - r_G^2}{\sqrt{2}} \sqrt{\frac{\sigma(ha_X^2)\sigma(ha_Z^2)}{ha_X^2 ha_Z^2}}$$

Donde:  $ha_X^2$  y  $ha_Z^2$  son las heredabilidades en sentido amplio de los caracteres X y Z.

$$\sigma_{(r_{G_A})} = \frac{1 - r_{G_A}^2}{\sqrt{2}} \sqrt{\frac{\sigma(he_X^2)\sigma(he_Z^2)}{he_X^2 he_Z^2}}$$

Donde:  $he_X^2$  y  $he_Z^2$  son las heredabilidades en sentido estricto de los caracteres X y Z.

**Tabla 3.13**

Estimación de las Correlaciones Genéticas Aditivas ( $rGA$ ), Fenotípicas ( $rF$ ) y Ambientales ( $rL$ ) Entre Cinco Variables del Dialélico Parcial Circulante de 48 Parentales de Tomate de Árbol (*Solanum betaceum*), Evaluados en Tres Localidades del Departamento de Nariño.

| Variables  | Correlación             | FPP | PF    | DE    | EP    | rto   |
|------------|-------------------------|-----|-------|-------|-------|-------|
| <b>FPP</b> | <b><math>rGA</math></b> | 1   | -1,00 | -0,81 | -0,71 | 0,74  |
|            | <b><math>rF</math></b>  | 1   | -0,40 | -0,60 | -0,20 | 0,86  |
|            | <b><math>rL</math></b>  | 1   | -0,18 | -0,14 | 0,08  | 0,88  |
| <b>PF</b>  | <b><math>rGA</math></b> |     | 1     | 0,99  | 0,66  | -0,53 |
|            | <b><math>rF</math></b>  |     | 1     | 0,78  | 0,87  | 0,08  |
|            | <b><math>rL</math></b>  |     | 1     | 0,17  | 0,16  | 0,10  |
| <b>DE</b>  | <b><math>rGA</math></b> |     |       | 1     | 0,91  | 0,03  |
|            | <b><math>rF</math></b>  |     |       | 1     | 0,37  | -0,42 |
|            | <b><math>rL</math></b>  |     |       | 1     | -0,32 | -0,10 |
| <b>EP</b>  | <b><math>rGA</math></b> |     |       |       | 1     | -0,45 |
|            | <b><math>rF</math></b>  |     |       |       | 1     | 0,34  |
|            | <b><math>rL</math></b>  |     |       |       | 1     | 0,14  |

Nota. FPP= frutos por planta, PF= peso de fruto en g, DE= diámetro ecuatorial del fruto en mm, EP= eje polar en mm, Rto= rendimiento en t/ha.

$$\sigma_{rG} = \frac{1 - rG^2}{\sqrt{2}} \sqrt{\frac{\sigma(ha_X^2)\sigma(ha_Z^2)}{ha_X^2 ha_Z^2}} \sigma_{(rGA)} = \frac{1 - rG_A^2}{\sqrt{2}} \sqrt{\frac{\sigma(he_X^2)\sigma(he_Z^2)}{he_X^2 he_Z^2}}$$

$$\sigma_{(rGA)} = \frac{1 - rG_A^2}{\sqrt{2}} \sqrt{\frac{\sigma(he_X^2)\sigma(he_Z^2)}{he_X^2 he_Z^2}}$$

Considérese la correlación genética aditiva entre FPP vs Rto, entonces, las heredabilidades en sentido estricto de estas dos variables se calculan así:

$$he_{FPP}^2 = \frac{\sigma_{g_{FPP}}^2}{\sigma_{F_{FPP}}^2} = \frac{37,81}{123,46} = 0,31$$

La desviación estándar de la heredabilidad en sentido estricto, se calcula así:

$$\sigma_{he^2} = \frac{\sigma_{\sigma_g^2}}{\sigma_F^2}$$

$$\sigma_{\sigma_g^2} = \sqrt{\frac{2}{[b l s(p-2)]^2} \times \left[ \frac{CM_{ACG}^2}{p+1} + \frac{CM_{ACE}^2}{p(s/2-1)+1} + \frac{CM_{ACG \times l}^2}{(l-1)(p+1)+1} + \frac{CM_{ACE \times l}^2}{[[p(s/2-1)](l-1)]+2} \right]}$$

Por lo tanto,

$$\sigma_{\sigma_{g_{FPP}}}^2 = \sqrt{\frac{2}{[2 \times 3 \times 3 \times 46]^2} \times \left[ \frac{(1150,6)^2}{49} + \frac{(769,7)^2}{25} + \frac{(389,7)^2}{99} + \frac{(674,9)^2}{50} \right]} = \sqrt{0,179} = 0,42$$

$$\sigma_{he_{FPP}}^2 = \frac{\sigma_{\sigma_{g_{FPP}}}^2}{\sigma_{F_{FPP}}^2} = \frac{0,42}{123,46} = 0,003$$

La heredabilidad en sentido estricto del Rto es:

$$he_{Rto}^2 = \frac{\sigma_{g_{Rto}}^2}{\sigma_{F_{Rto}}^2} = \frac{0,32}{2,91} = 0,11$$

$$\sigma_{\sigma_{g_{Rto}}}^2 = \sqrt{\frac{2}{[2 \times 3 \times 3 \times 46]^2} \times \left[ \frac{(21,96)^2}{49} + \frac{(20,6)^2}{25} + \frac{(15,7)^2}{99} + \frac{(19,96)^2}{50} \right]} = \sqrt{0,00015} = 0,012$$

$$\sigma_{he_{Rto}}^2 = \frac{\sigma_{\sigma_{g_{Rto}}}^2}{\sigma_{F_{Rto}}^2} = \frac{0,012}{2,91} = 0,004$$

La desviación estándar de la correlación genética aditiva de FPP vs Rto, es igual a:

$$\begin{aligned} \sigma_{(r_{GA(FPP-Rto)})} &= \frac{1 - r_{GA(FPP-Rto)}^2}{\sqrt{2}} \sqrt{\frac{\sigma_{(he_{FPP}^2)} \sigma_{(he_{Rto}^2)}}{he_{FPP}^2 he_{Rto}^2}} \\ &= \frac{1 - (0,74)^2}{1,41} \sqrt{\frac{0,003 \times 0,004}{0,31 \times 0,11}} = 0,006 \end{aligned}$$

El uso de las correlaciones genéticas tiene que ver con la respuesta correlacionada de selección, con el diferencial correlacionado de selección y con la selección indirecta. En este sentido, Falconer & Mackay (1995, p. 317) plantean lo que sigue:

“El problema a considerar se refiere a la respuesta a la selección, si seleccionamos un carácter X, entonces ¿cuál será el cambio del carácter correlacionado Z? La respuesta esperada de un carácter Z, cuando se aplica la selección a otro carácter X, puede deducirse de la siguiente manera. La respuesta del carácter X —es decir, el carácter directamente seleccionado— es equivalente al valor medio de reproducción de los individuos seleccionados. El

cambio consecuente del carácter  $Z$  viene por la regresión del valor como progenitor en  $Z$  sobre el valor como progenitor en  $X$ . Esta regresión, es:

$$b_{(A)Z,X} = \frac{Cov_A}{\sigma_{AX}^2} = r_A \frac{\sigma_{AZ}}{\sigma_{AX}}$$

La respuesta del carácter  $X$ , seleccionado directamente, está dada por:

$$R_X = ih_X \sigma_{AX}$$

Por lo tanto, la respuesta correlacionada (RC) del carácter  $Z$ , es:

$$RC_Z = b_{(A)Z,X} R_X = ih_X \sigma_{AX} r_A \frac{\sigma_{AZ}}{\sigma_{AX}} = ih_X r_A \sigma_{AZ}$$

Dado que  $\sigma_{AZ} = h_Z \sigma_{FZ}$ , la respuesta correlacionada se convierte en:

$$RC_Z = ih_X h_Z r_A \sigma_{FZ}$$

El término  $h_X h_Z$  se llama co-heredabilidad debido a que es equivalente a la  $h^2$  en la ganancia o respuesta por la selección que es igual a  $R = ih_X^2 \sigma_{FX}$ .

Así, la respuesta de un carácter correlacionado puede predecirse si se conocen la correlación genética y las heredabilidades de los dos caracteres. Y, a la inversa, si la respuesta correlacionada se mide mediante un experimento y se conocen las dos heredabilidades, se puede estimar la correlación genética. Si se quiere estimar la heredabilidad del carácter  $Z$ , como la heredabilidad realizada a partir de la respuesta a la selección, es necesario hacer un doble experimento de selección. El carácter  $X$  se selecciona en una vía y el carácter  $Z$  en otra. Entonces, se pueden medir tanto las respuestas directas como las correlacionadas de cada carácter. Este tipo de experimentos proporcionan dos estimaciones de la correlación genética, mediante la ecuación  $RC_Z = ih_X h_Z r_A \sigma_{FZ}$ , una a partir de la respuesta correlacionada de cada carácter; y las dos estimaciones que deberían coincidir si la teoría de las respuestas correlacionadas expresadas por la ecuación  $RC_Z$ , describe adecuadamente las respuestas observadas. Se puede obtener una estimación conjunta de la correlación genética a partir de tales experimentos de doble selección sin necesidad de estimar las heredabilidades, a partir de la siguiente fórmula:

$$r_A^2 = \frac{RC_X}{R_X} \frac{RC_Z}{R_Z}$$

Con relación al diferencial de selección correlacionado, cuando la selección se aplica a un carácter  $X$ , cualquier carácter  $Z$  correlacionado fenotípicamente tendrá un diferencial de selección correlacionado, o aparente, sobre él. En otras palabras, los individuos seleccionados para  $X$  tendrán un valor medio de  $Z$  diferente de la

media de la población. A primera vista, podría parecer que este diferencial de selección correlacionado podría utilizarse para predecir la respuesta correlacionada, o para estimar la heredabilidad del carácter correlacionado, de forma análoga a la ecuación de heredabilidad realizada, que es  $h^2 = R/dS$ , donde  $R$  es la respuesta esperada y es igual a  $R = ih^2\sigma_F$  pero como  $h = \sigma_A/\sigma_F \Rightarrow R = ih\sigma_A$  y  $dS$  es el diferencial de selección que es igual a  $dS = i\sigma_F$ . Sin embargo, el diferencial de selección correlacionado no sirve para ninguno de estos fines. La razón es la siguiente: sea  $dS_Z^1$ , el diferencial de selección correlacionado en  $Z$ . Entonces,  $dS_Z^1 = b_{(F)ZX}dS_X$ . Al escribir la respuesta correlacionada en la forma de la ecuación de  $RC_Z$ , se obtiene:

$$\frac{RC_Z}{dS_Z^1} = \frac{b_{(A)}R_X}{b_{(F)}dS_X}$$

Sustituyendo,  $b = r\sigma_Z/\sigma_X \wedge R_X/dS_X = h_X^2$ , lleva a:

$$\frac{RC_Z}{dS_Z^1} = \frac{r_A}{r_F} h_X h_Z$$

Así, sin conocer la correlación genética aditiva ( $r_A$ ), no es posible utilizar el diferencial de selección correlacionado  $dS_Z^1$ , ni para estimar la heredabilidad del carácter  $Z$  ni para predecir la respuesta correlacionada. La ecuación  $RC_Z/dS_Z^1$ , también puede escribirse en la forma:

$$\frac{RC_Z}{dS_Z^1} = \frac{Cov_A}{Cov_F}$$

La cual es análoga a la respuesta directa,  $R/dS = V_A/V_F$ .

En cuanto a la selección indirecta, es posible lograr un progreso más rápido mediante la selección de una respuesta correlacionada que mediante la selección del carácter deseado. En otras palabras, si se quiere mejorar el carácter  $X$ , se puede seleccionar por otro carácter  $Z$ , y lograr el progreso a través de la respuesta correlacionada del carácter  $X$ . A esto se conoce como selección indirecta; es decir, selección aplicada a un carácter distinto del que se desea mejorar. Se le llama carácter secundario al que se aplica la selección. Las condiciones en las que la selección indirecta sería ventajosa se deducen fácilmente. Sea  $R_X$ , la respuesta directa del carácter deseado, si se aplica la selección directamente; y sea  $RC_X$  la respuesta correlacionada del carácter  $X$  resultante de la selección aplicada al carácter secundario  $Z$ . El mérito de la selección indirecta con relación al de la selección directa puede expresarse entonces como la relación de las respuestas esperadas,  $RC_X/R_X$ . Tomando en cuenta la respuesta correlacionada esperada de la ecuación  $CR_Z$  y la respuesta directa esperada de la ecuación  $R = ih\sigma_A$ , se tiene:



$$\frac{RC_X}{R_X} = \frac{i_Z h_Z r_A \sigma_{AX}}{i_X h_X \sigma_{AX}} = \frac{i_Z r_A h_Z}{i_X h_X}$$

De esta expresión se desprende que la selección indirecta será mejor que la directa si  $r_A h_Z$  es mayor que  $h_X$ . Estas dos cantidades son las precisiones de los dos procedimientos de selección;  $r_A h_Z$  es la correlación entre los valores como progenitor del carácter deseado  $X$  y los valores fenotípicos del carácter seleccionado  $Z$ , mientras que  $h$  es la precisión de la selección individual, es decir, la selección directa. Por lo tanto, no se puede esperar que la selección indirecta sea mejor que la directa, a menos que el carácter secundario tenga una heredabilidad sustancialmente mayor y la correlación genética sea alta”.

Respecto a la respuesta correlacionada de  $Z$ , cuando selecciona la variable  $X$ , Vencovsky & Barriga (1992) plantearon la siguiente fórmula:

$$RC_{Z,X} = dS_X \frac{cCov_{A(XZ)}}{\sigma_{F(X)}}$$

Donde:  $RC_{Z,X}$  = respuesta correlacionada de  $Z$  cuando se selecciona por  $X$ ,  $dS_X$  = diferencial de selección para el carácter seleccionado  $X$ ,  $c$  = depende del esquema de selección y se refiere al coeficiente del control parental, por ejemplo, si se hace selección entre familias de medios hermanos (FMH)  $c=1/4$ , si se hace dentro de FMH,  $c=3/4$ , y entre y dentro de familias de hermanos completos,  $c=1/2$ ;  $\sigma_{F(X)}$  = desviación estándar fenotípica del carácter seleccionado  $X$ ,  $Cov_{A(XZ)}$  = covarianza genética aditiva entre  $X$  y  $Z$ .

Tal como se planteó anteriormente, se puede mejorar el carácter correlacionado  $Z$  de forma indirecta, mediante selección en  $X$ , si  $RC_{Z,X} > \Delta G_Z$ . Ahora bien, si se quiere seleccionar el 10% de los 48 parentales que produjeron las mejores FMH, entonces la ganancia de la selección es igual a:

$$\Delta G = kc \left( \frac{\sigma_A^2}{\sigma_F} \right)$$

En donde  $K= 1,755$  es el valor esperado del diferencial de selección en unidades estándar para la presión de selección del 10% y tamaño  $n<50$  (Tabla 2.18) y  $c = 1/4$ .

Si se selecciona por FPP, la ganancia esperada será igual a:

$$\Delta G_{FPP} = 1,755 \times (1/4) \times \left( \frac{37,81}{\sqrt{165,70}} \right) = \mathbf{1,29}$$

Esto indica que la recombinación del 10% de las mejores FMH del dialélico parcial circulante de 48 parentales de tomate de árbol producirá una progenie que tendrá un incremento en el número de FPP de 1,29 y, por lo tanto, la media de esta generación, será superior en ese valor respecto a la media de los parentales utilizados en el dialélico.

Ahora bien, si se efectúa una selección por el número de FPP la respuesta correlacionada del Rto será igual a:

$$RC_{Z,X} = dS_X \frac{cCov_{A(XZ)}}{\sigma_{F(X)}} = k_X \frac{cCov_{A(XZ)}}{\sigma_{F(X)}} = 1,755 \times \frac{(1/4) \times 2,59}{\sqrt{165,70}} = \mathbf{0,088t/ha}$$

Por lo tanto, si se selecciona el 10% de las FMH del dialélico parcial circulante de 48 parentales de tomate de árbol, con el mayor número de FPP y se recombinan entre ellas, el rendimiento promedio de las progenies obtenidas mostrará una respuesta correlacionada con un incremento de 0,088t/ha.

Si el número de FPP es el carácter auxiliar que puede ser utilizado para mejorar el Rto en tomate de árbol, debe darse que  $h_{FPP} \times r_{A(FPP-Rto)} > h_{Rto}$ , donde  $h_{FPP} = \sqrt{h_{eFPP}^2}$ , y  $h_{Rto} = \sqrt{h_{eRto}^2}$ . Entonces:

$$h_{FPP} = \sqrt{h_{eFPP}^2} = \sqrt{0,31} = 0,56 \wedge h_{Rto} = \sqrt{h_{eRto}^2} = \sqrt{0,11} = \mathbf{0,33}$$

$r_{A(FPP-Rto)} = 0,56$ , se obtiene de la Tabla 3.13, luego,  $h_{FPP} \times r_{A(FPP-Rto)} = 0,56 \times 0,74 = 0,41$ . Se observa que  $[h_{FPP} \times r_{A(FPP-Rto)}] > h_{Rto}$ , por lo tanto, se concluye que el número de FPP puede ser incluido como un carácter auxiliar para mejorar el rendimiento del tomate de árbol.

Respecto al Análisis de Sendero o *Path Analysis* en inglés, parte del supuesto que existen relaciones causa-efecto bien definidas. Este análisis permite establecer relaciones entre variables sin suponer nada previo. Considérese que el Rto en tomate de árbol está en función de los efectos de varios componentes, llamados factores causales, los cuales pueden ser

frutos por planta (FPP), peso de fruto (PF), diámetro ecuatorial del fruto (DE) y eje polar del fruto (EP), variables que generan un tipo de asociaciones que se esquematizan en la Figura 3.5.

De la Figura 3.5 se concluye que el Rto es el resultado de los efectos directos independientes de las FPP, PF, DE y EP, que deben estar correlacionadas. Igualmente, existen otros factores conocidos como R, dentro de los cuales están el clima, el suelo, entre otros.  $\rho_{FPP}$  es el efecto directo de FPP sobre el rendimiento, así como  $\rho_{DE}$  es el efecto directo del DE sobre el rendimiento. Los componentes  $\rho_{FPP}$ ,  $\rho_{PF}$ ,  $\rho_{DE}$ ,  $\rho_{EP}$ , y  $h$ , son los coeficientes de sendero asociados a la respectiva variable y  $r_{FPP-PF}$ ,  $r_{PF-DE}$ ,  $r_{FPP-DE}$ ,  $r_{PF-EP}$ ,  $r_{DE-EP}$  y  $r_{FPP-EP}$  son las correlaciones entre las variables causales.

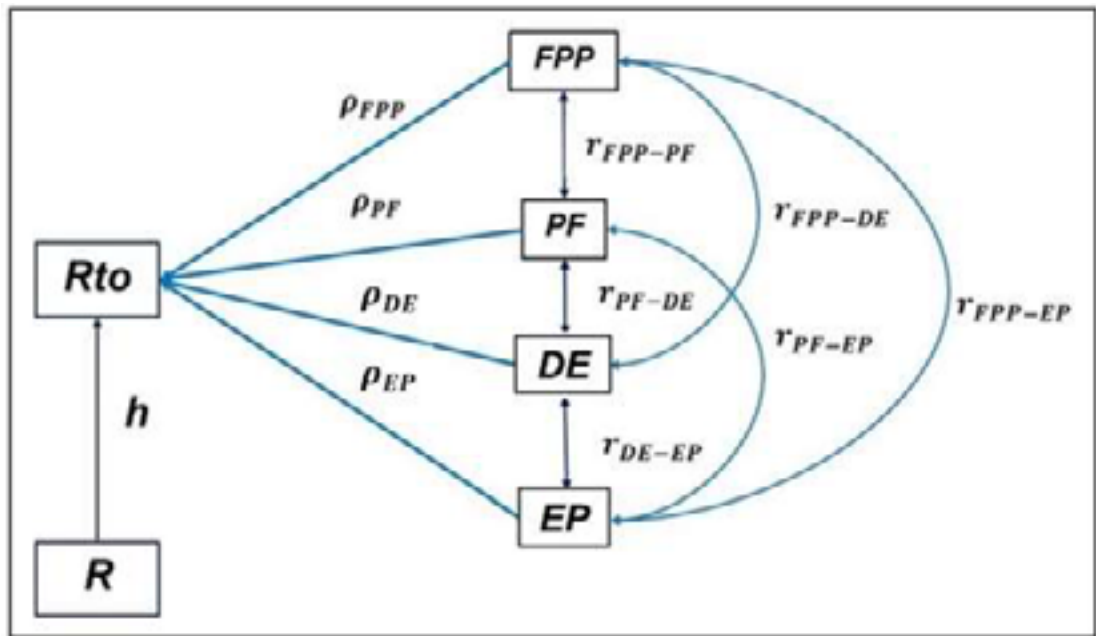


**Figura 3.5.** Relaciones Causa-Efecto Entre el Rto y las Variables Causales FPP, PF, EP, DE del Fruto en Tomate de Árbol (*Solanum betaceum*).

El valor de  $r_{Rto-FPP}$ , es el resultado de efecto directo de FPP sobre Rto ( $\rho_{FPP}$ ) más los efectos indirectos, relaciones que están dadas por:

$$r_{Rto-FPP} = \rho_{FPP} + (r_{FPP-PF})\rho_{PF} + (r_{FPP-DE})\rho_{DE} + (r_{FPP-EP})\rho_{EP}$$

Donde:  $(r_{FPP-PF})\rho_{PF} + (r_{FPP-DE})\rho_{DE} + (r_{FPP-EP})\rho_{EP}$ , es la suma de los efectos indirectos. El coeficiente de sendero ( $\rho$ ) se define como la relación entre la desviación estándar del efecto debido a una causa dada y la desviación estándar total del efecto. La explicación de esta definición tiene

que ver con la relación de causa-efecto, por ejemplo, entre una variable  $Z$  y las variables causales independientes  $X_1$  y  $X_2$ .

$$Z = X_1 + X_2$$

En términos de varianza se puede expresar como:

$$\sigma_Z^2 = \sigma^2(X_1 + X_2) = \sigma_{X_1}^2 + \sigma_{X_2}^2 + 2Cov(X_1, X_2)$$

Como  $2Cov(X_1, X_2) = 0 \Rightarrow \sigma_Z^2 = \sigma_{X_1}^2 + \sigma_{X_2}^2$ . Si se divide entre  $\sigma_Z^2$ , se tiene

$$\frac{\sigma_Z^2}{\sigma_Z^2} = \frac{\sigma_{X_1}^2}{\sigma_Z^2} + \frac{\sigma_{X_2}^2}{\sigma_Z^2} \Rightarrow \frac{\sigma_{X_1}^2}{\sigma_Z^2} + \frac{\sigma_{X_2}^2}{\sigma_Z^2} = 1$$

Estas relaciones, pueden denotarse como:

$$p = \frac{\sigma_{X_1}^2}{\sigma_Z^2} \quad \wedge \quad q = \frac{\sigma_{X_2}^2}{\sigma_Z^2} \Rightarrow p^2 + q^2 = 1$$

En este caso,  $p$  y  $q$  son los coeficientes de sendero,  $p^2$  y  $q^2$  son los coeficientes de determinación o explicación de la variación de  $Z$  explicada por  $X_1$  y  $X_2$ , respectivamente. La ventaja del análisis de sendero es que provee información sobre la contribución directa e indirecta de los factores causales sobre el efecto ( $Z$ ). En el caso del Rto de tomate de árbol esta contribución está definida por:

$$r_{Rto-FPP} = \rho_{FPP} + (r_{FPP-PF})\rho_{PF} + (r_{FPP-DE})\rho_{DE} + (r_{FPP-EP})\rho_{EP}$$

$$r_{Rto-PF} = \rho_{PF} + (r_{FPP-PF})\rho_{FPP} + (r_{PF-DE})\rho_{DE} + (r_{PF-EP})\rho_{EP}$$

$$r_{Rto-EP} = \rho_{EP} + (r_{FPP-EP})\rho_{FPP} + (r_{EP-DE})\rho_{DE} + (r_{PF-EP})\rho_{PF}$$

$$r_{Rto-DE} = \rho_{DE} + (r_{FPP-DE})\rho_{FPP} + (r_{EP-DE})\rho_{EP} + (r_{PF-DE})\rho_{PF}$$

$$r_{R-Rto} = h$$

Las primeras cuatro primeras ecuaciones pueden expresar matricialmente, así:

$$\mathbf{C} = \mathbf{A}\mathbf{P}$$

Donde  $\mathbf{C}$  es el vector de correlación entre las variables causales y la variable efecto, que en este caso es el Rto,  $\mathbf{A}$  es la matriz de asociaciones

o correlaciones entre las variables causales y  $\mathbf{P}$  es el vector de los coeficientes de sendero. Por lo tanto:

$$\mathbf{C} = \begin{pmatrix} r_{Rto-FPP} \\ r_{Rto-PF} \\ r_{Rto-DE} \\ r_{Rto-EP} \end{pmatrix}; \mathbf{A} = \begin{pmatrix} 1 & r_{FPP-PF} & r_{FPP-EP} & r_{FPP-DE} \\ r_{PF-FPP} & 1 & r_{PF-EP} & r_{PF-DE} \\ r_{EP-FPP} & r_{EP-PF} & 1 & r_{EP-DE} \\ r_{DE-FPP} & r_{DE-PF} & r_{DE-EP} & 1 \end{pmatrix}; \mathbf{P} = \begin{pmatrix} \rho_{FPP} \\ \rho_{PF} \\ \rho_{DE} \\ \rho_{EP} \end{pmatrix}$$

$$\rho_{FPP} = \frac{\sigma_{FPP}}{\sigma_{Rto}}; \rho_{PF} = \frac{\sigma_{PF}}{\sigma_{Rto}}; \rho_{DE} = \frac{\sigma_{DE}}{\sigma_{Rto}}; \rho_{EP} = \frac{\sigma_{EP}}{\sigma_{Rto}}$$

La matriz A es simétrica, por lo tanto, tiene inversa ( $\mathbf{A}^{-1}$ ), y se tiene que:

$$\mathbf{A}^{-1}\mathbf{C} = \mathbf{A}^{-1}\mathbf{A}\mathbf{P} \Rightarrow \mathbf{P} = \mathbf{A}^{-1}\mathbf{C}$$

El valor del coeficiente de sendero residual R se obtiene de la siguiente forma:

De la Figura 3.5 se deduce que:

$$Rto = FPP + PF + DE + EP + R$$

$$\sigma_{Rto}^2 = \sigma_{FPP}^2 + \sigma_{PF}^2 + \sigma_{DE}^2 + \sigma_{EP}^2 + \sigma_R^2 + 2\sigma_{FPP \times PF} + 2\sigma_{FPP \times DE} + 2\sigma_{FPP \times EP} + 2\sigma_{PF \times DE} + 2\sigma_{PF \times EP} + 2\sigma_{DE \times EP}$$

Donde:  $\sigma_{FPP \times PF} = r_{FPP \times PF} \sigma_{FPP} \sigma_{PF}$ , dado que  $r_{FPP \times PF} = \frac{\sigma_{FPP \times PF}}{\sigma_{FPP} \sigma_{PF}} = \frac{Cov_{FPP,PF}}{\sigma_{FPP} \sigma_{PF}}$ .

Lo mismo sucede con los demás elementos de la ecuación de  $\sigma_{Rto}^2$ . Si se divide  $\sigma_{Rto}^2$  sobre  $\sigma_{Rto}^2$ , se tiene que:

$$1 = \frac{\sigma_{FPP}^2}{\sigma_{Rto}^2} + \frac{\sigma_{PF}^2}{\sigma_{Rto}^2} + \frac{\sigma_{EP}^2}{\sigma_{Rto}^2} + \frac{\sigma_{DE}^2}{\sigma_{Rto}^2} + \frac{\sigma_R^2}{\sigma_{Rto}^2} + 2 \left[ \frac{r_{FPP \times PF} \sigma_{FPP} \sigma_{PF}}{\sigma_{Rto}^2} \right] + 2 \left[ \frac{r_{FPP \times DE} \sigma_{FPP} \sigma_{DE}}{\sigma_{Rto}^2} \right] + 2 \left[ \frac{r_{FPP \times EP} \sigma_{FPP} \sigma_{EP}}{\sigma_{Rto}^2} \right] + 2 \left[ \frac{r_{PF \times DE} \sigma_{PF} \sigma_{DE}}{\sigma_{Rto}^2} \right] + 2 \left[ \frac{r_{PF \times EP} \sigma_{PF} \sigma_{EP}}{\sigma_{Rto}^2} \right] + 2 \left[ \frac{r_{DE \times EP} \sigma_{DE} \sigma_{EP}}{\sigma_{Rto}^2} \right]$$

Donde:

$$\frac{\sigma_{FPP}^2}{\sigma_{Rto}^2} = \rho_{FPP}^2; \frac{\sigma_{PF}^2}{\sigma_{Rto}^2} = \rho_{PF}^2; \frac{\sigma_{DE}^2}{\sigma_{Rto}^2} = \rho_{DE}^2; \frac{\sigma_{EP}^2}{\sigma_{Rto}^2} = \rho_{EP}^2; \frac{\sigma_R^2}{\sigma_{Rto}^2} = h^2$$

$$2 \left[ \frac{r_{FPP \times PF} \sigma_{FPP} \sigma_{PF}}{\sigma_{Rto}^2} \right] = \frac{2(r_{FPP \times PF} \sigma_{FPP} \sigma_{PF})}{\sigma_{Rto} \sigma_{Rto}} = 2(r_{FPP \times PF}) \frac{\sigma_{FPP}}{\sigma_{Rto}} \frac{\sigma_{PF}}{\sigma_{Rto}} \\ = 2(r_{FPP \times PF}) \rho_{FPP} \rho_F$$

$$2 \left[ \frac{r_{FPP \times DE} \sigma_{FPP} \sigma_{DE}}{\sigma_{Rto}^2} \right] = \frac{2(r_{FPP \times DE} \sigma_{FPP} \sigma_{DE})}{\sigma_{Rto} \sigma_{Rto}} = 2(r_{FPP \times DE}) \frac{\sigma_{FPP}}{\sigma_{Rto}} \frac{\sigma_{DE}}{\sigma_{Rto}} \\ = 2(r_{FPP \times DE}) \rho_{FPP} \rho_{DE}$$

$$2 \left[ \frac{r_{FPP \times EP} \sigma_{FPP} \sigma_{EP}}{\sigma_{Rto}^2} \right] = \frac{2(r_{FPP \times DE} \sigma_{FPP} \sigma_{EP})}{\sigma_{Rto} \sigma_{Rto}} = 2(r_{FPP \times DE}) \frac{\sigma_{FPP}}{\sigma_{Rto}} \frac{\sigma_{EP}}{\sigma_{Rto}} \\ = 2(r_{FPP \times EP}) \rho_{FPP} \rho_{EP}$$

$$2 \left[ \frac{r_{PF \times DE} \sigma_{PF} \sigma_{DE}}{\sigma_{Rto}^2} \right] = \frac{2(r_{PF \times DE} \sigma_{PF} \sigma_{DE})}{\sigma_{Rto} \sigma_{Rto}} = 2(r_{PF \times DE}) \frac{\sigma_{PF}}{\sigma_{Rto}} \frac{\sigma_{DE}}{\sigma_{Rto}} = 2(r_{PF \times DE}) \rho_{PF} \rho_{DE}$$

$$2 \left[ \frac{r_{PF \times EP} \sigma_{PF} \sigma_{EP}}{\sigma_{Rto}^2} \right] = \frac{2(r_{PF \times EP} \sigma_{PF} \sigma_{EP})}{\sigma_{Rto} \sigma_{Rto}} = 2(r_{PF \times EP}) \frac{\sigma_{PF}}{\sigma_{Rto}} \frac{\sigma_{EP}}{\sigma_{Rto}} = 2(r_{PF \times EP}) \rho_{PF} \rho_{EP}$$

$$2 \left[ \frac{r_{DE \times EP} \sigma_{DE} \sigma_{EP}}{\sigma_{Rto}^2} \right] = \frac{2(r_{DE \times EP} \sigma_{DE} \sigma_{EP})}{\sigma_{Rto} \sigma_{Rto}} = 2(r_{DE \times EP}) \frac{\sigma_{DE}}{\sigma_{Rto}} \frac{\sigma_{EP}}{\sigma_{Rto}} = 2(r_{EP \times DE}) \rho_{DE} \rho_{EP}$$

Entonces:

$$1 = \rho_{FPP}^2 + \rho_{PF}^2 + \rho_{DE}^2 + \rho_{EP}^2 + h^2 + 2(r_{FPP \times PF}) \rho_{FPP} \rho_F + 2(r_{FPP \times DE}) \rho_{FPP} \rho_{DE} \\ + 2(r_{FPP \times EP}) \rho_{FPP} \rho_{EP} + 2(r_{PF \times DE}) \rho_{PF} \rho_{DE} + 2(r_{PF \times EP}) \rho_{PF} \rho_{EP} \\ + 2(r_{EP \times DE}) \rho_{DE} \rho_{EP}$$

Entonces la contribución residual al rendimiento es igual a:

$$h^2 = 1 - [\rho_{FPP}^2 + \rho_{PF}^2 + \rho_{DE}^2 + \rho_{EP}^2 + 2(r_{FPP \times PF}) \rho_{FPP} \rho_F + 2(r_{FPP \times DE}) \rho_{FPP} \rho_{DE} \\ + 2(r_{FPP \times EP}) \rho_{FPP} \rho_{EP} + 2(r_{PF \times DE}) \rho_{PF} \rho_{DE} + 2(r_{PF \times EP}) \rho_{PF} \rho_{EP} \\ + 2(r_{EP \times DE}) \rho_{DE} \rho_{EP}]$$

$$h = \sqrt{1 - \Sigma (Todos\ efectos)}$$

Con base en la matriz de correlaciones genéticas de las variables Rto, FPP, PF, DE y EP (Tabla 3.13), tanto el vector **C**, como la matriz **A**, son las siguientes:

$$C = \begin{pmatrix} 0,74 \\ -0,53 \\ 0,03 \\ -0,45 \end{pmatrix}; A = \begin{pmatrix} 1 & -1,00 & -0,81 & -0,71 \\ -1,00 & 1 & 0,99 & 0,66 \\ -0,81 & 0,99 & 1 & 0,91 \\ -0,71 & 0,66 & 0,91 & 1 \end{pmatrix}$$

Mediante la herramienta de Excel **=MINVERSA ()**, se marca el rango de salida, luego se marca la matriz **A**, se da ctrl+shift+enter y se obtiene la matriz inversa de **A** (**A<sup>-1</sup>**), la cual se muestra en seguida:

$$A^{-1} = \begin{pmatrix} 2,53 & -1,10 & 5,06 & -2,09 \\ -1,10 & -2,46 & 4,60 & -3,36 \\ 5,06 & 4,60 & 0,28 & 0,30 \\ -2,09 & -3,36 & 0,30 & 1,46 \end{pmatrix}$$

Luego con **=MMULT(matriz1, matriz2 )**, se marca el rango de salida del producto **A<sup>-1</sup>C**, luego se marcan la matriz **A<sup>-1</sup>** y el vector **C**, se da ctrl+shift+enter y se obtiene el vector **P**, tal como se detalla a continuación:

$$\begin{pmatrix} \rho_{FPP} \\ \rho_{PF} \\ \rho_{DE} \\ \rho_{EP} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 2,53 & -1,10 & 5,06 & -2,09 \\ -1,10 & -2,46 & 4,60 & -3,36 \\ 5,06 & 4,60 & 0,28 & 0,30 \\ -2,09 & -3,36 & 0,30 & 1,46 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 0,74 \\ -0,53 \\ 0,03 \\ -0,45 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 3,56 \\ 2,14 \\ 1,19 \\ -0,42 \end{pmatrix}$$

Se puede comprobar que:

$$\begin{aligned} \rho_{FPP} &= (2,53 \times 0,74) + (-1,10 \times (-0,53)) + (5,06 \times 0,03) + (-2,09 \times (-0,45)) = 3,58 \\ \rho_{PF} &= (-1,10 \times 0,74) + (-2,46 \times (-0,53)) + (4,60 \times 0,03) + (-3,36 \times (-0,45)) = 2,14 \\ \rho_{DE} &= (5,06 \times 0,74) + (4,60 \times (-0,53)) + (0,28 \times 0,03) + (0,30 \times (-0,45)) = 1,19 \\ \rho_{EP} &= (-2,09 \times 0,74) + (-3,36 \times (-0,53)) + (0,30 \times 0,03) + (1,46 \times (-0,45)) = -0,42 \end{aligned}$$

Ahora se construye el análisis de sendero, mediante el cálculo de los efectos directos e indirectos:

### Efectos directos e indirectos

- Frutos por planta (FPP) versus rendimiento (Rto)

$$\text{Efecto directo} = \rho_{FPP} = 3,56$$

$$\text{Efecto indirecto vía peso de fruto (PF) =}$$

$$\rho_{PF}r_{PF \times FPP} = 2,14 \times (-1,00) = -2,15$$

$$\text{Efecto indirecto vía diámetro de fruto (DE) =}$$

$$\rho_{DE}r_{DE \times FPP} = 1,19 \times (-0,81) = -0,97$$

$$\text{Efecto indirecto vía eje polar de fruto (EP) =}$$

$$\rho_{EP}r_{EP \times FPP} = -0,42 \times (-0,71) = -0,30$$

**Suma efecto directo + efectos indirectos =**

$$3,56 - 2,15 - 0,30 - 0,97 = 0,74$$

- Peso de fruto (PF) versus rendimiento (Rto)

$$\text{Efecto directo} = \rho_{PF} = 2,14$$

$$\text{Efecto indirecto vía FPP} = \rho_{FPP}r_{FPP \times PF} = 3,58 \times (-1,00) = -3,56$$

$$\text{Efecto indirecto vía DE} = \rho_{DE}r_{DE \times PF} = 1,19 \times 0,99 = 1,18$$

$$\text{Efecto indirecto vía EP} = \rho_{EP}r_{EP \times PF} = -0,42 \times 0,66 = -0,28$$

**Suma efecto directo + efectos indirectos =**

$$2,14 - 3,56 + 1,18 - 0,28 = -0,53$$

- Diámetro ecuatorial del fruto (DE) versus rendimiento (Rto)

$$\text{Efecto directo} = \rho_{DE} = -0,42$$

$$\text{Efecto indirecto vía FPP} = \rho_{FPP}r_{FPP \times DE} = 3,56 \times (-0,81) = -2,90$$

$$\text{Efecto indirecto vía PF} = \rho_{PF}r_{PF \times DE} = 2,14 \times 0,99 = 2,13$$

$$\text{Efecto indirecto vía EP} = \rho_{EP}r_{EP \times DE} = -0,42 \times 0,91 = -0,39$$

**Suma efecto directo + efectos indirectos =**

$$1,19 - 2,90 + 2,13 - 0,39 = 0,03$$

- Eje polar del fruto (EP) versus rendimiento (Rto)

$$\text{Efecto directo} = \rho_{EP} = -0,42$$

$$\text{Efecto indirecto vía FPP} = \rho_{FPP}r_{FPP \times EP} = 3,56 \times (-0,71) = -2,53$$

$$\text{Efecto indirecto vía PF} = \rho_{PF}r_{PF \times EP} = 2,14 \times 0,66 = 1,41$$

$$\text{Efecto indirecto vía DE} = \rho_{DE}r_{DE \times EP} = 1,19 \times 0,91 = 1,09$$

**Suma efecto directo + efectos indirectos =**

$$-0,42 - 2,53 + 1,41 + 1,09 = -0,45$$

En la Tabla 3.14, se presenta el resumen del análisis de sendero antes descrito, donde el Rto, está en función de FPP, PF, DE y PF, evaluadas en un dialélico parcial circulante de 48 parentales de tomate de árbol (*Solanum betaceum*).



**Tabla 3.14**

Efectos Directos (Diagonal y en Negrilla) e Indirectos del Análisis de Sendero Para el Rendimiento en Función de Cuatro Variables del Fruto, Evaluadas en un Dialélico Parcial Circulante de 48 Parentales de Tomate de Árbol (*Solanum betaceum*).

| Variables  | FPP         | PF          | DE          | EP           | $rG_{Rto-x}$ | $\rho_X$ |
|------------|-------------|-------------|-------------|--------------|--------------|----------|
| <b>FPP</b> | <b>3,56</b> | -2,15       | -0,97       | 0,30         | 0,74         | 3,56     |
| <b>PF</b>  | -3,58       | <b>2,14</b> | 1,18        | -0,28        | -0,53        | 2,14     |
| <b>DE</b>  | -2,90       | 2,13        | <b>1,19</b> | -0,39        | 0,03         | 1,19     |
| <b>EP</b>  | -2,53       | 1,41        | 1,09        | <b>-0,42</b> | -0,45        | -0,42    |

Nota. FPP= frutos por planta, PF= peso de fruto en g, DE= diámetro ecuatorial del fruto en mm, EP= eje polar en mm, Rto= rendimiento en t/ha,  $rG_{Rto-x}$  = correlación genética entre el Rto ya la variable X,  $\rho_X$ = coeficiente de sendero para la variable X.

### Efectos residuales

Como se planteó anteriormente, la contribución de los efectos residuales sobre el Rto, está dado por la ecuación:

$$\begin{aligned}
 h^2 &= 1 - [\rho_{FPP}^2 + \rho_{PF}^2 + \rho_{DE}^2 + \rho_{EP}^2 + 2(r_{FPP \times PF})\rho_{FPP}\rho_{PF} + 2(r_{FPP \times DE})\rho_{FPP}\rho_{DE} \\
 &\quad + 2(r_{FPP \times EP})\rho_{FPP}\rho_{EP} + 2(r_{PF \times DE})\rho_{PF}\rho_{DE} + 2(r_{PF \times EP})\rho_{PF}\rho_{EP} \\
 &\quad + 2(r_{EP \times DE})\rho_{EP}\rho_{DE}] \Rightarrow \\
 h^2 &= 1 - [(3,56)^2 + (2,14)^2 + (1,19)^2 + (-0,42)^2 + 2(-1)(3,56)(2,14) \\
 &\quad + 2(-0,81)(3,56)(1,19) + 2(-0,71)(3,56)(-0,42) \\
 &\quad + 2(0,99)(2,14)(1,19) + 2(0,66)(2,14)(-0,42) \\
 &\quad + 2(0,91)(2,14)(-0,42)] \\
 h^2 &= 1 - [1,74] = -0,74
 \end{aligned}$$

$$h = \sqrt{-0,74} = \sqrt{0,74 \times (-1)} = \sqrt{0,74} \times \sqrt{-1}; \text{ donde } \sqrt{-1} = i \Rightarrow h = 0,86i$$

Donde  $i$  pertenece a los números complejos y es un número imaginario, por lo tanto, el valor de  $h$  no se puede estimar. Otra forma de calcular los efectos residuales, es la siguiente:

$$\begin{aligned}
 h &= \sqrt{1 - \sum \rho_{(x)} r_{(x-z)}} \\
 &= \sqrt{1 - [(\rho_{FPP} r_{(FPP-Rto)}) + (\rho_{PF} r_{(PF-Rto)}) + (\rho_{DE} r_{(DE-Rto)}) + (\rho_{EP} r_{(EP-Rto)})]} \\
 h &= \sqrt{1 - [(3,56 \times 0,74) + ((-0,53) \times 2,14) + (0,03 \times 1,19) + ((-0,45) \times (-0,42))]} \\
 &= \sqrt{-0,74} = 0,86i
 \end{aligned}$$

Según la Tabla 3.13 los efectos directos más importantes sobre el Rto de tomate de árbol (*S. betaceum*) son el número de FPP y el PF, sin embargo, el efecto indirecto de FPP vía PF, es el más importante y es el responsable de la correlación negativa entre el PF y el Rto, por lo tanto, debe aplicarse un modelo de selección restrictiva, donde se deben imponer restricciones para anular los efectos indirectos infravalorados con el fin de aprovechar el efecto directo del PF sobre el Rto. El efecto directo del EP es semejante a la correlación entre causa (EP) y efecto (Rto). En este caso, la correlación EP vs. Rto, explica la verdadera relación causa efecto, lo cual indica que no se puede hacer una selección por el EP, dado que se afectaría al Rto; por el contrario, si el sentido de una relación causa-efecto fuera positivo, la selección directa con base en el carácter auxiliar podría ser aplicada de una manera eficiente (Singh & Chaudary, 1985).

En otras situaciones, cuando el coeficiente correlación es positiva y el efecto directo es negativo e insignificante, los efectos indirectos serían la causa de la correlación. En esta situación, los factores causales indirectos deberían ser considerados simultáneamente en la selección (Singh & Chaudary, 1985).

Es necesario revisar los efectos residuales, los cuales no se pudieron estimar, dado el valor imaginario que resultó de la raíz cuadrada de -0,74, por lo tanto, no se logra cuantificar en qué porcentaje se explica la variación del Rto, debido a la variación de FPP, PF, DE y EP del fruto.

Finalmente, si se quiere realizar el análisis en el paquete estadístico SAS, se puede revisar el artículo de Cramer et al. (1999).

## Conclusiones

La variación del rendimiento (Rto) de 81 genotipos de *Solanum betaceum* evaluados en los municipios de Ipiales, Pasto y Tangua, está explicada por la relación lineal del número de frutos por planta (FPP) y del peso de fruto (FP). En las variables canónicas, la mayor parte de la variabilidad está explicada por el Rto, FPP y DE. Los efectos directos más importantes sobre el Rto fueron el número de FPP y el PF. El efecto indirecto de FPP vía PF, es el más importante y es el responsable de la correlación negativa entre el PF y el Rto.

## Bibliografía del capítulo 3

- Almeida Santos de, W., Belém Fernandes, F., Teófilo E. M. & Campos de Magalhães Bertini, C. H. (2014). Correlation and path analysis in components of grain yield of cowpea genotypes. *Revista Ciência Agronômica*, 45(4), 726-736.
- Araméndiz Tatis, H., Cardona Ayala, C. E. & Espitia Camacho, M. M. (2009). Correlaciones fenotípicas, ambientales y genéticas en berenjena. *Acta Agronómica*, 58(4), 285-291.
- Badii, M.H., Castillo, J., Cortez, K., Wong, A. & Villalpando, P. (2007). Análisis de correlación canónica (ACC) e investigación científica. *Innovaciones de Negocios*, 4(2), 405-422. <http://eprints.uanl.mx/12486/1/A9%20%281%29.pdf>
- Camacho, C. (2021). Coeficiente de correlación parcial. Universidad de Sevilla. <https://personal.us.es/vararey/adatos2/parcial.pdf>
- Ceballos, H., Deutsch, J. A. & Gutiérrez, H. (1991). Recurrent selection for resistance to *Exserohilum turcicum* in eight subtropical maize populations. *Crop Science*, 31(4), 964–971. doi:10.2135/cropsci1991.0011183x003100040025x
- Cramer, C. S., Wehner, T. C. & Donaghy, S. B. (1999). Computer note: PATHSAS: A SAS computer program for path coefficient analysis of quantitative data. *Journal of Heredity*, 90(1), 260–262. doi:10.1093/jhered/90.1.260
- Dagnino S. Jorge. (2014). Correlación. *Revista Chilena de Anestesia* 43(2), 150-153. doi: <https://doi.org/10.25237/revchilanestv43n02.15>
- Duarte, D., Lagos, T. C., Lagos & L. K. (2012). Correlaciones genéticas, fenotípicas y ambientales en 81 genotipos de tomate de árbol (*Cyphomandra betacea* Cav. Sendt.). *Revista de Ciencias Agrícolas*, 29(2), 67-80.
- Duarte-Alvarado, D. E., Lagos-Santander, L. K. & Lagos-Burbano, T. C. (2020). Correlaciones y Análisis de Sendero para características de importancia agronómica en lulo (*Solanum quitoense* Lam.). En T. C. Lagos-Burbano (Ed.). *Mejoramiento genético de lulo (Solanum quitoense Lam.)* (pp. 169-179). Editorial Universidad de Nariño.
- Echeverri Agudelo, A., Ceballos L., H., Vallejo, C. & Franco, A. (1998). Correlaciones genotípica y fenotípica entre caracteres del fruto y la planta de pimentón (*Capsicum annum* L.). *Revista Facultad Nacional de Agronomía de Medellín*, 51(2), 87-98.
- Espinoza Romano, V. (2018). Construcción y análisis de los coeficientes de sendero. *Revista Acta Nova*, 8(4), 517-535. [http://www.scielo.org.bo/pdf/ran/v8n4/v8n4\\_a02.pdf](http://www.scielo.org.bo/pdf/ran/v8n4/v8n4_a02.pdf)

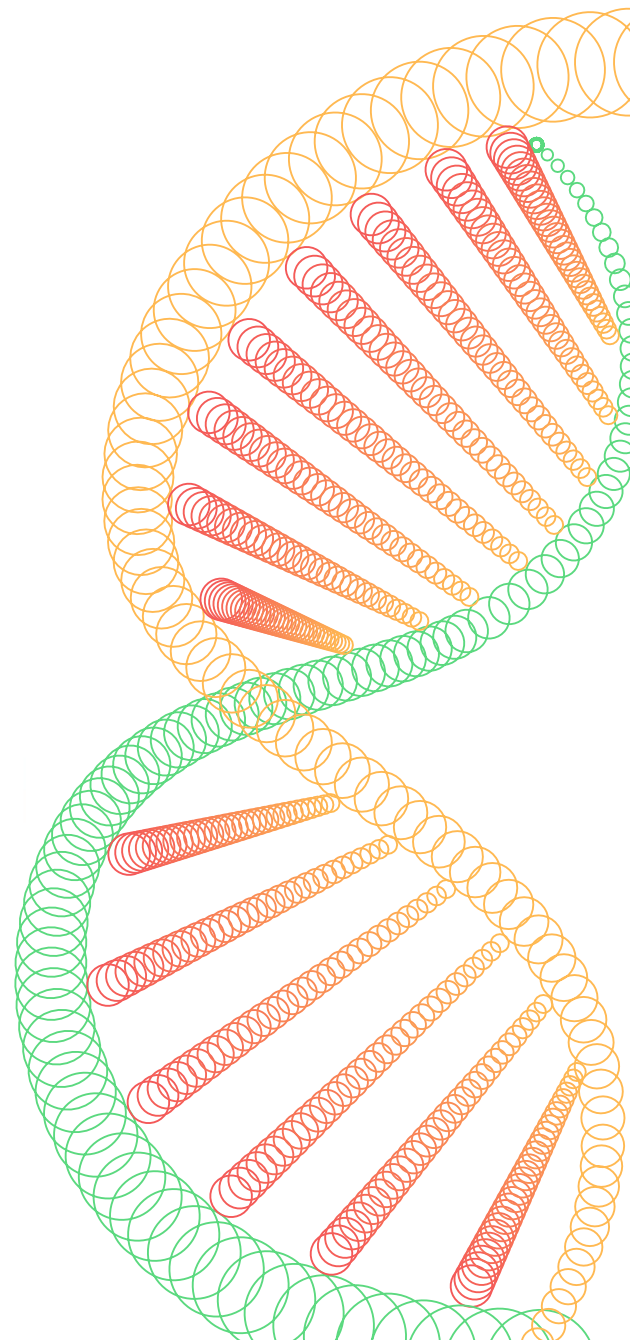
- Espitia, M., Vallejo, F. A. & Baena, D. (2005). Correlaciones fenotípicas, genéticas y ambientales en *Cucurbita moschata* Duch. Ex Poir. Acta Agronómica, 54(1), 1-10. <https://repositorio.unal.edu.co/bitstream/handle/unal/22028/102-902-2-PB.pdf?sequence=1&isAllowed=y>
- Espitia, M., Aramendiz, H. y Cadena, J. (2008a). Correlaciones y análisis de sendero en algodón (*Gossypium hirsutum* L.) en el Caribe colombiano. Revista Facultad Nacional de Agronomía, 61(1), 4325-4335.
- Espitia, M., Vargas, L. & Martínez, G. (2008b). Análisis de sendero para algunas propiedades del fruto de maracuyá (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa* Deg). Colombia. Rev. U.D.C.A. Actualidad y Divulgación Científica, 11(2), 131-140.
- Falconer, D. S. & Mackay, T. F. C. (1995). Introduction to quantitative genetics. (4a ed.). Longman Group.
- Gonçalves M. C., Correa Agenor, M., Destro, D., Ferreira de Souza, L. C., Alves Sobrinho, T. (2003). Correlations and path analysis of common bean grain yield and its primary components. Crop Breeding and Applied Biotechnology, 3(3), 217-222.
- Guillen, K. (2021). Capítulo I. Análisis de Correlación lineal: los procedimientos Correlaciones bivariadas y Correlaciones múltiples. [https://www.academia.edu/8185968/An%C3%A1lisis\\_de\\_correlaci%C3%B3n\\_lineal](https://www.academia.edu/8185968/An%C3%A1lisis_de_correlaci%C3%B3n_lineal)
- Hallauer Arnel R., Carena Marcelo J. & Miranda Filho, J.B. (1988). Quantitative genetics in plant breeding. (2ª ed.). Springer.
- Hernández Lalinde, J. D., Peñaloza Tarazona, M. E., Rodríguez Johel E., Chacón Rangel, J. G., Toloza Sierra, C. A., Arenas Torrado, M. K., Carrillo Sierra, S. M. & Bermúdez Pirela, V. J. (2018). Sobre el uso adecuado del coeficiente de correlación de Pearson: definición, propiedades y suposiciones. AVFT Archivos Venezolanos de Farmacología y Terapéutica, 37(5), 587-595. [https://www.researchgate.net/publication/331894799 Sobre el uso adecuado del coeficiente de correlacion de Pearson definicion propiedades y suposiciones](https://www.researchgate.net/publication/331894799_Sobre_el_uso_adecuado_del_coeficiente_de_correlacion_de_Pearson_definicion_propiedades_y_suposiciones)
- Hotelling, H. (1935). The most predictable criterion. Journal of Educational Psychology, 26(2), 139–142. doi:10.1037/h0058165
- Hotelling, H. (1936). Relations between two sets of variates. Biometrika, 28(3-4), 321–377. doi:10.1093/biomet/28.3-4.321
- Instituto Colombiano De Normas Tecnicas ICONTEC. (1997). Frutas frescas. Tomate de árbol. Especificaciones. ICONTEC, MADR, CENICAFE.
- Johnson, R. A. & Wichern, D. W. (1992). Applied multivariate statistical analysis. (3a ed.). Prentice Hall, Englewood Cliffs.

- Kempthorne, O., & Kurnow, R.N. (1961). The Partial Diallel Cross. *Biometrics*, 17(2), 229-250. doi:10.2307/2527989
- Lagos-Santander, L. K., Vallejo Franco, A., Duarte-Alvarado, D. E. & Lagos-Burbano, T. C. (2013). Correlaciones genotípicas, fenotípicas y ambientales, y análisis de sendero en tomate de árbol (*Cyphomandra betacea* Cav. Sendt.). *Acta Agronómica*, 62(3), 215-222. <http://www.scielo.org.co/pdf/acag/v62n3/v62n3a04.pdf>
- Mayo, Oliver. (1980). The theory of plant breeding. Clarendon Press.
- Morales Pedro & Rodríguez Luis. (2016). Aplicación de los coeficientes correlación de Kendall y Spearman. *Revista de Ciencia y Tecnología Agrollanía*, 1-8. <http://www.postgradovipi.50webs.com/archivos/agrollania/2016/agro8.pdf>
- Pérez-Pelea, L., Bandera-Fernández, E., Valdés-Infante Herrero, J. & Velázquez-Palenzuela, J. B. (2019). Correlación canónica entre caracteres vegetativos y del fruto en familias de guayabo (*Psidium guajava* L.). *Cultivos Tropicales*, 40(3), e06. <http://scielo.sld.cu/pdf/ctr/v40n3/1819-4087-ctr-40-03-e06.pdf>
- Robledo Torres, V., Hernández Dávila, J., Benavides Mendoza, A. & Ramírez Gomina, F. (2003). Análisis de sendero en el cultivo de maíz (*Zea mays* L.) bajo riego y temporal. *Agrofaz*, 3(1), 187-192.
- SAS Institute Inc. (2019). SAS/STAT User's Guide: Model-selection methods. Cary, NC., SAS Institute Inc. [https://documentation.sas.com/doc/en/pgmsascdc/9.4\\_3.4/statug/statug\\_reg\\_details08.htm](https://documentation.sas.com/doc/en/pgmsascdc/9.4_3.4/statug/statug_reg_details08.htm)
- Singh, R. K. & Chaudhary, B. D. (1985). Biometrical methods in quantitative genetic analysis. Kalyani publishers.
- Steel, R. G. & Torrie, J. H. (1988). Bioestadística: Principios y Procedimientos. (2ª ed.). McGraw-Hill.
- Universidades de Córdoba y Huelva. (2021). 8.- Correlación múltiple y correlación canónica. [http://www.uco.es/zootecniaygestion/img/pictorex/06\\_19\\_26\\_8\\_correlacion\\_multiple.pdf](http://www.uco.es/zootecniaygestion/img/pictorex/06_19_26_8_correlacion_multiple.pdf)
- Valencia-Ramírez, R. A. & Ligarreto-Moreno, G. A. (2012). Phenotypic correlation and path analysis for yield in soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) *Acta Agronómica*. 61(4), 322-332. [https://rcb.unal.edu.co/index.php/acta\\_agronomica/article/view/38137](https://rcb.unal.edu.co/index.php/acta_agronomica/article/view/38137)
- Vencovsky, R. & Barriga, P. (1992). Genética biométrica no fitomelhoramento. Sociedade Brasileira de Genética.

- Viveros Valens, C. A., Baena García, D., Salazar Villareal, F., López, L. O., Victoria K., Jorge I. (2015). Características de la caña de azúcar asociadas con toneladas de caña por hectárea y sacarosa (%caña). *Acta Agronómica*, 64(3), 268-272. doi: <http://dx.doi.org/10.15446/acag.v64n3.44494>
- Wright, S. (1918). On the nature of size factors. *Genetics*, 3, 367–374. <https://www.genetics.org/content/genetics/3/4/367.full.pdf>
- Wright, S. (1934). The method of path coefficients. *Annals of Mathematical Statistics*. 5(3), 161–215. <https://www.gwern.net/docs/statistics/1934-wright.pdf>
- Wright, S. (1960). Path Coefficients and Path Regressions: Alternative or Complementary Concepts? *Biometrics*, 16(2), 189-202. DOI: 10.2307/2527551

# ***CAPÍTULO 4***

Modelos de Selección e  
índices de Selección





## Resumen

Identificar los mejores genotipos para producir una progenie con un buen potencial genético para mostrar medias sobresalientes en las características de importancia económica o agronómica, es una de las actividades de mayor importancia y de mayor costo en los programas de fitmejoramiento. Existen muchas metodologías que permiten establecer índices de selección (IS) para identificar los mejores genotipos. El objetivo de este capítulo fue desarrollar los principios estadísticos de la selección con base en la información de un dialélico entre nueve Líneas Doble Haploides (LDH) de uchuva (*Physalis peruviana* L.). Los datos utilizados en los análisis estadísticos relacionados con los principios de selección correspondieron al peso de fruto fresco con cáliz (PCC), peso de fruto seco sin cáliz (PSC), diámetro ecuatorial (DE) y eje polar (EP) del fruto, sólidos solubles totales (SST), ácido ascórbico (AA) y rendimiento (RTO) evaluadas en cuatro localidades del departamento de Naiño. Se determinó la ganancia genética con base en los índices de selección de Smith (1936) y Hazel (1943), Kempthorne y Nordskog (1959), Pesek y Baker (1970) y los modelos BLUP. Las variables evaluadas mostraron una distribución normal. La falta de correlación entre PCC, DE y EP con RTO no permitió efectuar procesos de selección correlacionada. Los IS basados en una función discriminante, pesos económicos y restricciones, produjeron un diferencial de selección negativo para RTO, pero positivo para las demás variables. La selección por el mejor predictor lineal insesgado (BLUP) para el RTO mostró, a excepción del AA, diferenciales de selección e incrementos genéticos positivos.

**Palabras clave:** *Physalis peruviana*, híbrido, correlación, varianzas-covarianzas, diferencial de selección, ganancia genética.

## Abstract

Identifying the best genotypes to produce progeny with the best genetic potential to show outstanding averages in the traits of economic or agronomic importance is one of the most important and costly activities in breeding programs. Many methodologies allow us to establish selection indices (SI) to identify the best genotypes. The objective of this chapter was to develop the statistical principles of selection based on the information of a diallelic among nine Double Haploid Lines (LDH) of Cape gooseberry

(*Physalis peruviana* L.). The data used in the statistical analyses related to the selection principles corresponded to the weight of fresh fruit with calyx (FFWC), weight of dry fruit without calyx (DFWC), equatorial diameter (ED) and polar axis (PA) of the fruit, solid total soluble substances (SST), ascorbic acid (AA) and yield evaluated in four localities of the department of Naiño. Genetic gain was determined based on the selection Indices of Smith (1936) & Hazel (1943), Kempthorne & Nordskog (1959), Pesek & Baker (1970) and the BLUP models. They were shown a normal distribution. The lack of correlation between DFWC, ED and PA with the yield did not allow correlated selection processes. The SI based on a discriminant function, economic weights and restrictions produced a negative selection differential for the yield, but positive for the other variables. Selection by the best-unbiased linear predictor (BLUP) for yield showed, with the exception of AA, selection differentials and positive genetic increases.

**Keywords:** *Physalis peruviana*, hybrid, correlation, variances-covariances, selection differential, genetic gain.

## Introducción

En el mejoramiento genético vegetal, se debe distinguir el sistema de reproducción del cultivo. Generalmente, se tienen plantas de reproducción sexual y asexual. En reproducción sexual se diferencian plantas alógamas, autógamas y mixtas, mientras que dentro de la asexual se tiene las plantas de reproducción clonal. A partir del conocimiento del sistema de reproducción, se han creado métodos de mejoramiento eficientes para una especie cultivada específica (Poehlman & Sleper, 2003), dentro de los cuales, la selección es la actividad relevante que permite evaluar los individuos de una colección a través del o los caracteres de interés para el programa de fitomejoramiento.

De acuerdo con los valores fenotípicos individuales, los mejores genotipos son elegidos para incluirse en los planes de cruzamiento como parentales de la siguiente generación filial. Sin embargo, el valor fenotípico de un individuo no es la única fuente de información sobre su valor como progenitor. Los valores fenotípicos de familias, especialmente de hermanos completos o medios hermanos. El uso de la información de las familias es de gran importancia en la aplicación de la selección en

fitomejoramiento, dado que los caracteres a seleccionar a menudo son de baja heredabilidad y, en este caso, el valor medio de las familias proporciona una guía más fiable del valor como progenitor que el valor fenotípico del individuo, y cuando el resultado de la selección es una cuestión de beneficio económico, una mejora de la respuesta aunque pequeña compensará el esfuerzo adicional de aplicar el mejor la mejor opción de mejora genética (Falconer & Mackay, 1995).

La selección es, en última instancia, la reproducción diferencial de los genotipos, la cual lleva al cambio de las frecuencias alélicas en la dirección deseada. El propósito y la característica crítica de la selección artificial son elegir de un grupo de individuos aquellos que se reproducirán para que la selección sea lo más eficaz posible para una intensidad de selección dada. Se han ideado varias técnicas para ayudar al fitomejorador a tomar decisiones precisas. Dichas técnicas incluyen procedimientos basados en conceptos genéticos (como la prueba de progenie o la evaluación de familias) y procedimientos experimentales que intentan minimizar el efecto de los entornos en la expresión de los genotipos (Hallauer et al., 1988).

Los procedimientos de selección utilizados en el fitomejoramiento han evolucionado progresivamente, desde los métodos más simples como la selección masal hasta los métodos de selección asistida por marcadores moleculares y de selección genómica.

La selección asistida por marcadores moleculares (SAM) se ha basado en los mapas de marcadores moleculares de ADN, los cuales son el marco necesario para esta técnica. Se han construido mapas de marcadores moleculares para la mayoría de las especies de importancia agrícola, no obstante, que la densidad de los mapas varía considerablemente entre las especies. A pesar de los considerables recursos que se han invertido en este campo y del enorme potencial que todavía representa, con pocas excepciones en el mundo desarrollado, la SAM (MAS en inglés) todavía no ha aportado los beneficios esperados en los programas de mejora de cultivos comerciales, ganado, árboles forestales o peces de piscifactoría. A la hora de evaluar las posibles ventajas de la aplicación de la SAM como herramienta de mejora genética en los países en desarrollo, algunas de las cuestiones que deberían considerarse son sus costos y beneficios económicos, sus posibles ventajas en comparación con la mejora convencional o con la aplicación de otras biotecnologías, y el posible impacto de los derechos de propiedad intelectual en el desarrollo y la

aplicación de la SAM. La promesa de la SAM ha sido recibida con el mayor entusiasmo y expectación en el sector agrícola en particular, estimulando enormes inversiones en el desarrollo de mapas de marcadores moleculares e investigación para detectar asociaciones entre fenotipos y marcadores. La información sobre los principales proyectos sobre plantas (como la secuenciación del genoma completo del arroz) se puede encontrar en [www.ncbi.nlm.nih.gov/genomes/PLANTS/PlantList.htm](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genomes/PLANTS/PlantList.htm) (Ruane & Sonnino, 2007).

Se han creado nuevas vías para identificar los principales genes, los defectos genéticos, los loci de caracteres cuantitativos (QTL) y, en última instancia, para aplicar la selección genómica (SG) en ganado, en principio, para luego adoptarse a los cultivos. La identificación de regiones específicas de interés que afectan a los caracteres cuantitativos tenía como objetivo incorporar marcadores vinculados a los QTL en los programas de mejoramiento mediante el uso de la SAM. La mayoría de los QTL explican sólo una pequeña proporción de la variación genética de una característica, con un impacto limitado en la mejora genética (van Marle-Köster *et al.*, 2013). Se han registrado más de 10.000 QTL con diferentes sistemas de marcadores en más de 120 estudios que abarcan 12 especies vegetales y que tienen como objetivo mejorar los rasgos cuantitativos de importancia económica. Inicialmente, los marcadores moleculares se integraron a la SAM. En el caso de rasgos simples, la selección asistida por marcadores comprende la selección de individuos con marcadores asociados a QTLs que tienen efectos importantes; los marcadores no asociados significativamente a un rasgo no se utilizan. Sin embargo, los intentos de mejorar los rasgos cuantitativos complejos mediante la detección de marcadores asociados a QTL han sido infructuosos debido a la dificultad de encontrar el mismo QTL en múltiples ambientes (debido a las interacciones QTL-ambiente) o en diferentes orígenes genéticos (Crossa *et al.*, 2017).

A diferencia de los QTL y del mapeo de asociación, la selección genómica (SG) utiliza todos los marcadores moleculares para la predicción genética del rendimiento de los candidatos a la selección. Por lo tanto, el objetivo de la SG, es predecir los valores como progenitores y/o genéticos (VP). La SG combina datos moleculares y fenotípicos en una población de entrenamiento para obtener los valores genéticos estimados (GEBVs') de los individuos de una población de prueba que han sido genotipados, pero no fenotipados. La SG se utiliza en lugar de la fenotipificación durante

algunos ciclos de selección. Los marcadores de polimorfismo de un solo nucleótido (SNP) crearon la posibilidad de fenotipar una colección de trabajo, donde un solo ensayo produce miles de SNPs, con lo cual se tiene suficiente información genómica para incorporarla a la estimación de los VP (*breeding value*). La SG predice los VP de los candidatos a la selección. Los VP tienen dos componentes: la media de los padres (el VP medio de ambos padres) y la desviación del rendimiento de la progenie con respecto a esta media, debida al muestreo mendeliano. El muestreo mendeliano evalúa la variación intrafamiliar, que se cuantifica probando la progenie en ensayos de campo multi ambientales. La SG aprovecha los marcadores densos para cuantificar el muestreo mendeliano, evitando así la necesidad de fenotipar extensamente la progenie. Esto ahorra tiempo al reducir la duración del ciclo, al tiempo que la ganancia genética esperada y la respuesta de selección por unidad de tiempo; también utiliza menos recursos en comparación con el fenotipado extensivo. La SG tiene el potencial de mejorar rápidamente rasgos complejos con baja heredabilidad, así como reducir significativamente el costo del desarrollo de líneas e híbridos, sin embargo, La aplicación de la SG en el fitomejoramiento está limitada por los costos de genotipado, y por la falta de directrices claras sobre dónde puede aplicarse eficazmente la SG en un programa de mejora (Lorenz *et al.*, 2011; Heslot *et al.*, 2012; Jannink *et al.*, 2010; Stock & Reents, 2013; Crossa *et al.*, 2017).

En cuanto al fitomejoramiento tradicional, a continuación se resumen los aspectos más importantes de la teoría relacionada con la selección no asistida por biología molecular, los cuales se han publicado principalmente en Hallauer *et al.* (1988), Falconer & Mackay (1996), Gupta *et al.* (2004), Bos y Caligari (2008), Roy (2008), Betrán *et al.* (2009), Isik *et al.* (2017) y en el documento no publicado “Principios básicos de genética cuantitativa” del Dr. Hernán Ceballos Lascano quien fue profesor de la asignatura Genética Cuantitativa en la Universidad Nacional de Colombia, entre 1995 y 2010.

El valor fenotípico de un individuo ( $V_F$ ) medido como la desviación de la media de la población, es la suma de la desviación de su media familiar respecto a la media poblacional ( $S_F$ ) y la desviación del individuo con respecto a la media de la familia ( $S_i$ ) o desviación intrafamiliar, de tal forma que  $V_F = S_F + S_i$ .

El procedimiento de selección varía según la importancia dada a estos dos componentes. En general, hay tres procedimientos que se han dado en los procesos de mejora genética. La selección individual, donde se da el mismo peso de  $S_F$  y  $S_i$ . La selección familiar con base en la media familiar ( $S_F$ ) y con un peso cero a la desviación intrafamiliar ( $S_i$ ). La selección solo con base en la desviación intrafamiliar ( $S_i$ ), y con un peso cero a la media familiar ( $S_F$ ). Esto se conoce como selección intrafamiliar.

En lugar de uno u otro de estos tres procedimientos, se pueden tener en cuenta ambos componentes,  $S_F$  y  $S_i$ , pero dándoles pesos diferentes elegidos de manera que se aprovechen al máximo las dos fuentes de información. Esto se conoce como selección por combinación óptima o selección combinada o, más generalmente, selección por índice. Esto representa una solución para obtener el máximo índice de respuesta o índice de selección, y los otros tres métodos más sencillos son casos especiales en los que las ponderaciones dadas a las dos fuentes de información son 1 u 0. Por lo tanto, en principio es siempre el mejor método.

Los procedimientos de selección pueden dividirse en dos fases:

- Selección entre poblaciones, por ejemplo, para fines de reproducción y/o producción de semillas.
- Selección de genotipos dentro de una población, por ejemplo, desarrollo de líneas endogámicas e identificación de híbridos.

En la **selección entre poblaciones** se debe decidir qué poblaciones son más adecuadas para sus fines y recursos. Ni los métodos de mejora ni la tecnología de punta serán útiles si las poblaciones elegidas no están bien seleccionadas. Las poblaciones seleccionadas pueden utilizarse directamente para la producción o para los procesos de mejora. El potencial genético de las poblaciones con fines de reproducción puede evaluarse simplemente por la observación de su rendimiento o por el análisis de su pedigrí, origen y registros de selección anteriores. Las propiedades genéticas intrínsecas de las poblaciones sólo pueden evaluarse mediante diseños genéticos (Comstock & Robinson, 1948; Jinks; 1954; Hayman, 1954; Griffing, 1956; Kempthorne & Curnow, 1961; Gardner & Eberhart, 1966; Gordon, 1980, Hallauer & Miranda, 1981). Los parámetros de mayor importancia son la media, la varianza genética



aditiva y su magnitud relativa, el coeficiente de heredabilidad y las correlaciones genéticas aditivas entre los rasgos más importantes. La media del carácter que será modificada, es importante porque la selección inicia con un nivel inferior y requiere varios ciclos, en una población con menor rendimiento, para alcanzar un nivel superior. Además, la presencia de varianza genética útil es un requisito para permitir el progreso de la selección. El cruzamiento entre poblaciones también proporciona información valiosa con relación a la heterosis y la capacidad de combinación, lo cual permite determinar el potencial genético de diferentes materiales genéticos.

En cuanto a **la selección de genotipos dentro de una población**, esta se realiza entre genotipos. En este caso, se puede considerar que una población tiene un tamaño finito y está formada por un conjunto fijo de genotipos definidos, o bien que se trata de una reserva genética única que, a efectos prácticos, es una muestra aleatoria de una población teóricamente infinita. En el primer caso, se pueden incluir todos los tipos de híbridos entre líneas homocigotas. Las líneas homocigotas extraídas de una población pueden considerarse una muestra de una población grande de genotipos. Pero una vez que las líneas experimentales se extraen y se cruzan con líneas de otras fuentes, por ejemplo: probadores de la industria, para los ensayos de híbridos de generación tardía o avanzada, se tiene un conjunto fijo de genotipos a considerar. En este caso, la selección se realizaría entre todos los posibles híbridos que implican un conjunto fijo de líneas parentales (ejemplo, líneas experimentales cruzadas con varios probadores de la industria que representan diferentes grupos heteróticos). Las ventajas del sistema de híbridos-líneas endogámicos para seleccionar genotipos son las siguientes:

- Los genotipos seleccionados pueden ser reproducidos y luego sometidos a pruebas exhaustivas, lo que permite una mayor precisión en la evaluación.
- La utilización comercial de los híbridos requiere que sean reproducibles, lo que sólo es posible mediante el sistema de híbridos-líneas endogámicas.
- Algunos procesos utilizados para el desarrollo de líneas endogámicas implican una selección secuencial. En este punto,

las líneas consanguíneas se eliminan en etapas sucesivas antes de que se complete la endogamia y así, bajo una selección efectiva, se aumenta la probabilidad de obtener mejores genotipos. Esto no es aplicable al proceso de desarrollo de líneas doble haploides.

La ganancia teórica por selección entre los híbridos obtenidos mediante la cruce entre líneas endocriadas de dos poblaciones está dada por:

$$\Delta G = k \left( \frac{\hat{\sigma}_G^2}{\hat{\sigma}_F} \right) + v$$

Donde:  $k$  = intensidad de selección efectivo o en unidades estándar (Tabla 2.18),  $\hat{\sigma}_G^2$  = varianza genotípica total entre híbridos,  $\hat{\sigma}_F$  = desviación estándar fenotípica de las medias de rendimiento en las que se basa la selección,  $v$  = vigor híbrido en los cruzamientos varietales.

Otro método es la selección de familias. Se seleccionan o rechazan familias enteras como unidades, según el valor fenotípico medio de la familia. Por tanto, no se actúa sobre los valores individuales salvo en la medida en que determinen la media de la familia. En otras palabras, las desviaciones intrafamiliares tienen un peso cero. Las familias pueden ser de hermanos completos (HC) o medios hermanos (MH). La principal circunstancia en la que se prefiere la selección familiar, es cuando el carácter seleccionado tiene una baja heredabilidad. La eficacia de la selección familiar se basa en el hecho de que las desviaciones ambientales de los individuos tienden a anularse en el valor medio de la familia. Así, la media fenotípica de la familia se aproxima a ser una medida de su media genotípica, y la ventaja obtenida es mayor, cuando las desviaciones ambientales constituyen una gran parte de la varianza fenotípica, o en otras palabras, cuando la heredabilidad es baja.

En la selección intrafamiliar, el criterio de selección es la desviación de cada individuo del valor medio de la familia a la que pertenece, entendiendo como más deseables aquellos que superan a su familia. La condición principal bajo la cual este método tiene una ventaja sobre los demás es un gran componente de variación ambiental común a los miembros de una familia.

La selección recurrente (SR) puede definirse como un proceso de selección cíclica y gradual que busca aumentar de forma metodológica la



frecuencia de alelos favorables y mantener la varianza genética dentro de una colección de materiales genéticos o población, lo cual permite una ganancia sostenible por selección. Existen diferentes sistemas de SR que han sido aplicados a la mejora de caracteres poligénicos o cuantitativos, los que generalmente son controlados por numerosos genes, de efectos individuales pequeños y altamente influenciados por el ambiente. Cada ciclo de SR, consiste en conformar familias o poblaciones (HC, MH,  $S_1$ ,  $S_2$ ), evaluar estas familias en ensayos repetidos a través de diferentes localidades y recombinar las poblaciones o progenies seleccionadas e iniciar un nuevo ciclo de SR (Figura 4.1). Si se cuenta con numerosas poblaciones y la variabilidad genética es similar en todas ellas, entonces se puede elegir la que presente el mejor promedio para el o los caracteres a mejorar. Por el contrario, si entre las poblaciones iniciales existen diferencias en cuanto a variabilidad genética, ésta debe tenerse en cuenta junto con los respectivos promedios.



**Figura 4.1.** Esquema General Para el Mejoramiento Poblacional a Través de Selección Recurrente.

Los métodos de SR pueden ser intrapoblacional e interpoblacional. En la primera se busca mejorar el comportamiento per se de una población dada, mientras que en la segunda se intenta principalmente el mejoramiento del comportamiento del cruzamiento entre dos poblaciones, comúnmente llamadas recíprocas. En la SR intrapoblacional, se distinguen

la selección masal, la cual se basa principalmente en el fenotipo de plantas individuales y la selección que utiliza algún tipo de estructura familiar. En conclusión, la SR se define como un grupo de procedimientos de mejora que consisten en ciclos recurrentes de selección de genotipos destacados con un propósito específico en una población heterocigota y la posterior recombinación de la porción seleccionada a partir de esta población. En la Tabla 4.1, se resumen las fórmulas de incremento (ganancia) genético de los diferentes tipos de SR.

Otro aspecto importante además de la ganancia genética, es el índice de selección, que es otra herramienta muy importante en los procesos de mejora genética. El objeto de los índices de selección, es maximizar el valor genético promedio de una población. El valor genético es la suma de los valores genotípicos de los caracteres establecidos y sus respectivos pesos económicos. Por lo tanto, el valor genético refleja el valor general de una línea o un individuo en particular y los pesos económicos expresan la importancia relativa de un rasgo respecto a otro en la composición del valor total de una línea o material genético. Los índices de selección se pueden utilizar como base para la mejora simultánea de más de un carácter mediante la selección, o para mejorar la eficacia de la selección de un carácter (Pesek & Baker, 1970).

**Tabla 4.1**

*Ganancias Genéticas de Diferentes Métodos de Selección Recurrente.*

| <b>Método selección</b>                                                          | <b>UE</b> | <b>UR</b> | <b>c</b> | <b><math>\Delta G</math></b>                                                                                      | <b>GPC</b> |
|----------------------------------------------------------------------------------|-----------|-----------|----------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------|
| <b>INTRAPOBACIONAL</b>                                                           |           |           |          |                                                                                                                   |            |
| Masal (dos padres)                                                               | Pi        | Pi        | 1        | $kc \left[ \frac{\sigma_A^2}{\sqrt{\sigma_A^2 + \sigma_D^2 + \sigma_e^2 + \sigma_d^2}} \right]$                   | Una        |
| Masal (un padre)                                                                 | Pi        | Pi        | 1/2      | $kc \left[ \frac{\sigma_A^2}{\sqrt{\sigma_A^2 + \sigma_D^2 + \sigma_e^2 + \sigma_d^2}} \right]$                   | Una        |
| Masal estratificada (Gardner, 1961)                                              | Pi        | Pi        | 1/2      | $kc \left[ \frac{\sigma_A^2}{\sqrt{\sigma_A^2 + \sigma_D^2 + \sigma_{e-Est}^2 + \sigma_{Est}^2}} \right]$         | Una        |
| <b>Mazorca por surco modificada MH (Lonquist, 1964)</b>                          |           |           |          |                                                                                                                   |            |
| Entre FMH                                                                        | FMH       | FMH       | 1/2      | $kc \left[ \frac{(1/4)\sigma_A^2}{\sqrt{\sigma_F^2 + \sigma_{Fxa}^2/a + \sigma_e^2/ar + \sigma_d^2/arp}} \right]$ | Una        |
| Dentro de FMH                                                                    | FMH       | FMH       | 1/2      | $kc \left[ \frac{(3/4)\sigma_A^2}{\sqrt{\sigma_{Fdentro}^2}} \right]$                                             | Una        |
| <b>Mazorca por surco modificada (Paterniani, 1967; Compton y Comstock, 1976)</b> |           |           |          |                                                                                                                   |            |
| Entre FMH                                                                        | FMH       | FMH       | 1        | $kc \left[ \frac{(1/4)\sigma_A^2}{\sqrt{\sigma_F^2 + \sigma_{Fxa}^2/a + \sigma_e^2/ar + \sigma_d^2/arp}} \right]$ | Dos        |
| Dentro de FMH                                                                    | FMH       | FMH       | 1/2      | $kc \left[ \frac{(3/4)\sigma_A^2}{\sqrt{\sigma_{Fdentro}^2}} \right]$                                             | Dos        |
| <b>Plantas prolíficas</b>                                                        |           |           |          |                                                                                                                   |            |
| Control gameto femenino                                                          | FMH       | FS1       | 1/2      | $kc \left[ \frac{(1/2)\sigma_A^2}{\sqrt{\sigma_F^2 + \sigma_{Fxa}^2/a + \sigma_e^2/ar + \sigma_d^2/arp}} \right]$ | Tres       |
| Control ambos sexos                                                              | FMH       | FS1       | 1        | $kc \left[ \frac{(1/2)\sigma_A^2}{\sqrt{\sigma_F^2 + \sigma_{Fxa}^2/a + \sigma_e^2/ar + \sigma_d^2/arp}} \right]$ | Tres       |
| <b>Familias de hermanos completos-HC (F1s)</b>                                   |           |           |          |                                                                                                                   |            |
| Entre FHC                                                                        | FHC       | FHC       | 1        | $kc \left[ \frac{(1/2)\sigma_A^2}{\sqrt{\sigma_F^2 + \sigma_{Fxa}^2/a + \sigma_e^2/ar}} \right]$                  | Dos        |
| Dentro de FHC                                                                    | FHC       | FHC       | 1        | $kc \left[ \frac{(1/2)\sigma_A^2}{\sqrt{\sigma_F^2 + \sigma_{Fxa}^2/a + \sigma_e^2/ar + \sigma_d^2/arp}} \right]$ | Dos        |
| <b>Líneas S<sub>1</sub> (LS<sub>1</sub>)</b>                                     |           |           |          |                                                                                                                   |            |
| Entre líneas S <sub>1</sub>                                                      | LS1       | LS1       | 1        | $kc \left[ \frac{\sigma_A^2 + S_{D1}}{\sqrt{\sigma_F^2 + \sigma_{Fxa}^2/a + \sigma_e^2/ar}} \right]$              | Tres       |

|                                             |     |     |     |                                                                                                                                                           |      |
|---------------------------------------------|-----|-----|-----|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------|
| Entre S1 (un sexo)                          | LS1 | LS1 | 1/2 | $kc \left[ \frac{\sigma_A^2}{\sqrt{\sigma_F^2 + \sigma_{Fxa}^2/a + \sigma_e^2/ar}} \right]$                                                               | Tres |
| Entre S1 (dos sexos)                        | LS1 | LS1 | 1   | $kc \left[ \frac{\sigma_A^2}{\sqrt{\sigma_F^2 + \sigma_{Fxa}^2/a + \sigma_e^2/ar}} \right]$                                                               | Tres |
| Dentro S1                                   | LS1 | LS1 | 1/2 | $kc \left[ \frac{(1/2)\sigma_A^2}{\sqrt{\sigma_F^2 + \sigma_{Fxa}^2/a + \sigma_e^2/ar + \sigma_d^2/arp}} \right]$                                         | Tres |
| Líneas S2 (LS2)                             | LS2 | LS2 | 1   | $kc \left[ \frac{(3/2)\sigma_A^2 + S_{D2}}{\sqrt{\sigma_F^2 + \sigma_{Fxa}^2/a + \sigma_e^2/ar}} \right]$                                                 | Tres |
| <b>INTERPOBACIONAL</b>                      |     |     |     |                                                                                                                                                           |      |
| Recíproca MH<br>(Comstock et al., 1949)     | FMH | S1  | 1   | $k_1c \left[ \frac{(1/4)\sigma_{A(AxB)}^2}{\sqrt{\sigma_{F(A)}^2}} \right] + k_2c \left[ \frac{(1/4)\sigma_{A(BxA)}^2}{\sqrt{\sigma_{F(B)}^2}} \right]$   | Tres |
| <b>Recíproca de MH con bloques aislados</b> |     |     |     |                                                                                                                                                           |      |
| Bloques aislados                            | FMH | S1  | 1   | $k_1c \left[ \frac{(1/16)\sigma_{A(AxB)}^2}{\sqrt{\sigma_{F(A)}^2}} \right] + k_2c \left[ \frac{(1/16)\sigma_{A(BxA)}^2}{\sqrt{\sigma_{F(B)}^2}} \right]$ | Tres |
| Plantas prolíficas<br>Paterniani, 1967)     | FMH | S1  | 1   | $k_1c \left[ \frac{(1/8)\sigma_{A(AxB)}^2}{\sqrt{\sigma_{F(A)}^2}} \right] + k_2c \left[ \frac{(1/8)\sigma_{A(BxA)}^2}{\sqrt{\sigma_{F(B)}^2}} \right]$   | Tres |
| Recíproca HC                                | FHC | S1  | 1   | $kc \left[ \frac{(1/2)(\sigma_{A(AxB)}^2 + \sigma_{A(BxA)}^2)}{\sqrt{\sigma_F^2}} \right]$                                                                |      |

Nota. UE = unidad de evaluación, UR= unidad de recombinación, c= coeficiente de control parental,  $\Delta G$ = incremento genético, GPC= generaciones por ciclo,  $P_i$  = plantas individuales, FMH= familias de medios hermanos, k = índice de selección estandarizado (Tabla 2.18),  $\sigma_A^2$ = varianza aditiva,  $\sigma_D^2$ = varianza de dominancia,  $\sigma_e^2$ = varianza entre surcos o familias,  $\sigma_d^2$ = varianza dentro de surcos o familias (F),  $\sigma_{e-Est}^2$ = varianza entre estratos,  $\sigma_{Est}^2$ = varianza ambiental dentro de cada estrato, a= ambiente, r= repeticiones, p=plantas evaluadas,  $S_{D1}, S_{D2}$ = desviación de la varianza genética aditiva debida a los efectos de dominancia.

Esencialmente, el índice de selección es una función lineal ponderada de las observaciones de un individuo o sus parientes que tiene como objetivo clasificar la población según los valores genéticos y, por lo tanto, el rendimiento esperado de la progenie (Magnussen, 1990). Esta herramienta puede ayudar al mejorador detectar el genotipo o familia deseable en un programa de mejora. Los índices de selección han sido un criterio de selección eficaz para aumentar la media de una característica, por ejemplo, el rendimiento de grano en maíz (Jawad Asghar & Sadaqat Mehdi, 2010).

Crossa et al. (2017) plantean dos enfoques para los índices de selección lineal. El primer enfoque se denomina índices de selección lineal estándar, mientras que el segundo de ellos se denomina métodos de índice de selección por valores propios. En el primer enfoque, los pesos económicos son fijos y conocidos, mientras que en el segundo enfoque los pesos económicos son fijos pero desconocidos. Esta es la principal diferencia entre ambos enfoques e implica que los métodos de índices de selección por valores propios incluyen los índices de selección lineal estándar pero no requieren que se conozcan los pesos económicos. Ambos tipos de índices predicen el mérito genético neto y maximizan la respuesta de selección, y le dan al mejorador un criterio objetivo para seleccionar individuos como progenitores para el próximo ciclo de selección. Además, en la predicción, se puede utilizar información fenotípica, de marcadores e información genómica.

Otro procedimiento es el mejor predictor insesgado (BLUP en inglés), los cuales se basan en datos que se generan de forma rutinaria en los programas de fitomejoramiento, donde se tiene datos de rendimiento y estimaciones de relación genética entre líneas (Bernardo, 1996). Los BLUP se han utilizado para estimar valores genéticos e identificar combinaciones superiores en maíz, soja, melocotón, caña de azúcar y palma aceitera. La característica de la estimación BLUP es que no se requieren experimentos especiales para obtener las predicciones (Milla-Lewis & Isleib, 2005). En el caso de la selección genómica, los modelos BLUP producen las mayores precisiones de predicción para la mayoría de los rasgos en las poblaciones de entrenamiento (Grinberg et al., 2016).

Cerón-Rojas & Crossa (2018) indican que los tres principales índices de selección fenotípica lineal utilizados para predecir el mérito genético neto y seleccionar a los padres para el próximo ciclo de elección son el índice

de selección fenotípico lineal (LPSI), el LPSI restringido nulo (RLPSI) y las ganancias proporcionales predeterminadas por el LPSI (PPG-LPSI). El LPSI es un índice no restringido, mientras que el RLPSI y el PPG-LPSI permiten que se impongan restricciones iguales a cero y restricciones de ganancia proporcional predeterminadas, respectivamente, sobre la ganancia genética esperada del carácter por valores de rasgo que hacen que algunos caracteres cambien sus valores medios basados en un nivel predeterminado, mientras que el resto de caracteres permanecen sin restricciones. Todos estos índices son combinaciones lineales de valores de varios caracteres fenotípicos observables y ponderados de manera óptima.

Acorde con lo anterior, el objetivo de este capítulo fue desarrollar los principios estadísticos de la selección con base en la información del dialélico entre nueve Líneas Doble Haploides (LDH) de uchuva (*Physalis peruviana* L.).

## **Materiales y métodos**

Los datos utilizados en los análisis estadísticos relacionados con los principios de selección corresponden a las variables peso de fruto fresco con cáliz (PCC), peso de fruto seco sin cáliz (PSC), diámetro ecuatorial (DE) y eje polar (EP) del fruto, sólidos solubles totales (SST), ácido ascórbico (AA) y rendimiento (RTO) evaluadas en el ensayo de uchuva (*Physalis peruviana* L.), correspondiente a un dialélico entre nueve LDH bajo el método IV de Griffing (1956) (Anexo 2.2). Los detalles de los ensayos de este experimento se describieron en el ítem 2.4.

### **Análisis de la información**

Las variables estudiadas fueron descritas a través de su distribución normal, media, y medidas de dispersión (Steel & Torrie, 1960). Se determinó la ganancia genética y con base en los índices de selección de Smith (1936) y Hazel (1943), Kempthorne y Nordskog (1959), Pesek & Baker (1970), Baker (1986), Cerón-Rojas & Crossa (2018) y los modelos BLUP (Bernardo, 1996; Balzarini & Milligan, 2003; Piepho et al., 2007), se seleccionaron los parentales e híbridos de mejor aptitud en las variables evaluadas.

## Resultados y discusión

### Caracteres cuantitativos

En el Anexo 4.1 se encuentran las medias de fruto fresco con cáliz (PCC), peso de fruto seco sin cáliz (PSC), diámetro ecuatorial (DE) y eje polar (EP) del fruto, sólidos solubles totales (SST), ácido ascórbico (AA) y rendimiento (RTO) evaluadas en un dialélico entre nueve LDH de uchuva (*Physalis peruviana* L.) a través de las localidades de Gualmatán, Ipiales, Pasto-Obonuco y Puerres pertenecientes a la región natural Andina del departamento de Nariño, sur de Colombia. Estas variables son de tipo cuantitativo y están estrechamente ligadas al concepto de la variable cuantitativa desde el punto de vista estadístico. Estos atributos se describen mejor por su medida en unidades definidas como gramos, centímetros, centímetros cuadrados o cúbicos, miligramos por centímetro cubico, entre otras (Mariotti, 1986).

Los caracteres cuantitativos de importancia agronómica pueden medirse en escalas continuas, tales como el rendimiento por planta, longitud de mazorca, área foliar, contenido de aceite, contenido de azúcar, etc. Igualmente, existen otras características cuantitativas que pueden resultar de conteos, que se conocen como variables discretas, entre las cuales se pueden mencionar como ejemplos al número de estolones por planta, número de tubérculos por planta, número de macollas por planta, lóculos por fruto, semillas por vaina, entre otros.

Los caracteres cuantitativos dependen de muchos genes, los cuales son de efecto pequeño y acumulativo en la expresión del carácter. Estos genes también llamados menores o polígenes están influenciados fuertemente por el ambiente, los cuales originan distintos fenotipos que al graficarlos toman la forma de la distribución normal o continua, tal como se puede observar en la Figura 4.2.

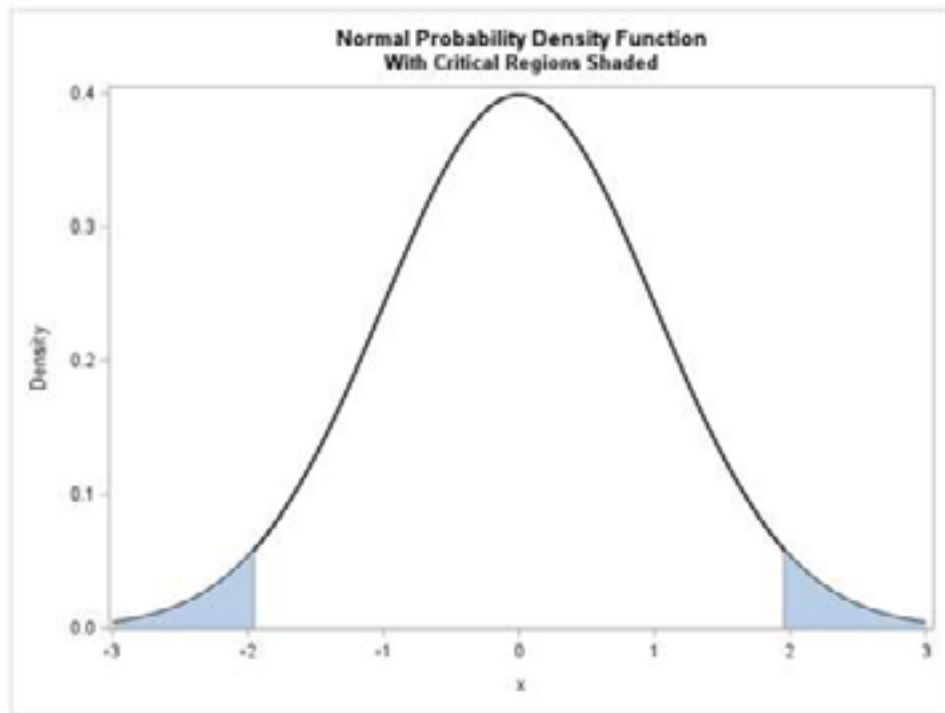


**Figura 4.2.** Distribución Normal Asociada a la Variabilidad de Variables Cuantitativas.

La distribución normal de una variable  $Z_i$  se caracteriza porque su distribución depende de los parámetros media ( $\mu$ ) y desviación estándar poblacional ( $\sigma$ ). Una distribución  $Z_i$  se distribuye normalmente con  $\mu = 0$  y  $\sigma = 1$ , la cual se simboliza como  $Z_iNN(\mu = 0, \sigma = 1)$ . La distribución normal es característica de variables aleatorias continuas; graficada, se muestra como una curva normal (campana de Gauss o Laplaciana), la cual puede adoptar distintas formas de acuerdo con los parámetros  $\mu$  y  $\sigma$ .

La función de densidad de probabilidad conocida como función de densidad, o densidad de una variable aleatoria continua, describe la probabilidad relativa de que dicha variable aleatoria asuma un valor determinado.

$$z_iNN(\mu, \sigma) = P_{(Y)} = \frac{1}{\sigma\sqrt{2\pi}} e^{\frac{-(y-\mu)^2}{2\sigma^2}}$$

Donde:  $P_{(Y)}$  = es la función de probabilidad de densidad de  $Y$ ,  $Y$  = variable continua,  $\mu$  = media poblacional de  $Y$ ,  $\sigma$  = desviación estándar poblacional de  $Y$ ,  $e$  = número de Euler = 2,7182818284590 (base de los números naturales,  $\pi = 3,14159$ ).



Las distintas formas de curva normal se obtienen de SAS con la siguiente sintaxis:

```
%let alpha = 0.05; /* establecer el valor de alpha */
%let mu = 0;          /* establecer el valor de la media */
%let sigma = 1; /* establecer el valor de la desviación estándar */

data normal_PDF(drop = lower_q upper_q);
    lower_q = quantile('normal', &alpha/2 , &mu, &sigma); /* Establecer
cuantil inferior */
    upper_q = quantile('normal', (1 - &alpha/2), &mu, &sigma); /*Establecer
cuantil superior */
    do x=&mu - 3*&sigma to &mu + 3*&sigma by 0.01;
        density = pdf('normal',x,&mu,&sigma); /* Función normal de densidad
*/
        output;
    end;
    x = .; density = .;
    x_line = upper_q; line = pdf('normal',x_line,&mu,&sigma);output; /*
Línea para cuantil superior */
    x_line = lower_q; line = pdf('normal',x_line,&mu,&sigma);output; /*
Línea para el cuantil inferior */
    x_line = .; line = .;
    do lower_x_band = &mu - 3*&sigma to lower_q by 0.01;
        lower_band = pdf('normal',lower_x_band,&mu,&sigma); /* Región
crítica inferior */
        output;
    end;
    lower_x_band = .; lower_band = .;

    do upper_x_band = upper_q to &mu + 3*&sigma by 0.01;
        upper_band = pdf('normal',upper_x_band,&mu,&sigma); /* Región
crítica superior */
        output;
    end;
    upper_x_band = .; upper_band = .;
run;

title 'Normal Probability Density Function';
title2 'With Critical Regions Shaded';
```

```
proc sgplot data = normal_PDF noautolegend;
  series x = x y = density / lineattrs = (color = black thickness = 2);
  dropline x = x_line y = line / lineattrs = (color = black);
  band x = lower_x_band upper = lower_band lower = 0;
  band x = upper_x_band upper = upper_band lower = 0;
  yaxis offsetmin=0 min=0 label="Density";
  xaxis label = 'x';
run;
title;
```

En la sintaxis anterior, ***mu*** es la media (=0) y ***sigma*** es la desviación estándar (=1), las cuales pueden cambiarse con los respectivos parámetros de la variable considerada. En la Figura 4.3, se observan las curvas normales correspondientes a  $Z_iNN(\mu = 0, \sigma = 1)$ ,  $Z_iNN(\mu = 0, \sigma = 2)$  y  $Z_iNN(\mu = 0, \sigma = 3)$ , las cuales se obtuvieron con la sintaxis anterior.

Las características de la distribución normal de Z (Figura 4.3), son las siguientes:

- La distribución simétrica con relación a la media ( $\mu$ ), punto donde coinciden la moda ( $M_o$ ) y la mediana ( $M_e$ ).
- La media divide el área bajo la curva en dos partes iguales.
- El área bajo la curva es igual a uno (1).
- La mayoría de observaciones están alrededor de la media.
- Los puntos de inflexión determinan la desviación estándar ( $\mu + \sigma$ ,  $\mu - \sigma$ )
- La probabilidad de encontrar valores de  $Y_i$  entre  $(\mu + \sigma)$  y  $(\mu - \sigma)$  es del 68,26%, lo cual se expresa como  $P(\mu - \sigma \leq Y_i \leq \mu + \sigma) = 0,6826$  (68,26%), mientras que la  $P(\mu - 2\sigma \leq Y_i \leq \mu + 2\sigma) = 0,9544$  (95,44%) y la  $P(\mu - 3\sigma \leq Y_i \leq \mu + 3\sigma) = 0,9774$  (95,74%).

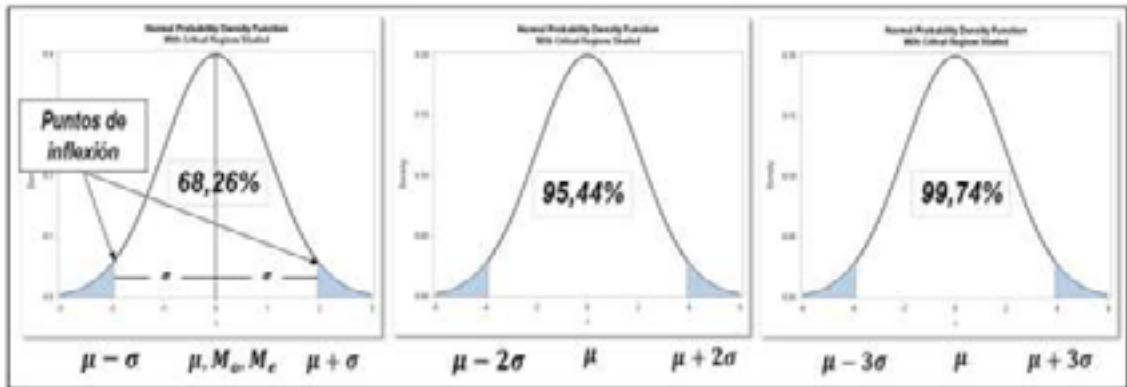


**Figura 4.3.** Características de Curvas Normales Correspondientes a  $Z_{iNN}(\mu = 0, \sigma = 1)$ ,  $Z_{iNN}(\mu = 0, \sigma = 2)$  y  $Z_{iNN}(\mu = 0, \sigma = 3)$ , las Cuales se Obtuvieron con Sintaxis SAS.

Para obtener la probabilidad de una distribución normal se usan tablas de Z, que aparecen en los libros de biometría o estadística como el de Steel & Torrie (1960) o en Excel con la función =DISTR.NORM.ESTAND.N(A1; VERDADERO), por ejemplo, la  $P(Z_i \leq 0,1) = 0,53983$ , Entonces en la función de Excel se reemplaza A1 por el valor 0,1, y en SAS, la sintaxis es cualquiera de las siguientes:

```
data;
z=0.1;
x=cdf ('normal', z);
proc print;
run;
```

```
data;
y=cdf ('Gaussian', 0.1);
proc print;
quit;
```

```
Data normal ;
prob = probnorm (0.1);
Proc print;
Run;
```

Si se tiene una variable  $Y_i \sim N(\mu, \sigma)$ , entonces sus observaciones caen sobre la curva normal y se puede expresar en términos de  $Z$  mediante la siguiente expresión:

$$Z_i = \frac{Y_i - \mu}{\sigma}$$

De tal forma que problemas como encontrar la  $P(Y_1 \leq Y_i \leq Y_2)$ , se pueden resolver a través de la expresión anterior y las tablas de  $Z$ . En los experimentos agrícolas, el Análisis de Varianza debe cumplir con los supuestos relacionados con independencia de los errores experimentales, homogeneidad de las varianzas, que los bloques no interactúen con los tratamientos, es decir, que los bloques no influyan sobre el efecto de los tratamientos, y el último supuesto, es que los residuos de la variable de respuesta se distribuyan normalmente con media cero y varianza constante. El primer supuesto se garantiza con la correcta aleatorización de los tratamientos en los diseños experimentales y con un buen manejo de los mismos. En el caso del segundo supuesto, se asume que las varianzas de los tratamientos son homogéneas con un estimador común que es el cuadrado medio del error. El supuesto de normalidad de las variables de respuesta permite establecer la distribución de probabilidad del cociente  $F$ , y se utiliza para cuantificar la incertidumbre de las conclusiones. Existen pruebas subjetivas y estadísticas para comprobar si estos supuestos se violan o no.

Para la homogeneidad u homocedasticidad de varianzas se pueden utilizar pruebas subjetivas como el gráfico de valores observados de la variable de respuesta versus valores residuales (valores observados menos valores predichos), los cuales no deben tener un patrón definido. También se utilizan las pruebas estadísticas de Levene o de Bartlett, que comprueban la hipótesis nula de que las varianzas de los tratamientos evaluados son iguales.

A través de métodos subjetivos, se puede analizar la normalidad de la variable de respuesta cuantitativa. Estos comprenden la generación de gráficos PP-plot o QQ-plot de los residuales. Entre las pruebas estadísticas, se destacan las de Shapiro-Wilk, Kolmogorov-Smirnov (K-S), Anderson-Darling y Cramer-von Mises. De estas, las más usadas son las pruebas de K-S y Shapiro-Wilk (Flores Muñoz et al., 2019).

La figura de probabilidad-probabilidad, llamada P-P-plot o figura de porcentaje, compara una función de distribución acumulativa empírica de una variable con una función de distribución acumulativa teórica específica como la de distribución normal estándar. La figura cuantil-cuantil o QQ-plot compara los valores ordenados de una variable con cuantiles de una distribución teórica específica, es decir, la distribución normal.

Ahora bien, si dos distribuciones coinciden, los puntos en la gráfica formarán un patrón lineal que pasa a través del origen con una pendiente de uno. Los gráficos PP y QQ-plot se utilizan para ver qué tanto se ajustan la distribución teórica y los modelos de distribución de los datos empíricos. En síntesis, los gráficos PP y QQ-plot permiten de manera subjetiva establecer si los residuales de una variable se ajustan a una distribución normal. El análisis de las medias del RTO de *P. peruviana* (Anexo 4.1), obtenido a través de cuatro localidades del departamento de Nariño indica que esta variable tiene una distribución normalidad, tal como se muestra en la Figura 4.4, dado la forma de campana de la distribución y el ajuste de los residuales a la recta con pendiente uno.

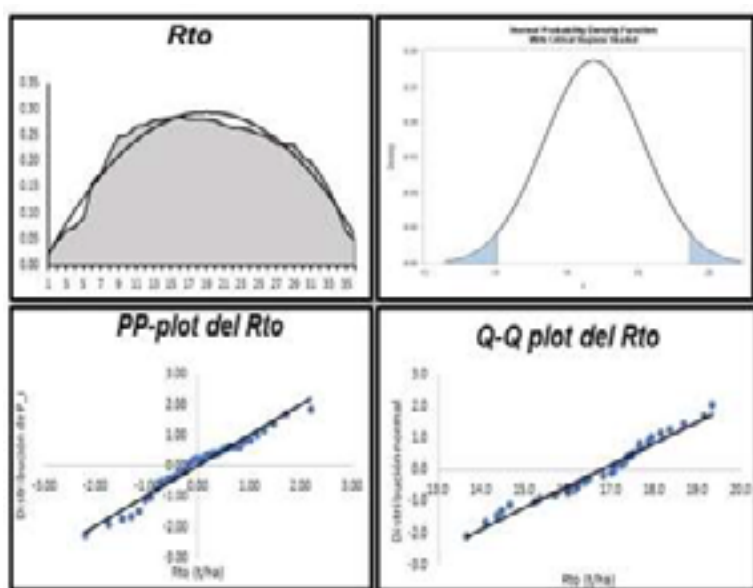


**Figura 4.4.** Gráficos de Campana de Gauss, PP Y QQ-Plot, que Evidencian la Distribución Normal del RTO de 36 Híbridos Obtenidos de un Dialélico de Nueve Líneas Doble Haploides de Uchuva (*Physalis peruviana* L.), Evaluado en Cuatro Localidades del Departamento de Nariño.

A continuación, se describen los procedimientos para generar los gráficos de la Figura 4.4 tanto en Excel como en SAS. La curva normal en SAS, se genera con la sintaxis antes descrita, colocando en **mu** la media

de la variable, (16,76 t/ha) y en ***sigma***, la desviación estándar (1,39 t/ha). En Excel se hace de la siguiente forma:

En Excel se ordenan las medias de menor a mayor. En la celda contigua a la primera media (valor menor), se establece la función =DISTR.NORM.N (B2, \$B\$38, \$B\$39, FALSO), donde B2 es la celda donde aparecerá el valor de la distribución normal de la primera media, \$B\$38 es la celda donde está ubicada la media general, la cual se fija con los símbolos de \$, \$B\$39 es la celda donde se halla la desviación estándar de los datos y falso corresponde a la distribución de probabilidad no acumulada del primer valor. Se da enter. Se copia la función de esta celda en las demás celdas vacías contiguas a las 35 medias restantes. Para generar el gráfico se inserta un gráfico de superficie y se marca la superficie del cuadro del gráfico, se da clic derecho con el mouse. Se insertan los datos y se marca la columna de la distribución normal de las 36 medias. Se da aceptar. Luego se agrega la lineal de tendencia polinómica de segundo orden y queda el gráfico. Se le puede seguir editando en cuanto a nombres de ejes y otros ajustes, para su presentación.

El software estadístico SAS cuenta con los procedimientos UNIVARIATE y CAPABILITY para calcular medidas descriptivas, hacer varios gráficos y realizar pruebas estadísticas de normalidad. Proc UNIVARIATE produce gráficas de QQ-plot, de caja y de probabilidad normal. Proc CAPABILITY entrega gráficos PP-plot. El procedimiento UNIVARIATE también realiza pruebas de Shapiro Wilk, Kolmogorov-Smirnov, Anderson-Darling y Cramer-von Misers. La opción NORMAL realiza pruebas de normalidad; la opción PLOT dibuja un diagrama de tallo y hoja y un diagrama de caja; finalmente, la declaración QQ-plot dibuja una gráfica QQ.

El siguiente procedimiento CAPABILITY y las opciones QQPLOT, PPLOT e HISTOGRAM, respectivamente, entregan una gráfica QQ, una gráfica P-P y un histograma. La declaración INSET agrega estadísticas de resumen a gráficos como un histograma y QQ.

```
Proc capability data=a normal;
Var X;
Qqplot random /normal (mu=est sigma=est color=red l=1);
Ppplot random /normal (mu=est sigma=est color=red l=1);
Histogram /normal (color=maroon w=4) cfill = blue cframe = ligr;
```

*Inset mean std /cfill=blank format=5.2;*

*Run;*

En la siguiente programación de SAS, se obtienen las diferentes estimaciones estadísticas de normalidad y los gráficos QQ-plot y PP-plot para el ensayo de 36 híbridos obtenidos de un dialélico de nueve líneas doble haploides de uchuva (*Physalis peruviana* L.), evaluado en cuatro localidades del departamento de Nariño (Anexo 2.2).

*data a;*

*input i j REP HIB PCC PSC DE EP SST AA RTO ENV\$;*

*Cards;*

*1 2 1 1 5.88 5.15 21.05 18.69 15.57 36.60 14.71 GUALMATÁN*

*1 2 2 1 6.69 5.99 22.20 20.54 15.35 34.80 10.24 GUALMATÁN*

*.*

*.*

*9 10 4 36 7.31 6.44 22.26 20.97 13.55 43.80 10.52 GUALMATÁN*

*1 2 1 1 6.72 5.93 19.56 17.68 13.35 27.20 21.98 IPIALES*

*.*

*.*

*9 10 4 36 5.81 5.04 19.96 19.53 14.64 54.10 12.79 IPIALES*

*1 2 1 1 6.23 5.55 21.03 20.01 15.66 36.60 24.44 OBONUCO*

*.*

*.*

*9 10 4 36 8.51 7.62 23.54 22.06 16.07 49.03 22.64 OBONUCO*

*1 2 1 1 7.40 6.45 22.15 20.73 15.28 34.20 10.46 PUERRES*

*.*

*.*

*9 10 3 36 7.13 6.00 22.33 20.67 14.81 38.10 11.30 PUERRES*

*9 10 4 36 7.66 6.59 22.59 21.74 14.19 45.60 8.48 PUERRES*

*;*

*PROC UNIVARIATE DATA=a NORMAL PLOT;*

*VAR PCC PSC DE EP SST AA RTO;*

*QQPLOT PCC PSC DE EP SST AA RTO/NORMAL (MU=EST*

*SIGMA=EST COLOR=RED L=1);*

*RUN;*

*Proc univariate data=a normal plot;*

*Var PCC PSC DE EP SST AA RTO;*

*Qqplot PCC PSC DE EP SST AA RTO /normal (mu=est sigma=est*

*color=red l=1);*

```
Histogram / normal (color=maroon w=4) cfill = blue cframe = ligr;
Run;
```

```
Proc capability data=a normal;
Var PCC PSC DE EP SST AA RTO;
Qqplot PCC PSC DE EP SST AA RTO/normal (mu=est sigma=est
color=red l=1);
Ppplot PCC PSC DE EP SST AA RTO/normal (mu=est sigma=est
color=red l=1);
Histogram /normal (color=maroon w=4) cfill = blue cframe = ligr;
Inset mean std /cfill=blank format=5.2;
Run;
```

```
ods html;
proc print;
run;
```

El procedimiento para obtener los gráficos PP-plot y QQ-plot en Excel se detalla a continuación. Teniendo en cuenta las medias del RTO de *P. peruviana* (Anexo 4.1), los pasos para construir el gráfico PP-plot, son:

- Organizar la columna de las medias de menor a mayor valor.
- Frente a la celda de la primera media (menor) se da la función =DISTR.NORM. N (B2, B\$38, \$B\$39, FALSO), la cual se explicó anteriormente. Se copia esta función en el resto de medias y se da enter.
- En la siguiente columna (C) se da el orden o rango i-ésimo con  $i=1, 2, \dots, 36$ .
- En la siguiente columna (D) se determina la probabilidad de la posición del orden dado a cada media con la fórmula  $P_i = (i-0,5) / n$ . Para el primer  $i$ , será igual a  $(1-0,5) / 36 = 0,01$ , el siguiente  $(2-0,5) / 36 = 0,04$ , y así sucesivamente.
- En la columna E, se obtienen los valores de Z para la probabilidad de cada posición  $P_i$  con la función =INV.NORM. ESTAND(E2) esperada.
- En la columna F, se determina la distribución normal de cada media con la fórmula = (B2-(PROMEDIO (\$B\$2: \$B\$37))) / (DESVEST.M(\$B\$2: \$B\$37)), que corresponde a:



$$Z_i = \frac{Y_i - \mu}{\sigma}$$

- Finalmente, se obtiene el gráfico PP-plot insertando un gráfico de dispersión de puntos, donde X corresponde a los escores de Z para los P<sub>i</sub> y en el eje de los Y, se coloca la columna de los valores de Z observados obtenidos en la columna F.

Para generar el gráfico QQ-plot, se siguen los mismos pasos anteriores, hasta obtener los i con i= 1, 2,..., 36. En seguida, se determina la probabilidad de la posición del orden dado a cada media con la fórmula P<sub>i</sub>= (i-0,3)/(n+0,4). Para el primer cauntil i, será igual a (1-0,3) /36,4 = 0,019, el siguiente (2-0,3)/36,4 = 0,047, y así alternativamente. En la siguiente columna, se obtiene el valor de Z de la probabilidad P<sub>i</sub> con la función Excel =INV.NORM. ESTAND (probabilidad). Finalmente, se inserta un gráfico de dispersión de puntos con los valores de las medias del RTO en el eje de las X, y los valores de Z de los P<sub>i</sub> en el eje Y.

Además de las propiedades estadísticas de una variable cuantitativa, la genética cuantitativa evalúa estos caracteres con base en su variabilidad dentro de la población y su caracterización parte de la definición y estimación de los parámetros genéticos (Fehr, 1987 y Borojevic, 1990). La explicación de este tipo de herencia muestra que es controlada por varios pares de genes. Es necesario aclarar que no se tratan de alelos múltiples, los cuales tienen que ver con aquellos alelos que ocupan un mismo locus en un cromosoma dado. Los polígenes pueden ser más de tres hasta cientos de genes ubicados en el mismo grupo de ligamiento o en cromosomas diferentes, pero siempre son genes que ocupan loci distintos. En el Anexo 4.2, se describen las características de origen cuantitativo y sus tipos de acción génica.

## Índice de selección (IS)

El IS es una herramienta estadística que permite la selección de genotipos o líneas con base en la mejora simultánea de varias características cuantitativas. El objetivo principal del IS es maximizar el promedio del valor genético de una población, de tal manera que el IS es un instrumento para seleccionar con base en caracteres de importancia agronómica y económica, los mejores materiales genéticos evaluados en la colección de trabajo (Tucuch-Cauich *et al.*, 2011). Existen varias

metodologías para establecer el IS. A continuación, se describirán los principales métodos para determinar el IS.

## Índice de selección con base en valores fenotípicos

Es el IS más sencillo, basado en lo planteado por Baker (1986), quien indica que un IS es una función lineal de valores fenotípicos observables de diferentes rasgos. El valor observado para cada carácter está ponderado por un coeficiente de índice, así:

$$IS = b_1Y_1 + b_2Y_2 + \dots + b_nY_n$$

Donde:  $Y_i$  representa el valor fenotípico observado del i-ésimo carácter, y  $b_i$  es el peso asignado al carácter en el índice de selección, con  $n$  número de características. Este índice ha sido utilizado en muchos trabajos (Lagos et al., 2001; Lagos et al., 2015) y es el más sencillo de todos; sin embargo, tiene la desventaja que no tiene en cuenta las varianzas y covarianzas genotípicas. El procedimiento es el siguiente:

- Definir las características que harán parte del IS. En el caso de *P. peruviana*, harán parte del índice el PCC, el DE, el EP, los SST, el AA y el RTO.
- Definir los pesos económicos o coeficientes de ponderación ( $b_i$ ) para cada variable, así:

| <b>Variable</b>         | <b>PCC</b> | <b>DE</b> | <b>EP</b> | <b>SST</b> | <b>AA</b> | <b>RTO</b> |
|-------------------------|------------|-----------|-----------|------------|-----------|------------|
| <b><math>b_i</math></b> | 0,025      | 0,025     | 0,15      | 0,15       | 0,15      | 0,50       |

- Estandarizar o normalizar los valores de las medias del Anexo 4.1, mediante la ecuación:

$$Z_j = \frac{Y_j - \mu}{\sigma}$$

Donde:  $Z_i$  es el valor normalizado de la media del genotipo j-ésimo,  $Y_j$  es el valor de la media de la variable del genotipo j-ésimo,  $\mu$  = media general de los 36 híbridos de *P. peruviana*,  $\sigma$  = desviación estándar de las 36 medias de los híbridos.

- d) Con los valores normalizados de las medias de cada carácter se aplica el IS, como se muestra en seguida:

| <i>Variable</i> | <i>PCC</i> | <i>DE</i> | <i>EP</i> | <i>SST</i> | <i>AA</i> | <i>RTO</i> |
|-----------------|------------|-----------|-----------|------------|-----------|------------|
| $b_i$           | 0,025      | 0,025     | 0,15      | 0,15       | 0,15      | 0,50       |
| $Z_i$           | $Z_1$      | $Z_2$     | $Z_3$     | $Z_4$      | $Z_5$     | $Z_6$      |

$$IS = (0,025 \times Z_1) + (0,025 \times Z_2) + (0,15 \times Z_3) + (0,15 \times Z_4) + (0,15 \times Z_5) + (0,50 \times Z_6)$$

- e) Obtenidos los IS, se organizan de menor a menor, y se seleccionan los genotipos de mayor IS, de acuerdo con la presión de selección establecida. En este caso, el 20% que es 7,2 genotipos, es decir, los siete mejores.

Con base en lo descrito anteriormente, en la Tabla 4.2 se muestran los valores de las medias de las seis características y el índice de selección de los genotipos seleccionados, junto con la ganancia por selección de estos genotipos. Como puede observarse en la Tabla 4.2, en todas las variables se obtuvieron diferenciales de selección (DS) e incrementos genéticos o ganancias por selección ( $\Delta G$ ) positivos en todas las variables. Los genotipos que están en negrillas y con asterisco presentaron diferencias significativas con los demás genotipos a un nivel de significancia de  $\alpha = 0,05$ , debido a que sus medias superaron a la media general más una desviación estándar ( $\mu + \sigma$ ). En seguida, se detallan las fórmulas para calcular los componentes de progreso genético de la Tabla 4.1.

Diferencial de selección (DS):  $DS = \bar{Y}_S - \mu$

$$\Delta G_1 = (1/2) \times \sqrt{\sigma_F^2} \times h_e^2 \quad (1); \quad \% \Delta G_1 = \left( \frac{\Delta G_1}{\mu} \right) \times 100 \quad (2)$$

$$\Delta G_2 = (1/2) \times k \times DS \times h_e^2 \quad (3); \quad \% \Delta G_2 = \left( \frac{\Delta G_2}{\mu} \right) \times 100 \quad (4)$$

Donde:  $\sigma_F^2$  = varianza fenotípica y  $h_e^2$  = heredabilidad en sentido estricto, valores tomados de la Tabla 2.17 (Capítulo 2),  $k = 1,388$  que corresponde al valor del diferencial de selección en unidades estándar obtenido de la Tabla 2.18 (Capítulo 2).

**Tabla 4.2**

Promedio de las Variables que Componen el Índice de Selección (IS) de la Fracción Seleccionada (20%) de una Población de 36 Híbridos de *Physalis peruviana*, Evaluados en Cuatro Localidades de la Región Natural Andina del Departamento de Nariño

| Híbrido         | PCC          | DE    | EP            | SST           | AA            | RTO           | IS   |
|-----------------|--------------|-------|---------------|---------------|---------------|---------------|------|
| <b>5</b>        | 6,91         | 21,67 | <b>20,90*</b> | 14,57         | <b>41,35*</b> | <b>19,35*</b> | 1,25 |
| <b>6</b>        | <b>7,03*</b> | 21,51 | <b>20,71*</b> | 14,78         | 39,61         | <b>18,37*</b> | 0,77 |
| <b>30</b>       | 6,88         | 21,70 | 20,45         | <b>15,10*</b> | 39,60         | 17,96         | 0,73 |
| <b>13</b>       | 6,42         | 21,06 | 20,33         | 14,65         | 38,42         | <b>19,17*</b> | 0,65 |
| <b>8</b>        | 6,63         | 21,45 | 20,22         | 14,92         | 38,41         | <b>18,69*</b> | 0,64 |
| <b>34</b>       | 6,87         | 21,54 | <b>20,97*</b> | 14,87         | 40,64         | 17,25         | 0,61 |
| <b>29</b>       | 6,52         | 21,24 | 20,51         | <b>15,07*</b> | 40,86         | 17,38         | 0,61 |
| $\bar{Y}_S$     | 6,75         | 21,45 | 20,58         | 14,85         | 39,84         | 18,31         |      |
| $\mu$           | 6,60         | 21,30 | 20,24         | 14,78         | 39,69         | 16,76         |      |
| $\sigma$        | 0,33         | 0,41  | 0,44          | 0,25          | 1,38          | 1,39          |      |
| DS              | 0,15         | 0,15  | 0,34          | 0,07          | 0,15          | 1,55          |      |
| $\Delta G_1$    | 0,06         | 0,08  | 0,08          | 0,06          | 0,25          | 0,25          |      |
| $\% \Delta G_1$ | 0,94         | 0,38  | 0,41          | 0,43          | 0,62          | 1,47          |      |
| $\Delta G_2$    | 0,04         | 0,04  | 0,09          | 0,02          | 0,04          | 0,37          |      |
| $\% \Delta G_2$ | 0,60         | 0,19  | 0,42          | 0,15          | 0,09          | 2,20          |      |

Nota. \*= medias que presentaron diferencias significativas con las demás a un  $\alpha = 0,05$ ,  $\bar{Y}_S$  = media de los siete híbridos seleccionados,  $\mu$  = media general de los 36 híbridos,  $\sigma$  = desviación estándar, DS = diferencial de selección,  $\Delta G$  = incremento genético,  $\% \Delta G$  = porcentaje del incremento genético, PCC = Peso en gramos de fruto fresco con cáliz, DE = diámetro ecuatorial en mm del fruto, EP = eje polar en mm del fruto, SST = sólidos solubles totales, AA = ácido ascórbico, RTO = rendimiento en t/ha.

## Índice de selección de Smith (1936) & Hazel (1943)

Los caracteres que son de interés para los programas de fitomejoramiento son los de naturaleza cuantitativa, sin embargo, la expresión genética de los genes que controlan estos caracteres está enmascarada por las variaciones no heredables que impone el macroambiente (temperatura, humedad, precipitación, entre otros) y el microambiente (condiciones espacio temporales de donde se desarrolla el experimento).

Smith (1936) planteó que las variaciones no heredables dificultan la determinación de los valores genotípicos de plantas o líneas individuales, a menos que se tengan suficientes semillas e instalaciones para cultivar parcelas replicadas de cada línea. En las primeras etapas de la selección,

los fitomejoradores tratan de seleccionar plantas en el campo sobre la base de caracteres observables que creen que pueden estar asociados con el carácter o la calidad deseados (por ejemplo, tamaños de grano y mazorca, rendimiento, o contenido de proteína). Pero el valor atribuido a cada variable suele ser desconocido. Por lo tanto, es necesario establecer una combinación lineal discriminante de los valores fenotípicos de los caracteres considerados importantes, desde el punto de vista agronómico o económico, que sea un indicador del valor genético de un individuo o una línea.

Smith (1936) y Hazel (1943) propusieron un índice de selección dado por una combinación lineal de los valores fenotípicos de caracteres objeto, por ejemplo, de aquellos que definen los componentes de rendimiento o calidad de la cosecha, a los cuales se les asigna un coeficiente de ponderación. Esta combinación tiene el propósito de maximizar la correlación entre el valor genotípico y el índice de selección, de manera que  $\varphi$  es el valor esperado de  $Y$  debido al genotipo, entonces el valor genotípico de una línea o genotipo se puede señalar como:

$$\varphi = a_1g_1 + a_2g_2 + \dots + a_ng_n = \sum_{i=1}^n a_i g_i = \mathbf{a}^T \mathbf{g}$$

Donde:  $\mathbf{a}$  = vector de pesos económicos o de ponderación de cada una de las variables establecidas con anterioridad,  $\mathbf{a}^T$  = transpuesta del vector  $\mathbf{a}$ ,  $\mathbf{g}$  = matriz  $n \times p$  ( $p$  = número de genotipos evaluados) de los valores genéticos desconocidos de los  $n$  caracteres.

Los valores genotípicos no pueden evaluarse directamente ya que solo se pueden observar los fenotipos de los individuos evaluados que, debido a variaciones no hereditarias, no representan con precisión sus genotipos. Luego, los fenotipos se pueden calificar de acuerdo con la ecuación:

$$IS = b_1Y_1 + b_2Y_2 + \dots + b_nY_n = \sum_{i=1}^n b_i Y_i = \mathbf{b}^T \mathbf{Y}$$

Donde:  $IS$  = índice de selección,  $\mathbf{b}$  = vector de pesos de ponderación de cada una de las variables establecidas en el  $IS$ ,  $\mathbf{b}^T$  = transpuesta del vector  $\mathbf{b}$ ,  $\mathbf{Y}$  = matriz  $n \times p$  ( $p$  = número de genotipos evaluados) de los valores fenotípicos de los  $n$  caracteres.

El vector  $\mathbf{b}$  que define los coeficientes de ponderación que maximizan la correlación entre el IS y  $\varphi$ , se obtiene mediante la ecuación:

$$\mathbf{b} = \mathbf{F}^{-1}\mathbf{Ga}$$

Donde:  $\mathbf{b}$  = estimador del vector  $n \times 1$  de los coeficientes de ponderación del IS,  $\mathbf{F}^{-1}$  = inversa de la matriz  $n \times n$  de varianzas y covarianzas fenotípicas de los caracteres involucrados en el IS,  $\mathbf{G}$  = matriz de dimensión  $n \times n$  de varianzas y covarianzas genéticas entre los caracteres del IS.

Para generar las matrices  $\mathbf{F}^{-1}$  y  $\mathbf{G}$  se recurre a las esperanzas de los cuadrados medios (ECM) del ANDEVA planteada en la Tabla 2.11 del capítulo 2. Para obtener las matrices de varianzas y covarianzas tanto fenotípicas como genotípicas, se procede conforme a lo descrito en el acápite 3.5.5 del capítulo 3. Para el caso del dialélicodialélico de las 9 LDH de uchuva, las matrices de varianzas y covarianzas fenotípica ( $\mathbf{F}$ ) y genotípica ( $\mathbf{G}$ ), se describen a continuación. La matriz  $\mathbf{G}$  se construye con los valores de varianzas y covarianzas de tipo aditiva. Tanto  $\mathbf{F}$  como  $\mathbf{G}$ , tienen la siguiente estructura:

|                 |                |                |                 |                |                 |
|-----------------|----------------|----------------|-----------------|----------------|-----------------|
| $V_{PCC}$       | $Cov_{PCC-DE}$ | $Cov_{PCC-EP}$ | $Cov_{PCC-SST}$ | $Cov_{PCC-AA}$ | $Cov_{PCC-RTO}$ |
| $Cov_{DE-PCC}$  | $V_{DE}$       | $Cov_{DE-EP}$  | $Cov_{DE-SST}$  | $Cov_{DE-AA}$  | $Cov_{DE-RTO}$  |
| $Cov_{EP-PCC}$  | $Cov_{EP-DE}$  | $V_{EP}$       | $Cov_{EP-SST}$  | $Cov_{EP-AA}$  | $Cov_{EP-RTO}$  |
| $Cov_{SST-PCC}$ | $Cov_{SST-DE}$ | $Cov_{SST-EP}$ | $V_{SST}$       | $Cov_{SST-AA}$ | $Cov_{SST-RTO}$ |
| $Cov_{AA-PCC}$  | $Cov_{AA-DE}$  | $Cov_{AA-EP}$  | $Cov_{AA-SST}$  | $V_{AA}$       | $Cov_{AA-RTO}$  |
| $Cov_{RTO-PCC}$ | $Cov_{RTO-DE}$ | $Cov_{RTO-EP}$ | $Cov_{RTO-SST}$ | $Cov_{RTO-AA}$ | $V_{RTO}$       |

Entonces:

$$\mathbf{F} = \begin{bmatrix} \sigma_{F_{11}}^2 & Cov_{F_{12}} & Cov_{F_{13}} \\ Cov_{F_{21}} & \sigma_{F_{22}}^2 & Cov_{F_{23}} \\ Cov_{F_{31}} & Cov_{F_{32}} & \sigma_{F_{33}}^2 \end{bmatrix}$$

$$\mathbf{F} = \begin{bmatrix} 0,11 & 0,14 & 0,12 & 0,002 & 0,08 & -0,08 \\ 0,14 & 0,19 & 0,14 & 0,001 & 0,09 & -0,14 \\ 0,12 & 0,14 & 0,21 & 0,02 & -0,06 & -1,09 \\ 0,002 & 0,001 & 0,02 & 0,07 & -0,10 & 0,05 \\ 0,08 & 0,09 & -0,06 & -0,10 & 2,07 & -1,15 \\ -0,08 & -0,14 & -1,09 & 0,05 & -1,15 & 2,09 \end{bmatrix}$$

$$G = \begin{bmatrix} \sigma_{G_{11}}^2 & Cov_{G_{12}} & Cov_{G_{13}} \\ Cov_{G_{21}} & \sigma_{G_{22}}^2 & Cov_{G_{23}} \\ Cov_{G_{31}} & Cov_{G_{32}} & \sigma_{G_{33}}^2 \end{bmatrix}$$

$$G = \begin{bmatrix} 0,04 & 0,05 & 0,05 & -0,01 & 0,05 & -0,005 \\ 0,05 & 0,07 & 0,04 & -0,02 & 0,08 & 0,04 \\ 0,05 & 0,04 & 0,07 & 0,01 & -0,04 & 0,13 \\ -0,01 & -0,02 & 0,01 & 0,03 & -0,04 & 0,06 \\ 0,05 & 0,08 & -0,04 & -0,04 & 0,71 & -1,07 \\ -0,005 & 0,04 & 0,13 & 0,06 & -1,07 & 0,78 \end{bmatrix}$$

El **IS** se establecerá con dos tipos de pesos ( $P_i$ ), así:

| Variable   | PCC   | DE    | EP   | SST  | AA   | RTO  |
|------------|-------|-------|------|------|------|------|
| $P_1(a_1)$ | 1     | 1     | 1    | 1    | 1    | 1    |
| $P_2(a_2)$ | 0,025 | 0,025 | 0,15 | 0,15 | 0,15 | 0,50 |

Los coeficientes  $b_i$  que hacen parte del IS se calculan de la siguiente manera:

Se obtiene la matriz **A** ( $A = F^{-1}G$ ):

$$F^{-1} = \begin{bmatrix} 0,11 & 0,14 & 0,12 & 0,002 & 0,08 & -0,08 \\ 0,14 & 0,19 & 0,14 & 0,001 & 0,09 & -0,14 \\ 0,12 & 0,14 & 0,21 & 0,02 & -0,06 & -1,09 \\ 0,002 & 0,001 & 0,02 & 0,07 & -0,10 & 0,05 \\ 0,08 & 0,09 & -0,06 & -0,10 & 2,07 & -1,15 \\ -0,08 & -0,14 & -1,09 & 0,05 & -1,15 & 2,09 \end{bmatrix}^{-1}$$

$$G = \begin{bmatrix} 0,04 & 0,05 & 0,05 & -0,01 & 0,05 & -0,01 \\ 0,05 & 0,07 & 0,04 & -0,02 & 0,08 & 0,04 \\ 0,05 & 0,04 & 0,07 & 0,01 & -0,04 & 0,13 \\ -0,01 & -0,02 & 0,01 & 0,03 & -0,04 & 0,06 \\ 0,05 & 0,08 & -0,04 & -0,04 & 0,71 & -1,07 \\ -0,01 & 0,04 & 0,13 & 0,06 & -1,07 & 0,78 \end{bmatrix}$$

$$A = \begin{bmatrix} 0,30 & 0,20 & 1,71 & 0,49 & -2,09 & 2,37 \\ 0,11 & 0,25 & -0,93 & -0,44 & 1,28 & -1,53 \\ -0,05 & -0,02 & -0,09 & -0,02 & 0,65 & -0,18 \\ -0,07 & -0,24 & 0,04 & 0,49 & -0,24 & 0,06 \\ -0,01 & 0,01 & -0,05 & 0,002 & 0,41 & -0,57 \\ -0,01 & 0,01 & -0,01 & -0,002 & 0,06 & -0,05 \end{bmatrix}$$

- Luego se obtienen los  $b_i$ , mediante la ecuación:  $b = F^{-1}Ga_1^T = Aa_1^T$

$$b = \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \\ b_3 \\ b_4 \\ b_5 \\ b_6 \end{bmatrix} = Aa_1^T = \begin{bmatrix} 0,30 & 0,20 & 1,71 & 0,49 & -2,09 & 2,37 \\ 0,11 & 0,25 & -0,93 & -0,44 & 1,28 & -1,53 \\ -0,05 & -0,02 & -0,09 & -0,02 & 0,65 & -0,18 \\ -0,07 & -0,24 & 0,04 & 0,49 & -0,24 & 0,06 \\ -0,01 & 0,01 & -0,05 & 0,002 & 0,41 & -0,57 \\ -0,01 & 0,01 & -0,01 & -0,002 & 0,06 & -0,05 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 1 \\ 1 \\ 1 \\ 1 \\ 1 \\ 1 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 2,98 \\ 1,26 \\ 0,29 \\ 0,12 \\ -0,20 \\ -0,0004 \end{bmatrix}$$

Entonces, con los pesos  $P_1$ , donde se le da igual importancia a cada una de las variables y el  $IS_1$  es igual a:

$$IS_1 = (2,98Z_1) + (1,26Z_2) + (0,29Z_3) + (0,12Z_4) + (-0,20Z_5) + (-0,0004Z_6)$$

Ahora, con los  $P_2$  propuestos acorde con la importancia y prioridad de las variables, los  $b_i$  serán:  $b = F^{-1}Ga_2^T = Aa_2^T$

$$b = \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \\ b_3 \\ b_4 \\ b_5 \\ b_6 \end{bmatrix} = Aa_2^T = \begin{bmatrix} 0,30 & 0,20 & 1,71 & 0,49 & -2,09 & 2,37 \\ 0,11 & 0,25 & -0,93 & -0,44 & 1,28 & -1,53 \\ -0,05 & -0,02 & -0,09 & -0,02 & 0,65 & -0,18 \\ -0,07 & -0,24 & 0,04 & 0,49 & -0,24 & 0,06 \\ -0,01 & 0,01 & -0,05 & 0,002 & 0,41 & -0,57 \\ -0,01 & 0,01 & -0,01 & -0,002 & 0,06 & -0,05 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 0,025 \\ 0,025 \\ 0,15 \\ 0,15 \\ 0,15 \\ 0,50 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1,21 \\ -0,77 \\ -0,01 \\ 0,10 \\ -0,23 \\ -0,02 \end{bmatrix}$$

El  $IS_2$  se construye así:

$$IS_2 = (1,21Z_1) + (-0,77Z_2) + (-0,01Z_3) + (0,10Z_4) + (-0,23Z_5) + (-0,02Z_6)$$

Donde los  $Z_i$  son las medias estandarizadas de las medias de las características i-esimas de cada uno de los 36 híbridos de *P. peruviana*.

Las Tablas 4.3 y 4.4 presentan las medias de las variables que componen los IS y se resume la información sobre la ganancia genética debido a los genotipos seleccionados mediante los índices IS1 e IS2. Es importante indicar que el incremento genético producido por la fórmula (3) es positivo con el  $IS_1$ , mientras que con el  $IS_2$  es negativo. Además, con el  $IS_1$  se logran identificar genotipos que producen ganancias genéticas en ácido ascórbico y las variables relacionadas con el tamaño de fruto.

## Índice de Selección de Kempthorne & Nordskog (1959)

Kempthorne & Nordskog (1959) plantearon que “las predicciones del aumento en la media de población debido a la selección y al cruzamiento de individuos seleccionados deben ser corregidos aparte de los errores de muestreo y estimación, si se cumplen las siguientes condiciones:

- El valor fenotípico ( $F_i$ ) definido como el valor observado del atributo  $i$  para un individuo deberá estar compuesto de forma aditiva por dos partes: un valor genotípico ( $G_i$ ) definido como el promedio posibles valores fenotípicos sobre una población de ambientes, y una contribución ambiental ( $A_i$ ), es decir,  $F_i =$



$G_i + A_i$ . Es posible permitir interacciones de genotipo y ambiente, siempre que los genotipos y ambientes estén asociados completamente al azar y cualquier interacción de este tipo luego se incorpore en  $A$ .

- El valor genotípico  $G_i$  enteramente está compuesto por efectos aditivos de genes y es llamado valor genético.
- Con caracteres denotados por  $i = 1, 2, \dots, n$ , el valor económico genotípico de un individuo es  $H = a_i G_i$ , donde las  $a_i$  son constantes económicas conocidas, y  $G_i$ , con  $i = 1, 2, \dots, n$ , son los valores genotípicos del individuo para los atributos  $n$ .
- Las cantidades  $F_i$  y  $H$  son tales que la regresión de  $H$  sobre cualquier función lineal de  $F_i$ , es lineal”.

**Tabla 4.3**

*Promedio de las Variables que Componen el  $IS_1$  de la Fracción Seleccionada (20%) de 36 Híbridos de Physalis peruviana, Evaluados en Cuatro Localidades de la Región Natural Andina del Departamento de Nariño.*

|                 |              |               |               |            |               |               |                          |
|-----------------|--------------|---------------|---------------|------------|---------------|---------------|--------------------------|
| $b_i$           | 2,977        | -1,263        | 0,287         | 0,117      | -0,201        | -0,0004       |                          |
| <b>Híbrido</b>  | <b>PCC</b>   | <b>DE</b>     | <b>EP</b>     | <b>SST</b> | <b>AA</b>     | <b>RTO</b>    | <b><math>IS_1</math></b> |
| <b>35</b>       | <b>7,55*</b> | <b>22,37*</b> | <b>21,47*</b> | 14,71      | 39,87         | 14,36         | 6,15                     |
| <b>6</b>        | <b>7,03*</b> | 21,51         | <b>20,71*</b> | 14,78      | 39,61         | <b>18,37*</b> | 3,59                     |
| <b>36</b>       | <b>7,18*</b> | <b>21,95*</b> | <b>20,82*</b> | 14,93      | 40,77         | 13,66         | 3,56                     |
| <b>31</b>       | <b>6,94*</b> | 21,51         | <b>20,81*</b> | 14,34      | 37,73         | 17,47         | 2,93                     |
| <b>34</b>       | 6,87         | 21,54         | <b>20,97*</b> | 14,87      | 40,64         | 17,25         | 2,13                     |
| <b>17</b>       | <b>7,01*</b> | <b>21,92*</b> | <b>20,69*</b> | 14,76      | 40,01         | 17,05         | 2,08                     |
| <b>5</b>        | 6,91         | 21,67         | <b>20,90*</b> | 14,57      | <b>41,35*</b> | <b>19,35*</b> | 1,77                     |
| $\bar{Y}_S$     | 7,07         | 21,78         | 20,91         | 14,71      | 40,00         | 16,79         |                          |
| $\mu$           | 6,60         | 21,30         | 20,24         | 14,78      | 39,69         | 16,76         |                          |
| $\sigma$        | 0,33         | 0,41          | 0,44          | 0,25       | 1,38          | 1,39          |                          |
| DS              | 0,47         | 0,48          | 0,67          | -0,08      | 0,31          | 0,03          |                          |
| $\Delta G_1$    | 0,06         | 0,08          | 0,08          | 0,06       | 0,25          | 0,27          |                          |
| $\% \Delta G_1$ | 0,94         | 0,38          | 0,41          | 0,43       | 0,62          | 1,61          |                          |
| $\Delta G_2$    | 0,12         | 0,13          | 0,17          | -0,03      | 0,07          | 0,01          |                          |
| $\% \Delta G_2$ | 1,83         | 0,59          | 0,82          | -0,17      | 0,18          | 0,05          |                          |

*Nota.* \*= medias que presentaron diferencias significativas con las demás a un  $\alpha = 0,05$ ,  $\bar{Y}_S$  = media de los siete híbridos seleccionados,  $\mu$  = media general de los 36 híbridos,  $\sigma$  = desviación estándar, DS = diferencial de selección,  $\Delta G$  = incremento genético,  $\% \Delta G$  = porcentaje del incremento genético, PCC= Peso en gramos de fruto fresco con cáliz, DE= diámetro ecuatorial en mm del fruto, EP= eje polar en mm del fruto, SST= sólidos solubles totales, AA= ácido ascórbico, RTO= rendimiento en t/ha.

**Tabla 4.4**

Promedio de las Variables que Componen el  $IS_2$  de la Fracción Seleccionada (20%) de 36 Híbridos de *Physalis peruviana*, Evaluados en Cuatro Localidades de la Región Natural Andina del Departamento de Nariño.

| $b_i$           | 1,21         | -0,77         | -0,01         | 0,10          | -0,23 | -0,02         |        |
|-----------------|--------------|---------------|---------------|---------------|-------|---------------|--------|
| Híbrido         | PCC          | DE            | EP            | SST           | AA    | RTO           | $IS_2$ |
| <b>35</b>       | <b>7,55*</b> | <b>22,37*</b> | <b>21,47*</b> | 14,71         | 39,87 | 14,36         | 1,48   |
| <b>6</b>        | <b>7,03*</b> | 21,51         | <b>20,71*</b> | 14,78         | 39,61 | <b>18,37*</b> | 1,18   |
| <b>31</b>       | <b>6,94*</b> | 21,51         | <b>20,81*</b> | 14,34         | 37,73 | 17,47         | 1,00   |
| <b>36</b>       | <b>7,18*</b> | <b>21,95*</b> | <b>20,82*</b> | 14,93         | 40,77 | 13,66         | 0,83   |
| <b>1</b>        | 6,81         | 21,40         | 19,95         | 14,87         | 39,58 | 16,84         | 0,65   |
| <b>30</b>       | 6,88         | 21,70         | 20,45         | <b>15,10*</b> | 39,60 | 17,96         | 0,44   |
| <b>34</b>       | 6,87         | 21,54         | <b>20,97*</b> | 14,87         | 40,64 | 17,25         | 0,42   |
| $\bar{Y}_S$     | 7,04         | 21,71         | 20,74         | 14,80         | 39,69 | 16,56         |        |
| $\mu$           | 6,60         | 21,30         | 20,24         | 14,78         | 39,69 | 16,76         |        |
| $\sigma$        | 0,33         | 0,41          | 0,44          | 0,25          | 1,38  | 1,39          |        |
| DS              | 0,44         | 0,41          | 0,50          | 0,02          | 0,00  | -0,20         |        |
| $\Delta G_1$    | 0,06         | 0,08          | 0,08          | 0,06          | 0,25  | 0,27          |        |
| $\% \Delta G_1$ | 0,94         | 0,38          | 0,41          | 0,43          | 0,62  | 1,61          |        |
| $\Delta G_2$    | 0,11         | 0,11          | 0,12          | 0,01          | 0,00  | -0,05         |        |
| $\% \Delta G_2$ | 1,70         | 0,51          | 0,61          | 0,04          | 0,00  | -0,30         |        |

Nota. \*= medias que presentaron diferencias significativas con las demás a un  $\alpha = 0,05$ ,  $\bar{Y}_S$  = media de los siete híbridos seleccionados,  $\mu$  = media general de los 36 híbridos,  $\sigma$  = desviación estándar, DS = diferencial de selección,  $\Delta G$  = incremento genético,  $\% \Delta G$  = porcentaje del incremento genético, PCC = Peso en gramos de fruto fresco con cáliz, DE = diámetro ecuatorial en mm del fruto, EP = eje polar en mm del fruto, SST = sólidos solubles totales, AA = ácido ascórbico, RTO = rendimiento en t/ha.

La segunda condición antes mencionada, relacionada con  $G_i$ , rara vez se cumplirá. Para el desarrollo de un índice se asume que  $G_i$  representa el valor como progenitor, que es la predicción por mínimos cuadrados de  $G_i$  sobre la base de un modelo que contiene sólo efectos aditivos de los genes, y que las desviaciones de  $G_i$  reales de los valores predichos se comportan completamente como variables aleatorias. Con esta suposición, la descendencia de un cruzamiento tendrá un valor genotípico igual a la media de los valores como progenitores (breeding value) de los padres.

La notación  $G_i$  se utiliza para representar tanto el valor genotípico como el valor como progenitor, pero su uso es basado en una estimación. En estas circunstancias, si la selección se basa en una función lineal  $I = \sum_i^n b_i F_i$ , la ganancia en  $H$  es igual a  $\beta_{HI} \Delta_i$ , donde  $\Delta_i$  es la diferencia en las medias  $I$ , resultante de la selección, es decir, la diferencia entre la media de  $I$  después de

la selección y la media antes de la selección, lo cual es el diferencial de selección”.

De acuerdo con Kempthorne & Nordskog (1959), la elección del **IS** se reduce entonces a encontrar la función lineal  $I = \sum_{i=1}^n b_i F_i$  que mejor se correlaciona con el índice **H**. Las ecuaciones que determinan los **b<sub>i</sub>** son **Fb = Ga**, donde **F** es la matriz de varianzas y covarianzas fenotípicas, siendo el ij-ésimo elemento **F<sub>ij</sub>**, la covarianza de **F<sub>i</sub>** y **F<sub>j</sub>**, y **G** es la matriz de varianzas y covarianzas genotípica.

Con base en los supuestos planteados, con el índice  $\sum_{i=1}^n b_i F_i$  se maximiza la ganancia en el valor económico genotípico **H** cuando se ignoran los errores de estimación. Mientras que el uso de **I** dará como resultado el mejor progreso en **H**, las medias de **G<sub>i</sub>** cambiarán en dirección positiva o negativa, de modo que un fitomejorador puede estar interesado en aumentar **H** tanto como es posible con una restricción, es que algunos **G<sub>i</sub>** o algunas funciones lineales de los **G<sub>i</sub>** no cambien. En el caso de *P. peruviana*, se considera que se deben mantener en un nivel constante el PCC y DE del fruto, mientras se utiliza un índice para maximizar el progreso del valor económico genético basado en las variables EP, SST, AA y RTO. Esta situación es la que proponen Kempthorne & Nordskog (1959).

Entonces, el índice establecido para las seis características de *P. peruviana* está dado por:

$$I = b_1 PCC + b_2 DE + b_3 EP + b_4 SST + b_5 AA + b_6 RTO$$

$$H = a_1 g_1 + a_2 g_2 + a_3 g_3 + a_4 g_5 + a_5 g_5 + a_6 g_1$$

En este caso, se podría establecer una restricción, la cual considera que la ganancia de las características PCC y DE sea nula. Luego la covarianza **Cov (I, g<sub>i</sub>) = 0**. Es decir, que la covarianza de los valores genéticos de PCC y DE con valores de índice nulo permite que la selección con base en estos valores no altere las medias de PCC y DE, así que:

$$Cov(I, g_1) = b_1 \hat{\sigma}_{g_1}^2 + b_2 \sigma_{12} + \dots + b_1 \sigma_{16} = 0$$

$$Cov(I, g_2) = b_1 \sigma_{21} + b_2 \hat{\sigma}_{g_2}^2 + \dots + b_2 \sigma_{26} = 0$$

En forma matricial es:

$$\text{Cov}(\mathbf{I}, \mathbf{g}_i) = \mathbf{b}^T \mathbf{G}_i = [b_1 \quad b_2 \quad b_3 \quad b_4 \quad b_5 \quad b_6] \begin{bmatrix} \hat{\sigma}_{g_1}^2 & \sigma_{21} \\ \sigma_{12} & \hat{\sigma}_{g_2}^2 \\ \sigma_{13} & \sigma_{23} \\ \sigma_{14} & \sigma_{24} \\ \sigma_{15} & \sigma_{25} \\ \sigma_{16} & \sigma_{26} \end{bmatrix} = 0, \quad \text{con } i = \text{PCC, DE}$$

Dado que  $\mathbf{G}_1$  y  $\mathbf{G}_2$  son vectores columna que hacen parte de la matriz  $\mathbf{G}$ , que integra la varianza genética de las variables PCC y DE y sus covarianzas con las demás variables, se tiene:

$$\mathbf{b}^T \mathbf{G} \mathbf{W} = [b_1 \quad b_2 \quad b_3 \quad b_4 \quad b_5 \quad b_6] \begin{bmatrix} \hat{\sigma}_{g_1}^2 & \sigma_{12} & \sigma_{13} & \sigma_{14} & \sigma_{15} & \sigma_{16} \\ \sigma_{21} & \hat{\sigma}_{g_2}^2 & \sigma_{23} & \sigma_{24} & \sigma_{25} & \sigma_{26} \\ \sigma_{31} & \sigma_{32} & \hat{\sigma}_{g_3}^2 & \sigma_{34} & \sigma_{35} & \sigma_{36} \\ \sigma_{41} & \sigma_{42} & \sigma_{43} & \hat{\sigma}_{g_4}^2 & \sigma_{45} & \sigma_{46} \\ \sigma_{51} & \sigma_{52} & \sigma_{53} & \sigma_{54} & \hat{\sigma}_{g_5}^2 & \sigma_{56} \\ \sigma_{61} & \sigma_{62} & \sigma_{63} & \sigma_{64} & \sigma_{65} & \hat{\sigma}_{g_6}^2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \\ 0 & 0 \\ 0 & 0 \\ 0 & 0 \\ 0 & 0 \end{bmatrix} = [0 \quad 0]$$

De lo anterior se deduce que  $\mathbf{b}^T \mathbf{G} \mathbf{W} = \mathbf{0}$ ; donde  $\mathbf{W}$  es una matriz de ceros y unos de tamaño  $n \times r$ , ( $r$  = restricciones establecidas). Los unos (1's) son usados para las características que permanecen sin cambios o son fijas. Entonces, se puede escribir que  $\mathbf{W}^T = [1 \quad 1 \quad 0 \quad 0 \quad 0 \quad 0]$ . Se tiene que:  $\mathbf{C} = \mathbf{G} \mathbf{W}$ . Conforme se plantea en Cerón-Rojas *et al.* (2008) es posible obtener los coeficientes que maximizan a  $\mathbf{v}^T \mathbf{G} \mathbf{b}$  bajo las restricciones  $\mathbf{b}^T \mathbf{F} \mathbf{b} = 1$  y  $\mathbf{b} \mathbf{C} = \mathbf{0}$ . Donde  $\mathbf{v}$  es el vector de los pesos económicos. Para las variables consideradas en *P. peruviana*, será:

$$\mathbf{v}^T = [0,025 \quad 0,025 \quad 0,15 \quad 0,15 \quad 0,15 \quad 0,5].$$

Los coeficientes de Kempthorne & Nordskog (1959) que maximizan a  $\mathbf{v}^T \mathbf{G} \mathbf{b}$ , están dados por  $\mathbf{b}_{KN} = \mathbf{A} \mathbf{b}_s$ , donde  $\mathbf{A} = [\mathbf{I} - \mathbf{F}^{-1} \mathbf{C} (\mathbf{C}^T \mathbf{F}^{-1} \mathbf{C})^{-1} \mathbf{C}^T]$ .  $\mathbf{F}^{-1}$  es la inversa de la matriz de varianzas y covarianzas fenotípicas ( $\mathbf{F}$ ), y  $\mathbf{b}_s = \mathbf{F}^{-1} \mathbf{G} \mathbf{v}$ . El subíndice KN en  $\mathbf{b}_{KN}$  significa Kempthorne y Nordskog.

Así, bajo el índice de selección KN ( $IS_{KN}$ ), la función que maximiza la respuesta a la selección es  $IS_{KN} = \mathbf{b}_{KN}^T \mathbf{F}$  y la respuesta maximizada a la selección es  $R_{KN} = k \sqrt{\mathbf{b}_{KN}^T \mathbf{F} \mathbf{b}_{KN}}$ . Los estimadores del vector de coeficientes y la respuesta a la selección del KN son  $\hat{\mathbf{b}}_{KN} = \hat{\mathbf{b}}_s -$

$[\hat{F}^{-1}\hat{C}(\hat{C}^T\hat{F}^{-1}\hat{C})^{-1}\hat{C}^T]\hat{b}_s$  y  $\hat{R}_{KN} = k\sqrt{\hat{b}_{KN}^T\hat{F}\hat{b}_{KN}}$ , donde  $\hat{b}_s = \hat{F}^{-1}Gv$ , donde  $\hat{F}^{-1}$  es el estimador de  $F^{-1}$  y  $F$  es el estimador de  $F$ . Kempthorne & Nordskog (1959) indican que los coeficientes  $b_i$  que hacen parte del  $IS_{KN}$ , se calculan de la siguiente forma:

$$\hat{b} = [I - F^{-1}GC(C^TGF^{-1}GC)^{-1}C^TG]F^{-1}Gv$$

Ahora, se determinan los  $b_i$  y se define el  $IS_{KN}$  para el caso de *Physalis peruviana*. Se tienen las matrices de varianzas y covarianzas  $F$  y  $G$ , los vectores  $v$  y  $w$ , que se describen a continuación:

$$F = \begin{bmatrix} 0,11 & 0,14 & 0,12 & 0,002 & 0,08 & -0,08 \\ 0,14 & 0,19 & 0,14 & 0,001 & 0,09 & -0,14 \\ 0,12 & 0,14 & 0,21 & 0,02 & -0,06 & -1,09 \\ 0,002 & 0,001 & 0,02 & 0,07 & -0,10 & 0,05 \\ 0,08 & 0,09 & -0,06 & -0,10 & 2,07 & -1,15 \\ -0,08 & -0,14 & -1,09 & 0,05 & -1,15 & 2,09 \end{bmatrix}$$

$$G = \begin{bmatrix} 0,04 & 0,05 & 0,05 & -0,01 & 0,05 & -0,005 \\ 0,05 & 0,07 & 0,04 & -0,02 & 0,08 & 0,04 \\ 0,05 & 0,04 & 0,07 & 0,01 & -0,04 & 0,13 \\ -0,01 & -0,02 & 0,01 & 0,03 & -0,04 & 0,06 \\ 0,05 & 0,08 & -0,04 & -0,04 & 0,71 & -1,07 \\ -0,005 & 0,04 & 0,13 & 0,06 & -1,07 & 0,78 \end{bmatrix}; \quad v = \begin{bmatrix} 0,025 \\ 0,025 \\ 0,15 \\ 0,15 \\ 0,15 \\ 0,5 \end{bmatrix}; \quad w = \begin{bmatrix} 1 \\ 1 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}$$

El vector  $v$  corresponde a los pesos económicos, los cuales se han definido de acuerdo con la importancia que tiene cada variable en el contexto de los componentes de rendimiento y de calidad de fruta en *P. peruviana*. El vector  $w$  señala con uno aquellas variables que se quieren mantener sin cambio y con ceros las variables para las cuales se quiere maximizar el IS.

Ahora se describen las operaciones necesarias para obtener los  $b_i$ :

Cálculo de  $Gv$ :

$$Gv = \begin{bmatrix} 0,04 & 0,05 & 0,05 & -0,01 & 0,05 & -0,005 \\ 0,05 & 0,07 & 0,04 & -0,02 & 0,08 & 0,04 \\ 0,05 & 0,04 & 0,07 & 0,01 & -0,04 & 0,13 \\ -0,01 & -0,02 & 0,01 & 0,03 & -0,04 & 0,06 \\ 0,05 & 0,08 & -0,04 & -0,04 & 0,71 & -1,07 \\ -0,005 & 0,04 & 0,13 & 0,06 & -1,07 & 0,78 \end{bmatrix} \times \begin{bmatrix} 0,025 \\ 0,025 \\ 0,15 \\ 0,15 \\ 0,15 \\ 0,5 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0,014 \\ -0,001 \\ 0,072 \\ 0,029 \\ -0,438 \\ 0,256 \end{bmatrix}$$

Se aplican las siguientes ecuaciones:

$$- \quad b_s = F^{-1}Gv$$

$$b_s = \begin{bmatrix} 0,11 & 0,14 & 0,12 & 0,002 & 0,08 & -0,08 \\ 0,14 & 0,19 & 0,14 & 0,001 & 0,09 & -0,14 \\ 0,12 & 0,14 & 0,21 & 0,02 & -0,06 & -1,09 \\ 0,002 & 0,001 & 0,02 & 0,07 & -0,10 & 0,05 \\ 0,08 & 0,09 & -0,06 & -0,10 & 2,07 & -1,15 \\ -0,08 & -0,14 & -1,09 & 0,05 & -1,15 & 2,09 \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} 0,014 \\ -0,001 \\ 0,072 \\ 0,029 \\ -0,438 \\ 0,256 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1,21 \\ -0,77 \\ -0,01 \\ 0,10 \\ -0,23 \\ -0,02 \end{bmatrix}$$

$$- \quad C^T = W^T G$$

$$C^T = \begin{bmatrix} 1 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 0,04 & 0,05 & 0,05 & -0,01 & 0,05 & -0,005 \\ 0,05 & 0,07 & 0,04 & -0,02 & 0,08 & 0,04 \\ 0,05 & 0,04 & 0,07 & 0,01 & -0,04 & 0,13 \\ -0,01 & -0,02 & 0,01 & 0,03 & -0,04 & 0,06 \\ 0,05 & 0,08 & -0,04 & -0,04 & 0,71 & -1,07 \\ -0,005 & 0,04 & 0,13 & 0,06 & -1,07 & 0,78 \end{bmatrix}$$

$$C^T = [0,095 \quad 0,123 \quad 0,096 \quad -0,023 \quad 0,128 \quad -0,044]$$

$$F^{-1}C = \begin{bmatrix} 0,11 & 0,14 & 0,12 & 0,002 & 0,08 & -0,08 \\ 0,14 & 0,19 & 0,14 & 0,001 & 0,09 & -0,14 \\ 0,12 & 0,14 & 0,21 & 0,02 & -0,06 & -1,09 \\ 0,002 & 0,001 & 0,02 & 0,07 & -0,10 & 0,05 \\ 0,08 & 0,09 & -0,06 & -0,10 & 2,07 & -1,15 \\ -0,08 & -0,14 & -1,09 & 0,05 & -1,15 & 2,09 \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} 0,095 \\ 0,123 \\ 0,096 \\ -0,023 \\ 0,128 \\ -0,044 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0,49 \\ 0,36 \\ -0,08 \\ -0,31 \\ 0,01 \\ -0,01 \end{bmatrix}$$

$$- \quad C^T F^{-1} =$$

$$[0,095 \quad 0,123 \quad 0,096 \quad -0,023 \quad 0,128 \quad -0,044] \begin{bmatrix} 0,11 & 0,14 & 0,12 & 0,002 & 0,08 & -0,08 \\ 0,14 & 0,19 & 0,14 & 0,001 & 0,09 & -0,14 \\ 0,12 & 0,14 & 0,21 & 0,02 & -0,06 & -1,09 \\ 0,002 & 0,001 & 0,02 & 0,07 & -0,10 & 0,05 \\ 0,08 & 0,09 & -0,06 & -0,10 & 2,07 & -1,15 \\ -0,08 & -0,14 & -1,09 & 0,05 & -1,15 & 2,09 \end{bmatrix}^{-1}$$

$$C^T F^{-1} = [0,49 \quad 0,36 \quad -0,08 \quad -0,31 \quad 0,01 \quad -0,01]$$

$$C^T F^{-1} C = [0,49 \quad 0,36 \quad -0,08 \quad -0,31 \quad 0,01 \quad -0,01] \begin{bmatrix} 0,095 \\ 0,123 \\ 0,096 \\ -0,023 \\ 0,128 \\ -0,044 \end{bmatrix} = 0,092$$

$$(C^T F^{-1} C)^{-1} = 10,90$$

$$(C^T F^{-1} C)^{-1} C^T = [10,90][0,095 \quad 0,123 \quad 0,096 \quad -0,023 \quad 0,128 \quad -0,044]$$

$$(\mathbf{C}^T \mathbf{F}^{-1} \mathbf{C})^{-1} \mathbf{C}^T = [1,04 \quad 1,34 \quad 1,05 \quad -0,25 \quad 1,39 \quad -0,48]$$

$$\mathbf{F}^{-1} \mathbf{C} (\mathbf{C}^T \mathbf{F}^{-1} \mathbf{C})^{-1} \mathbf{C}^T = \begin{bmatrix} 0,49 \\ 0,36 \\ -0,08 \\ -0,31 \\ 0,01 \\ -0,01 \end{bmatrix} [1,04 \quad 1,34 \quad 1,05 \quad -0,25 \quad 1,39 \quad -0,48]$$

$$\mathbf{F}^{-1} \mathbf{C} (\mathbf{C}^T \mathbf{F}^{-1} \mathbf{C})^{-1} \mathbf{C}^T = \begin{bmatrix} 0,511 & 0,662 & 0,518 & -0,122 & 0,686 & -0,238 \\ 0,371 & 0,481 & 0,376 & -0,089 & 0,498 & -0,173 \\ -0,079 & -0,102 & -0,08 & 0,019 & -0,105 & 0,037 \\ -0,324 & -0,419 & -0,328 & 0,077 & -0,434 & 0,151 \\ 0,005 & 0,007 & 0,006 & -0,001 & 0,007 & -0,003 \\ -0,006 & -0,008 & -0,006 & 0,001 & -0,008 & 0,003 \end{bmatrix}$$

$$- \mathbf{F}^{-1} \mathbf{C} (\mathbf{C}^T \mathbf{F}^{-1} \mathbf{C})^{-1} \mathbf{C}^T \mathbf{b}_s$$

$$\begin{bmatrix} 0,511 & 0,662 & 0,518 & -0,122 & 0,686 & -0,238 \\ 0,371 & 0,481 & 0,376 & -0,089 & 0,498 & -0,173 \\ -0,079 & -0,102 & -0,08 & 0,019 & -0,105 & 0,037 \\ -0,324 & -0,419 & -0,328 & 0,077 & -0,434 & 0,151 \\ 0,005 & 0,007 & 0,006 & -0,001 & 0,007 & -0,003 \\ -0,006 & -0,008 & -0,006 & 0,001 & -0,008 & 0,003 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 1,21 \\ -0,77 \\ -0,01 \\ 0,10 \\ -0,23 \\ -0,02 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} -0,063 \\ -0,046 \\ 0,01 \\ 0,04 \\ -0,0007 \\ 0,0007 \end{bmatrix}$$

$$- \hat{\mathbf{b}}_{KN} = \hat{\mathbf{b}}_s - [\hat{\mathbf{F}}^{-1} \hat{\mathbf{C}} (\hat{\mathbf{C}}^T \hat{\mathbf{F}}^{-1} \hat{\mathbf{C}})^{-1} \hat{\mathbf{C}}^T] \hat{\mathbf{b}}_s$$

$$\hat{\mathbf{b}}_{KN} = \begin{bmatrix} 1,21 \\ -0,77 \\ -0,01 \\ 0,10 \\ -0,23 \\ -0,02 \end{bmatrix} - \begin{bmatrix} -0,063 \\ -0,046 \\ 0,01 \\ 0,04 \\ -0,0007 \\ 0,0007 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1,28 \\ -0,73 \\ -0,02 \\ 0,06 \\ -0,23 \\ -0,02 \end{bmatrix}$$

- Ahora se normalizan los  $\hat{\mathbf{b}}_{KN}$ , así:

$$\hat{\mathbf{b}}_{KN} \mathbf{n} = \frac{\hat{\mathbf{b}}_{KN}}{\sqrt{\sum \hat{b}_{KN}^2}} = \begin{bmatrix} 0,86 \\ -0,49 \\ -0,01 \\ 0,04 \\ -0,15 \\ -0,01 \end{bmatrix}$$

El  $\mathbf{IS}_{KN}$  corresponde a:

$$\mathbf{IS}_{KN} = (0,86Z_1) + (-0,49Z_2) + (-0,01Z_3) + (0,04Z_4) + (-0,15Z_5) + (-0,01Z_6)$$

Una vez aplicado el  $\mathbf{IS}_{KN}$  a las medias normalizadas de los 36 híbridos de *P. peruviana*, en la Tabla 4.5 se presentan los genotipos seleccionados con una presión del 20%.

## Índice de selección de Tallis (1962)

El objetivo de Tallis (1962) fue ampliar lo planteado por Kempthorne y Nordskog (1959) con el fin de seleccionar un genotipo óptimo. Él utilizó la siguiente notación:  $F_i$  = fenotipo del i-ésimo carácter,  $G_i$  = genotipo aditivo del i-ésimo carácter,  $e_i$  = genotipo no aditivo más efectos ambientales aditivos al fenotipo,  $a_i$  = peso económico del i-ésimo carácter,  $I = \sum_{i=1}^n b_i F_i = b^T F$  = índice de selección,  $H = \sum_{i=1}^n a_i g_i = a^T g$  = valor genético de un individuo,  $F$  = matriz de varianzas covarianzas fenotípica,  $G$  = matriz de varianzas covarianzas genética,  $G_r$  = matriz r x n obtenida a partir de  $G$  sin incluir la última n-r filas,  $\Delta_I$  = diferencial de selección  $I$ ,  $\sigma_I^2$  = varianza de  $I$ .

El modelo genético usual es  $F_i = \mu_i + g_i + e_i$ , donde  $E(g) = E(e) = E(ge) = 0$ , el cual se considera de ahora en adelante.

**Tabla 4.5**

Genotipos Seleccionados A Través del  $IS_{KN}$  en 36 Híbridos de *Physalis peruviana*, Evaluados en la Región Natural Andina del Departamento de Nariño.

| $bi$            | 1,21         | -0,77         | -0,01         | 0,10          | -0,23 | -0,02         |           |
|-----------------|--------------|---------------|---------------|---------------|-------|---------------|-----------|
| Híbrido         | PCC          | DE            | EP            | SST           | AA    | RTO           | $IS_{KN}$ |
| <b>35</b>       | <b>7,55*</b> | <b>22,37*</b> | <b>21,47*</b> | 14,71         | 39,87 | 14,36         | 1,19      |
| <b>6</b>        | <b>7,03*</b> | 21,51         | <b>20,71*</b> | 14,78         | 39,61 | <b>18,37*</b> | 0,86      |
| <b>31</b>       | <b>6,94*</b> | 21,51         | <b>20,81*</b> | 14,34         | 37,73 | 17,47         | 0,77      |
| <b>36</b>       | <b>7,18*</b> | <b>21,95*</b> | <b>20,82*</b> | 14,93         | 40,77 | 13,66         | 0,66      |
| <b>1</b>        | 6,81         | 21,40         | 19,95         | 14,87         | 39,58 | 16,84         | 0,46      |
| <b>30</b>       | 6,88         | 21,70         | 20,45         | <b>15,10*</b> | 39,60 | 17,96         | 0,32      |
| <b>34</b>       | 6,87         | 21,54         | <b>20,97*</b> | 14,87         | 40,64 | 17,25         | 0,31      |
| $\bar{Y}_S$     | 7,04         | 21,71         | 20,74         | 14,80         | 39,69 | 16,56         |           |
| $\mu$           | 6,60         | 21,30         | 20,24         | 14,78         | 39,69 | 16,76         |           |
| $\sigma$        | 0,33         | 0,41          | 0,44          | 0,25          | 1,38  | 1,39          |           |
| DS              | 0,44         | 0,41          | 0,50          | 0,02          | 0,00  | -0,20         |           |
| $\Delta G_1$    | 0,06         | 0,08          | 0,08          | 0,06          | 0,25  | 0,27          |           |
| $\% \Delta G_1$ | 0,94         | 0,38          | 0,41          | 0,43          | 0,62  | 1,61          |           |
| $\Delta G_2$    | 0,11         | 0,11          | 0,12          | 0,01          | 0,00  | -0,05         |           |
| $\% \Delta G_2$ | 1,70         | 0,51          | 0,61          | 0,04          | 0,00  | -0,30         |           |

Nota. \*= medias que presentaron diferencias significativas con las demás a un  $\alpha = 0,05$ ,  $\bar{Y}_S$  = media de los siete híbridos seleccionados,  $\mu$  = media general de los 36 híbridos,  $\sigma$  = desviación estándar, DS = diferencial de selección,  $\Delta G$  = incremento genético,  $\% \Delta G$  = porcentaje del incremento genético, PCC = Peso en gramos de fruto fresco con cáliz, DE = diámetro ecuatorial en mm del fruto, EP = eje polar en mm del fruto, SST = sólidos solubles totales, AA = ácido ascórbico, RTO = rendimiento en t/ha.



Se tiene  $n$  caracteres,  $F_i$  con  $i = 1, \dots, n$ , los cuales harán parte del índice de selección,  $I = \mathbf{b}^T \mathbf{F}$ . Se requiere  $r$  restricciones de los  $n$  caracteres en una cantidad  $k_j$ ,  $j = 1, \dots, r$ , para llevarlos a sus valores óptimos. Es decir, si  $\mu_i$  es la media poblacional de  $F_i$  antes de la selección, entonces un objetivo del programa de mejoramiento genético puede ser cambiar  $\mu_i$  a  $\mu_i + k_j$ , con  $j = 1, \dots, r$ , y al mismo tiempo que  $\mu_{i+1}, \dots, \mu_n$ , aumente sin límite. Una solución matemática que propuso Tallis (1962) a esta situación problema fue construir un  $IS$  para maximizar la ganancia en  $H = \mathbf{a}^T \mathbf{g}$  sujeto a  $r$  restricciones, y, por lo tanto:

$$Cov(g_i, I) \Delta_I / \sigma_I^2 = \alpha k_j$$

Donde  $\alpha$  es una constante de proporcionalidad, la cual indica que dos tamaños son inversamente proporcionales cuando al multiplicar o dividir uno de ellos por un número, el otro queda dividido o multiplicado por el mismo número. La expresión  $Cov(g_i, I) \Delta_I / \sigma_I^2$  es el coeficiente de regresión de  $g_i$  en función de  $I$ , y por lo tanto las restricciones requieren que, para un dado  $\Delta_I$ , la expectativa de  $g_i$  cambiará en una cantidad proporcional a  $k_j$  como resultado de la selección. La solución a este problema está dado por:  $Q = E[(\mathbf{F}^T \mathbf{b} - \mathbf{g}^T \mathbf{a})^T (\mathbf{F}^T \mathbf{b} - \mathbf{g}^T \mathbf{a})]$ , entonces  $Q$  debe ser minimizada sujeto a  $Cov(g_i, I) = k_j$  con  $j = 1, \dots, r$ . Así, introduciendo los  $r$  multiplicadores de Lagrange  $\lambda_i$ , la expresión requerida para minimizar es:

$$u = Q + 2 \sum_{i=1}^r \lambda_i Cov(g_i, I)$$

$$u = Q + 2 \sum_{i=1}^n \lambda_i (G_{ji}, b_i)$$

$$u = Q + 2 \mathbf{b}^T \mathbf{G}_r^T \boldsymbol{\lambda}$$

El método de los multiplicadores de Lagrange es una estrategia para encontrar los máximos y mínimos locales de una función sujeta a restricciones de igualdad, es decir, sujeta a la condición de que una o más ecuaciones deben ser satisfechas exactamente por los valores elegidos de las variables, en este caso por las  $r$  restricciones.

Derivando  $\mathbf{u}$  con respecto a  $\mathbf{b}_i$ , se tiene el siguiente vector:

$$\frac{1}{2} \frac{\delta_u}{\delta_b} = \mathbf{F}\mathbf{b} - \mathbf{G}\mathbf{a} + \mathbf{G}_r^T \lambda$$

Si se resuelve para  $\mathbf{b}$  con base en la ecuación de condición  $\mathbf{G}_r \mathbf{b} = \mathbf{k}$ , se obtiene:

$$\mathbf{G}_r \mathbf{b} = \mathbf{k} = \mathbf{G}_r \mathbf{F}^{-1} [\mathbf{G}\mathbf{a} - \mathbf{G}_r^T \lambda]$$

Donde:  $\mathbf{G}_r = \mathbf{C}^T \mathbf{G}$ ,  $\mathbf{k}$  = vector de  $r$  restricciones,  $\mathbf{a}$  = vector  $n \times 1$  de pesos económicos previamente establecidos.

Si la ecuación anterior se resuelve para  $\lambda$  y el resultado se sustituye en la ecuación por  $\mathbf{b}$ , la solución matricial final es:

$$\mathbf{b} = [\mathbf{I} - \mathbf{F}^{-1} \mathbf{G}_r^T (\mathbf{G}_r \mathbf{F}^{-1} \mathbf{G}_r^T)^{-1} \mathbf{G}_r] \mathbf{F}^{-1} \mathbf{G}\mathbf{a} + \mathbf{F}^{-1} \mathbf{G}_r^T [\mathbf{G}_r \mathbf{F}^{-1} \mathbf{G}_r^T]^{-1} \mathbf{k}$$

Donde:  $\mathbf{I}$  es la matriz identidad de tamaño  $n \times n$ ,  $\mathbf{G}_r^T = \mathbf{G}\mathbf{C}$

$$\text{Luego: } \mathbf{b} = [\mathbf{I} - \mathbf{F}^{-1} \mathbf{G}\mathbf{C}(\mathbf{C}^T \mathbf{G}\mathbf{F}^{-1} \mathbf{G}\mathbf{C})^{-1} \mathbf{C}^T \mathbf{G}] \mathbf{F}^{-1} \mathbf{G}\mathbf{a} + \mathbf{F}^{-1} \mathbf{G}\mathbf{C}[\mathbf{C}^T \mathbf{G}\mathbf{F}^{-1} \mathbf{G}\mathbf{C}]^{-1} \mathbf{k}$$

Ahora, se utilizará el IS de Tallis (1962) en el caso de *P. peruviana*, con las restricciones que plantean ganancias positivas para las variables EP, SST, AA y RTO. Por lo tanto, las matrices  $\mathbf{F}$ ,  $\mathbf{G}$ ,  $\mathbf{C}$ ,  $\mathbf{k}$  y  $\mathbf{a}$ , se plantean en seguida:

Tanto las matrices de varianzas covarianzas de  $\mathbf{F}$  como de  $\mathbf{G}$  se reordenaron de la siguiente forma:

$$\begin{vmatrix} V_{EP} & COV_{EP-SST} & COV_{EP-AA} & COV_{EP-RTO} & COV_{EP-PCC} & COV_{EP-DE} \\ COV_{SST-EP} & V_{SST} & COV_{SST-AA} & COV_{SST-RTO} & COV_{SST-PCC} & COV_{SST-DE} \\ COV_{AA-EP} & COV_{AA-SST} & V_{AA} & COV_{AA-RTO} & COV_{AA-PCC} & COV_{AA-DE} \\ COV_{RTO-EP} & COV_{RTO-SST} & COV_{RTO-AA} & V_{RTO} & COV_{RTO-PCC} & COV_{RTO-DE} \\ COV_{PCC-EP} & COV_{PCC-SST} & COV_{PCC-AA} & COV_{PCC-RTO} & V_{PCC} & COV_{PCC-DE} \\ COV_{DE-EP} & COV_{DE-SST} & COV_{DE-AA} & COV_{DE-RTO} & COV_{DE-PCC} & V_{DE} \end{vmatrix}$$

Entonces:

$$\mathbf{F} = \begin{bmatrix} 0,21 & 0,02 & -0,06 & -1,09 & 0,12 & 0,14 \\ 0,02 & 0,07 & -0,10 & 0,05 & 0,002 & 0,001 \\ -0,06 & -0,10 & 2,07 & -1,15 & 0,08 & 0,09 \\ -1,09 & 0,05 & -1,15 & 2,09 & -0,08 & -0,14 \\ 0,12 & 0,002 & 0,08 & -0,08 & 0,11 & 0,14 \\ 0,14 & 0,001 & 0,09 & -0,14 & 0,14 & 0,19 \end{bmatrix}$$

$$G = \begin{bmatrix} 0,07 & 0,01 & -0,04 & 0,13 & 0,05 & 0,04 \\ 0,01 & 0,03 & -0,04 & 0,06 & -0,01 & -0,02 \\ -0,04 & -0,04 & 0,71 & -1,07 & 0,05 & 0,08 \\ 0,13 & 0,06 & -1,07 & 0,78 & -0,01 & -0,04 \\ 0,05 & -0,01 & 0,05 & -0,01 & 0,04 & 0,05 \\ 0,04 & -0,02 & 0,08 & -0,04 & 0,05 & 0,07 \end{bmatrix}$$

$$C = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}; \quad k = \begin{bmatrix} 1 \\ 1 \\ 1 \\ 1 \end{bmatrix}; \quad a = \begin{bmatrix} 0,15 \\ 0,15 \\ 0,15 \\ 0,50 \\ 0,025 \\ 0,025 \end{bmatrix}$$

Ahora se hacen las siguientes operaciones:

$$GC = \begin{bmatrix} 0,07 & 0,01 & -0,04 & 0,13 & 0,05 & 0,04 \\ 0,01 & 0,03 & -0,04 & 0,06 & -0,01 & -0,02 \\ -0,04 & 0,04 & 0,71 & -1,07 & 0,05 & 0,08 \\ 0,13 & 0,06 & -1,07 & 0,78 & -0,01 & -0,04 \\ 0,05 & -0,01 & 0,05 & -0,01 & 0,04 & 0,05 \\ 0,04 & -0,02 & 0,08 & -0,04 & 0,05 & 0,07 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}$$

$$GC = \begin{bmatrix} 0,07 & 0,01 & -0,04 & 0,13 \\ 0,01 & 0,03 & -0,04 & 0,06 \\ -0,04 & -0,04 & 0,71 & -1,07 \\ 0,13 & 0,06 & -1,07 & 0,78 \\ 0,05 & -0,01 & 0,05 & -0,01 \\ 0,04 & -0,02 & 0,08 & -0,04 \end{bmatrix}$$

$$F^{-1}GC = \begin{bmatrix} 0,21 & 0,02 & -0,06 & -1,09 & 0,12 & 0,14 \\ 0,02 & 0,07 & -0,10 & 0,05 & 0,002 & 0,001 \\ -0,06 & -0,10 & 2,07 & -1,15 & 0,08 & 0,09 \\ -1,09 & 0,05 & -1,15 & 2,09 & -0,08 & -0,14 \\ 0,12 & 0,002 & 0,08 & -0,08 & 0,11 & 0,14 \\ 0,14 & 0,001 & 0,09 & -0,14 & 0,14 & 0,19 \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} 0,07 & 0,01 & -0,04 & 0,13 \\ 0,01 & 0,03 & -0,04 & 0,06 \\ -0,04 & -0,04 & 0,71 & -1,07 \\ 0,13 & 0,06 & -1,07 & 0,78 \\ 0,05 & -0,01 & 0,05 & -0,01 \\ 0,04 & -0,02 & 0,08 & -0,04 \end{bmatrix}$$

$$F^{-1}GC = \begin{bmatrix} -0,09 & -0,02 & 0,65 & -0,18 \\ 0,04 & 0,49 & -0,24 & 0,13 \\ -0,05 & 0,002 & 0,41 & -0,57 \\ -0,01 & -0,002 & 0,06 & -0,05 \\ 1,72 & 0,49 & -2,09 & 2,42 \\ -0,93 & -0,44 & 1,28 & -1,58 \end{bmatrix}$$

$$C^T G = \begin{bmatrix} 0,07 & 0,01 & -0,04 & 0,13 & 0,05 & 0,04 \\ 0,01 & 0,03 & -0,04 & 0,06 & -0,01 & -0,02 \\ -0,04 & -0,04 & 0,71 & -1,07 & 0,05 & 0,08 \\ 0,13 & 0,06 & -1,07 & 0,78 & -0,01 & -0,04 \end{bmatrix}$$

$$C^T G F^{-1} G C$$

$$= \begin{bmatrix} 0,07 & 0,01 & -0,04 & 0,13 & 0,05 & 0,04 \\ 0,01 & 0,03 & -0,04 & 0,06 & -0,01 & -0,02 \\ -0,04 & -0,04 & 0,71 & -1,07 & 0,05 & 0,08 \\ 0,13 & 0,06 & -1,07 & 0,78 & -0,01 & -0,04 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} -0,09 & -0,02 & 0,65 & -0,18 \\ 0,04 & 0,49 & -0,24 & 0,13 \\ -0,05 & 0,002 & 0,41 & -0,57 \\ -0,01 & -0,002 & 0,06 & -0,05 \\ 1,72 & 0,49 & -2,09 & 2,42 \\ -0,93 & -0,44 & 1,28 & -1,58 \end{bmatrix}$$

$$C^T G F^{-1} G C = \begin{bmatrix} 0,05 & 0,01 & -0,02 & 0,07 \\ 0,01 & 0,02 & -0,03 & 0,04 \\ -0,02 & -0,03 & 0,21 & -0,36 \\ 0,07 & 0,04 & -0,36 & 0,61 \end{bmatrix}$$

$$F^{-1} G C (C^T G F^{-1} G C)^{-1}$$

$$= \begin{bmatrix} -0,09 & -0,02 & 0,65 & -0,18 \\ 0,04 & 0,49 & -0,24 & 0,13 \\ -0,05 & 0,002 & 0,41 & -0,57 \\ -0,01 & -0,002 & 0,06 & -0,05 \\ 1,72 & 0,49 & -2,09 & 2,42 \\ -0,93 & -0,44 & 1,28 & -1,58 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 0,05 & 0,01 & -0,02 & 0,07 \\ 0,01 & 0,02 & -0,03 & 0,04 \\ -0,02 & -0,03 & 0,21 & -0,36 \\ 0,07 & 0,04 & -0,36 & 0,61 \end{bmatrix}^{-1}$$

$$F^{-1} G C (C^T G F^{-1} G C)^{-1} = \begin{bmatrix} 16,60 & -12,89 & -32,06 & -20,52 \\ -1,94 & 25,93 & -1,38 & -2,00 \\ 2,63 & 0,15 & -4,52 & -3,94 \\ 1,09 & -0,77 & -2,03 & -1,36 \\ -6,91 & 38,10 & 73,17 & 46,13 \\ 2,77 & -27,57 & -34,58 & -21,88 \end{bmatrix}$$

$$F^{-1} G C (C^T G F^{-1} G C)^{-1} C^T G$$

$$= \begin{bmatrix} 16,60 & -12,89 & -32,06 & -20,52 \\ -1,94 & 25,93 & -1,38 & -2,00 \\ 2,63 & 0,15 & -4,52 & -3,94 \\ 1,09 & -0,77 & -2,03 & -1,36 \\ -6,91 & 38,10 & 73,17 & 46,13 \\ 2,77 & -27,57 & -34,58 & -21,88 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 0,07 & 0,01 & -0,04 & 0,13 & 0,05 & 0,04 \\ 0,01 & 0,03 & -0,04 & 0,06 & -0,01 & -0,02 \\ -0,04 & -0,04 & 0,71 & -1,07 & 0,05 & 0,08 \\ 0,13 & 0,06 & -1,07 & 0,78 & -0,01 & -0,04 \end{bmatrix}$$

$$F^{-1} G C (C^T G F^{-1} G C)^{-1} C^T G = \begin{bmatrix} -0,23 & -0,25 & -0,89 & 19,73 & -0,44 & -0,83 \\ -0,17 & 0,79 & 0,21 & 1,21 & -0,30 & -0,56 \\ -0,13 & -0,03 & 0,91 & 2,12 & -0,05 & -0,10 \\ -0,02 & -0,02 & 0,01 & 1,20 & -0,03 & -0,05 \\ 2,79 & 1,04 & 1,16 & -41,10 & 2,63 & 3,08 \\ -1,43 & -0,82 & -0,07 & 18,74 & -1,22 & -1,31 \end{bmatrix}$$

$$F^{-1} G C (C^T G F^{-1} G C)^{-1} k = \begin{bmatrix} 16,60 & -12,89 & -32,06 & -20,52 \\ -1,94 & 25,93 & -1,38 & -2,00 \\ 2,63 & 0,15 & -4,52 & -3,94 \\ 1,09 & -0,77 & -2,03 & -1,36 \\ -6,91 & 38,10 & 73,17 & 46,13 \\ 2,77 & -27,57 & -34,58 & -21,88 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 1 \\ 1 \\ 1 \\ 1 \end{bmatrix}$$

$$F^{-1}GC(C^TGF^{-1}GC)^{-1}k = \begin{bmatrix} -48,88 \\ 20,61 \\ -5,68 \\ -3,07 \\ 150,49 \\ -81,26 \end{bmatrix}$$

$$X = I - F^{-1}GC(C^TGF^{-1}GC)^{-1}C^TG$$

$$X = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} - \begin{bmatrix} -0,23 & -0,25 & -0,89 & 19,73 & -0,44 & -0,83 \\ -0,17 & 0,79 & 0,21 & 1,21 & -0,30 & -0,56 \\ -0,13 & -0,03 & 0,91 & 2,12 & -0,05 & -0,10 \\ -0,02 & -0,02 & 0,01 & 1,20 & -0,03 & -0,05 \\ 2,79 & 1,04 & 1,16 & -41,10 & 2,63 & 3,08 \\ -1,43 & -0,82 & -0,07 & 18,74 & -1,22 & -1,31 \end{bmatrix}$$

$$= \begin{bmatrix} 1,23 & 0,25 & 0,89 & -19,73 & 0,44 & 0,83 \\ 0,17 & 0,21 & -0,21 & -1,21 & 0,30 & 0,56 \\ 0,13 & 0,03 & 0,09 & -2,12 & 0,05 & 0,10 \\ 0,02 & 0,02 & -0,01 & -0,20 & 0,03 & 0,05 \\ -2,79 & -1,04 & -1,16 & 41,10 & -1,63 & -3,08 \\ 1,43 & 0,82 & 0,07 & -18,74 & 1,22 & 2,31 \end{bmatrix}$$

Ahora se calcula:

$$F^{-1}G = \begin{bmatrix} 0,21 & 0,02 & -0,06 & -1,09 & 0,12 & 0,14 \\ 0,02 & 0,07 & -0,10 & 0,05 & 0,002 & 0,001 \\ -0,06 & -0,10 & 2,07 & -1,15 & 0,08 & 0,09 \\ -1,09 & 0,05 & -1,15 & 2,09 & -0,08 & -0,14 \\ 0,12 & 0,002 & 0,08 & -0,08 & 0,11 & 0,14 \\ 0,14 & 0,001 & 0,09 & -0,14 & 0,14 & 0,19 \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} 0,07 & 0,01 & -0,04 & 0,13 & 0,05 & 0,04 \\ 0,01 & 0,03 & -0,04 & 0,06 & -0,01 & -0,02 \\ -0,04 & 0,04 & 0,71 & -1,07 & 0,05 & 0,08 \\ 0,13 & 0,06 & -1,07 & 0,78 & -0,01 & -0,04 \\ 0,05 & -0,01 & 0,05 & -0,01 & 0,04 & 0,05 \\ 0,04 & -0,02 & 0,08 & -0,04 & 0,05 & 0,07 \end{bmatrix}$$

$$F^{-1}G = \begin{bmatrix} -0,09 & -0,02 & 0,65 & -0,18 & -0,05 & -0,02 \\ 0,04 & 0,49 & -0,24 & 0,13 & -0,07 & -0,24 \\ -0,05 & 0,002 & 0,41 & 0,57 & -0,01 & 0,01 \\ -0,01 & -0,002 & 0,06 & -0,05 & -0,01 & 0,01 \\ 1,72 & 0,49 & -2,09 & 2,42 & 0,30 & 0,19 \\ -0,93 & -0,44 & 1,28 & -1,58 & 0,11 & 0,25 \end{bmatrix}$$

$$F^{-1}Ga = \begin{bmatrix} -0,09 & -0,02 & 0,65 & -0,18 & -0,05 & -0,02 \\ 0,04 & 0,49 & -0,24 & 0,13 & -0,07 & -0,24 \\ -0,05 & 0,002 & 0,41 & 0,57 & -0,01 & 0,01 \\ -0,01 & -0,002 & 0,06 & -0,05 & -0,01 & 0,01 \\ 1,72 & 0,49 & -2,09 & 2,42 & 0,30 & 0,19 \\ -0,93 & -0,44 & 1,28 & -1,58 & 0,11 & 0,25 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 0,15 \\ 0,15 \\ 0,15 \\ 0,50 \\ 0,025 \\ 0,025 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} -0,01 \\ 0,10 \\ -0,23 \\ -0,02 \\ 1,24 \\ -0,80 \end{bmatrix}$$

$$[X]F^{-1}Ga = \begin{bmatrix} 1,23 & 0,25 & 0,89 & -19,73 & 0,44 & 0,83 \\ 0,17 & 0,21 & -0,21 & -1,21 & 0,30 & 0,56 \\ 0,13 & 0,03 & 0,09 & -2,12 & 0,05 & 0,10 \\ 0,02 & 0,02 & -0,01 & -0,20 & 0,03 & 0,05 \\ -2,79 & -1,04 & -1,16 & 41,10 & -1,63 & -3,08 \\ 1,43 & 0,82 & 0,07 & -18,74 & 1,22 & 2,31 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} -0,01 \\ 0,10 \\ -0,23 \\ -0,02 \\ 1,24 \\ -0,80 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0,01 \\ 0,01 \\ 0,001 \\ 0,001 \\ -0,04 \\ 0,03 \end{bmatrix}$$

Entonces:  $b = [X]F^{-1}Ga + F^{-1}GC(C^TGF^{-1}GC)^{-1}k$

$$b = [I - F^{-1}GC(C^TGF^{-1}GC)^{-1}C^TG]F^{-1}Ga + F^{-1}GC(C^TGF^{-1}GC)^{-1}k$$

$$b = \begin{bmatrix} 0,01 \\ 0,01 \\ 0,001 \\ 0,001 \\ -0,04 \\ 0,03 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} -48,88 \\ 20,61 \\ -5,68 \\ -3,07 \\ 150,49 \\ -81,26 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} -48,86 \\ 20,62 \\ -5,68 \\ -3,07 \\ 150,45 \\ -81,23 \end{bmatrix}$$

Los  $b$  normalizados ( $b_i n$ ) corresponden a.

$$b_i n = \frac{b}{\sqrt{\sum b^2}} = \begin{bmatrix} -0,27 \\ 0,12 \\ -0,03 \\ -0,02 \\ 0,84 \\ -0,45 \end{bmatrix}; b_i n = \begin{bmatrix} -0,27EP \\ 0,12SST \\ -0,03AA \\ -0,02RTO \\ 0,84PCC \\ -0,45DE \end{bmatrix}$$

Siguiendo el orden de las variables establecido en los demás índices, el índice de selección de Tallis (1962) ( $IS_T$ ) se formará así:

| Variable | PCC  | DE    | EP    | SST  | AA    | RTO   |
|----------|------|-------|-------|------|-------|-------|
| $b_i$    | 0,84 | -0,45 | -0,27 | 0,12 | -0,03 | -0,02 |
| $Z_i$    | Z1   | Z2    | Z3    | Z4   | Z5    | Z6    |

$$IS_T = (0,84Z_1) + (-0,45Z_2) + (-0,27Z_3) + (0,12Z_4) + (-0,035Z_5) + (-0,02Z_6)$$

En la Tabla 4.6 se observan los genotipos seleccionados según la metodología de Tallis (1962).

Finalmente, Tallis (1962) hace las siguientes consideraciones:

- Si  $k=0$ , la expresión de  $b$  se reduce a la fórmula de Kempthorne & Nordskog (1959).
- Si no se establecen restricciones,  $r = 0$  y  $C$  es una matriz  $n \times r$  de ceros, por lo tanto,  $b = F^{-1}Ga$ .

- Si se desea hacer restricciones en todas las características,  $C=I$ , luego,  $b = G^{-1}k$ , donde los coeficientes  $b$  proporcionarán la máxima ganancia en cada uno de los caracteres evaluados.

**Tabla 4.6**

Genotipos Seleccionados a través del  $IS_T$  en 36 Híbridos de *Physalis peruviana*, Evaluados en La Región Natural Andina del Departamento de Nariño.

| <i>bi</i>       | 0,84         | -0,45         | -0,27         | 0,12          | -0,03         | -0,02         |        |
|-----------------|--------------|---------------|---------------|---------------|---------------|---------------|--------|
| Híbrido         | PCC          | DE            | EP            | SST           | AA            | RTO           | $IS_T$ |
| 20              | 6,55         | 20,95         | 19,35         | 14,66         | <b>42,59*</b> | 14,67         | 0,71   |
| 1               | 6,81         | 21,40         | 19,95         | 14,87         | 39,58         | 16,84         | 0,65   |
| 6               | <b>7,03*</b> | 21,51         | <b>20,71*</b> | 14,78         | 39,61         | <b>18,37*</b> | 0,56   |
| 35              | <b>7,55*</b> | <b>22,37*</b> | <b>21,47*</b> | 14,71         | 39,87         | 14,36         | 0,53   |
| 36              | <b>7,18*</b> | <b>21,95*</b> | <b>20,82*</b> | 14,93         | 40,77         | 13,66         | 0,52   |
| 30              | 6,88         | 21,70         | 20,45         | <b>15,10*</b> | 39,60         | 17,96         | 0,30   |
| 11              | 6,67         | 21,39         | 20,25         | <b>15,12*</b> | 39,68         | 15,71         | 0,26   |
| $\bar{Y}_S$     | 6,95         | 21,61         | 20,43         | 14,88         | 40,24         | 15,94         |        |
| $\mu$           | 6,60         | 21,30         | 20,24         | 14,78         | 39,69         | 16,76         |        |
| $\sigma$        | 0,33         | 0,41          | 0,44          | 0,25          | 1,38          | 1,39          |        |
| DS              | 0,35         | 0,31          | 0,18          | 0,10          | 0,55          | -0,82         |        |
| $\Delta G_1$    | 0,06         | 0,08          | 0,08          | 0,06          | 0,25          | 0,27          |        |
| $\% \Delta G_1$ | 0,94         | 0,38          | 0,41          | 0,43          | 0,62          | 1,61          |        |
| $\Delta G_2$    | 0,09         | 0,08          | 0,05          | 0,03          | 0,13          | -0,21         |        |
| $\% \Delta G_2$ | 1,37         | 0,38          | 0,23          | 0,22          | 0,33          | -1,27         |        |

Nota. \*= medias que presentaron diferencias significativas con las demás a un  $\alpha = 0,05$ ,  $\bar{Y}_S$  = media de los siete híbridos seleccionados,  $\mu$  = media general de los 36 híbridos,  $\sigma$  = desviación estándar, DS = diferencial de selección,  $\Delta G$  = incremento genético,  $\% \Delta G$  = porcentaje del incremento genético, PCC = Peso en gramos de fruto fresco con cáliz, DE = diámetro ecuatorial en mm del fruto, EP = eje polar en mm del fruto, SST = sólidos solubles totales, AA = ácido ascórbico, RTO = rendimiento en t/ha.

Como se observa en la Tabla 4.6 el DS para el RTO es negativo y por consiguiente, el  $\Delta G_2$  también lo es, sin embargo, esto no sucede en las demás variables. Al respecto, Tallis (1962) indica que debido a los errores acumulados en el uso estos índices, probablemente no se logre alcanzar las ganancias genéticas máximas obtenidas sobre las restricciones establecidas. Por lo tanto, el índice debe recalcularse de vez en cuando a medida que se evalúa el progreso real. Esto implicará ajustes al  $k_j$ , y/o a las matrices  $G$  y  $P$  estimadas a medida que se dispone de más información.

## **Índice de selección de Pesek & Baker (1970)**

Pesek y Baker (1970) indican que el objetivo de la selección por índices, es maximizar el "valor genético" medio de una población. El valor genético es la suma de los productos de los valores genotípicos de los caracteres medidos y sus respectivos "pesos económicos". Así, el valor genético refleja el valor global de una línea o un individuo en concreto. Los pesos económicos expresan la importancia relativa de un rasgo con respecto a otro en la conformación del valor global de una línea. Dado que los valores genotípicos no pueden observarse o medirse directamente, es necesario desarrollar una función lineal de los valores fenotípicos observables que discrimine mejor entre genotipos de diferente valor genético. De ahí que, el término original para la selección de índices era "una función discriminante para la selección de plantas". Una vez construido un índice de selección, es posible predecir la diferencia entre la media de una proporción seleccionada por truncamiento y la media de la población original para cada carácter. Esta "respuesta esperada" puede utilizarse para evaluar de antemano las consecuencias de varios procedimientos de selección alternativos. La "respuesta observada" implica que la selección ya se ha realizado.

Los índices de selección pueden utilizarse como base para la mejora simultánea de más de un carácter mediante la selección, o para mejorar la eficacia de la selección de un carácter incorporando información sobre uno o más caracteres secundarios. Este último uso ha sido el más común en la mejora vegetal porque no es necesario asignar valores económicos a todos los caracteres en esta aplicación. Para mejorar el carácter primario, como el rendimiento, en la medida de lo posible, los valores económicos de los rasgos secundarios se fijan todos en cero y el del carácter primario a la unidad. Sin embargo, para mejorar varios caracteres simultáneamente, es necesario asignar pesos económicos a los caracteres. Por ejemplo, el valor económico de un carácter puede depender de que alcance un determinado valor umbral. El contenido de proteínas en el trigo debe superar un determinado nivel mínimo para que una línea sea aceptable. Por encima de ese nivel, el contenido de proteínas pasa a ser relativamente menos importante que el rendimiento.

Pesek & Baker (1970) introdujeron una modificación a la teoría de la selección por índice, la cual implica el cálculo de los coeficientes de los índices de acuerdo con la siguiente formulación matricial:



$$\mathbf{b} = \mathbf{G}^{-1} \mathbf{d} \frac{p}{z}$$

Donde:  $\mathbf{b}$  = vector de los coeficientes del índice de selección,  $\mathbf{G}^{-1}$  = inversa de la matriz de varianzas y covarianzas genotípica,  $\mathbf{d}$  = vector de ganancias genéticas deseadas y  $p/z$  = recíproco del diferencial de selección en unidades estándar. Como  $p/z$  es constante para cualquier experimento, se puede obtener una solución equivalente a partir de:

$$\mathbf{b} = \mathbf{G}^{-1} \mathbf{d}$$

La expresión anterior representa el siguiente conjunto de ecuaciones simultáneas para el ejemplo concreto de los seis caracteres de *P. peruviana*:

$$\begin{aligned} b_1 g_{11} + b_2 g_{12} + b_3 g_{13} + b_4 g_{14} + b_5 g_{15} + b_6 g_{16} &= d_1 \\ b_1 g_{12} + b_2 g_{22} + b_3 g_{23} + b_4 g_{24} + b_5 g_{25} + b_6 g_{26} &= d_2 \\ b_1 g_{13} + b_2 g_{23} + b_3 g_{33} + b_4 g_{34} + b_5 g_{35} + b_6 g_{36} &= d_3 \\ b_1 g_{14} + b_2 g_{24} + b_3 g_{34} + b_4 g_{44} + b_5 g_{45} + b_6 g_{46} &= d_4 \\ b_1 g_{15} + b_2 g_{25} + b_3 g_{35} + b_4 g_{45} + b_5 g_{55} + b_6 g_{56} &= d_5 \\ b_1 g_{16} + b_2 g_{26} + b_3 g_{36} + b_4 g_{46} + b_5 g_{56} + b_6 g_{66} &= d_6 \end{aligned}$$

Donde:  $\mathbf{b}_i$ 's = coeficientes de índice a resolver,  $\mathbf{g}_{ij}$  = covarianza genotípica entre los caracteres i-ésimo y j-ésimo, y  $\mathbf{d}_i$  = ganancia genética deseada para el carácter i-ésimo.

Después de estimar los componentes genéticos de la covarianza, se calculan las  $\mathbf{b}_i$ 's para uno o dos conjuntos diferentes de ganancias genéticas deseadas. Las  $\mathbf{b}_i$ 's resultantes se combinan con las medias de los caracteres de cada uno de los 36 híbridos, buscando obtener un índice de selección para cada uno de ellos con la siguiente estructura:

$$IS_{PB} = b_1 Y_{1g} + b_2 Y_{2g} + b_3 Y_{3g} + b_4 Y_{4g} + b_5 Y_{5g} + b_6 Y_{6g}$$

Donde:  $IS_{PB}$  = índice de selección Pesek & Baker (1970) para el g-ésimo genotipo,  $Y_{ig}$  = valores medios de los i-ésimos caracteres para un genotipo en particular.

Entonces, se tiene el vector  $\mathbf{d}_i$  para las variables SST, AA y RTO, con un incremento genético deseado para estas variables del 25, 25 y 10%, respectivamente, sin establecer ganancias para PCC, DE y EP. Además

del vector  $d_i$ , a continuación, se presenta la matriz de varianzas y covarianzas genéticas para las tres variables ( $G$ ):

$$d_i = \begin{bmatrix} 0,25 \\ 0,25 \\ 0,10 \end{bmatrix}; G = \begin{bmatrix} 0,03 & -0,04 & 0,06 \\ -0,04 & 0,71 & -1,07 \\ 0,06 & -1,07 & 0,78 \end{bmatrix}$$

Los  $b_i$ 's se calculan así:

$$b_i = G^{-1}d_i = \begin{bmatrix} 0,03 & -0,04 & 0,06 \\ -0,04 & 0,71 & -1,07 \\ 0,06 & -1,07 & 0,78 \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} 0,25 \\ 0,25 \\ 0,10 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 8,46 \\ -0,22 \\ -0,70 \end{bmatrix}$$

Los  $b_i$ 's normalizados ( $b_i n$ ) corresponden a.

$$b_i n = \frac{b}{\sqrt{\sum b^2}} = \begin{bmatrix} 1,00 \\ -0,03 \\ -0,08 \end{bmatrix}$$

Luego el  $IS_{PB}$  queda definido por:

| Variable | PCC   | DE    | EP    | SST   | AA    | RTO   |
|----------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| $b_i$    | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 1,0   | -0,03 | -0,08 |
| $z_i$    | $z_1$ | $z_2$ | $z_3$ | $z_4$ | $z_5$ | $z_6$ |

$$IS_{PB} = (0,0z_1) + (0,0z_2) + (0,0z_3) + (1,0z_4) + (-0,03z_5) + (-0,08z_6)$$

En la Tabla 4.7 se observan los genotipos seleccionados según la metodología de Pesek & Baker (1970).

## Mejor Predictor Lineal Insesgado

Cuando los datos están desbalanceados, Piepho & Möhring (2007) sostienen que la ecuación para obtener la  $\sigma_F^2$ , ya no se mantiene, y no hay una ecuación simple disponible para calcular respuesta a la selección. Básicamente, esto ocurre porque la correlación entre el fenotipo y la respuesta a la selección difiere entre los genotipos y, por lo tanto, no hay relación lineal simple entre la respuesta a la selección (R) y diferencial de selección (DS), como en el caso balanceado. El fenotipo puede tomarse como la media ajustada del material genético evaluado, es decir, el mejor estimador lineal insesgado (BLUE, sigla en inglés) asumiendo efectos genotípicos fijos. El cálculo analítico de la respuesta a la selección se ve obstaculizada no solo por la heterogeneidad de la varianza de una media ajustada, sino también por correlaciones entre las medias inducidas por el

ajuste de mínimos cuadrados para el bloqueo. Con datos desbalanceados y una gran cantidad de genotipos, es deseable estimar los efectos genéticos por el mejor predictor lineal insesgado (BLUP, sigla en inglés) en lugar de BLUE. En el cálculo del BLUP, la media ajustada de un material genético, convencionalmente considerado como el fenotipo, generalmente no es involucrada directamente.

**Tabla 4.7**

*Genotipos Seleccionados a través del ISPB en 36 Híbridos de Physalis peruviana, Evaluados en la Región Natural Andina del Departamento de Nariño.*

| bi              | 0,00  | 0,00  | 0,00  | 1,00          | -0,03         | -0,08 |      |
|-----------------|-------|-------|-------|---------------|---------------|-------|------|
| Híbrido         | PCC   | DE    | EP    | SST           | AA            | RTO   | ISPB |
| <b>4</b>        | 6,49  | 21,35 | 20,15 | <b>15,16*</b> | 38,39         | 16,22 | 1,54 |
| <b>11</b>       | 6,67  | 21,39 | 20,25 | <b>15,12*</b> | 39,68         | 15,71 | 1,41 |
| <b>9</b>        | 6,70  | 21,56 | 20,21 | <b>15,10*</b> | 38,37         | 15,25 | 1,38 |
| <b>30</b>       | 6,88  | 21,70 | 20,45 | <b>15,10*</b> | 39,60         | 17,96 | 1,21 |
| <b>29</b>       | 6,52  | 21,24 | 20,51 | <b>15,07*</b> | 40,86         | 17,38 | 1,09 |
| <b>14</b>       | 6,43  | 20,87 | 20,30 | <b>15,04*</b> | <b>42,44*</b> | 16,25 | 0,99 |
| <b>10</b>       | 6,22  | 20,96 | 20,05 | 15,01         | 39,20         | 17,06 | 0,91 |
| $\bar{Y}_S$     | 6,56  | 21,30 | 20,27 | 15,09         | 39,79         | 16,55 |      |
| $\mu$           | 6,60  | 21,30 | 20,24 | 14,78         | 39,69         | 16,76 |      |
| $\sigma$        | 0,33  | 0,41  | 0,44  | 0,25          | 1,38          | 1,39  |      |
| DS              | -0,04 | 0,00  | 0,03  | 0,30          | 0,10          | -0,21 |      |
| $\Delta G_1$    | 0,06  | 0,08  | 0,08  | 0,06          | 0,25          | 0,27  |      |
| $\% \Delta G_1$ | 0,94  | 0,38  | 0,41  | 0,43          | 0,62          | 1,61  |      |
| $\Delta G_2$    | -0,01 | 0,00  | 0,01  | 0,10          | 0,02          | -0,06 |      |
| $\% \Delta G_2$ | -0,15 | 0,00  | 0,04  | 0,68          | 0,06          | -0,33 |      |

Nota. \*= medias que presentaron diferencias significativas con las demás a un  $\alpha = 0,05$ ,  $\bar{Y}_S$  = media de los siete híbridos seleccionados,  $\mu$  = media general de los 36 híbridos,  $\sigma$  = desviación estándar, DS = diferencial de selección,  $\Delta G$  = incremento genético,  $\% \Delta G$  = porcentaje del incremento genético, PCC= Peso en gramos de fruto fresco con cáliz, DE= diámetro ecuatorial en mm del fruto, EP= eje polar en mm del fruto, SST= sólidos solubles totales, AA= ácido ascórbico, RTO= rendimiento en t/ha.

Tanto el desarrollo de nuevos cultivares como la recomendación de variedades recién lanzadas requieren que se haga una selección entre un conjunto mayor de genotipos candidatos, por lo que la estimación de los valores genotípicos está en el corazón de cualquier esfuerzo de fitomejoramiento. El análisis de datos métricos y los ensayos de variedades generalmente se pueden basar en un modelo lineal mixto normal, cuya forma matricial (Piepho *et al.*, 2008) es:

$$Y = X\beta + Zu + e$$

Donde  $Y$  es el vector de observaciones,  $\beta$  y  $u$  son vectores de efectos fijos y aleatorios, respectivamente;  $u$  contiene los efectos genéticos o genotípicos de los genotipos probados, así como los efectos no genéticos y los efectos de la interacción genotipo x ambiente (Piepho & Möhring, 2007).  $X$  y  $Z$  son las matrices de diseño asociadas, y  $e$  es el vector del termino de error. Se supone que los efectos aleatorios distribuyen como  $u \sim DNM(0, G)$  y  $e \sim DNM(0, R)$ , donde  $DNM(\mu, V)$  denota la distribución normal multivariante con vector medio  $\mu$  y la matriz de varianza-covarianza  $V$  ( $V = ZGZ^T + R$ ). Los efectos fijos se pueden estimar mediante el mejor estimador lineal insesgado (BLUE), mientras que los efectos aleatorios son estimados por el mejor predictor lineal insesgado (BLUP). En la práctica, BLUE y BLUP deben ser reemplazados por BLUE y BLUP empíricos, respectivamente, lo que significa que la varianza de los componentes en  $G$  y  $R$  debe ser reemplazada por sus estimaciones, obtenidas preferentemente por el estimador de máxima verosimilitud restringida (en inglés Restricted Maximum Likelihood, REML).

Tanto los BLUE como los BLUP pueden ser calculados al resolver las ecuaciones del modelo mixto (Piepho *et al.*, 2008), así:

$$\begin{bmatrix} X^T R^{-1} X & X^T R^{-1} Z \\ Z^T R^{-1} X & Z^T R^{-1} Z + G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X^T R^{-1} Y \\ Z^T R^{-1} Y \end{bmatrix}$$

A menudo, en pruebas de variedades y el desarrollo de nuevas variedades los efectos del genotipo se consideran fijos y así forman parte de  $\beta$  en el modelo mixto. Cuando los genotipos pueden considerarse aleatorios, sin embargo, los efectos genotípicos se vuelven parte de  $u$  y, por lo tanto, son estimados por BLUP (Piepho *et al.*, 2008).

Balzarini & Milligan (2003) mencionan que los BLUP se utilizan para predecir efectos aleatorios en modelos mixtos. La función predecible,  $\mu + G_i$ , con  $i = 1, \dots, g$ , permite inferencias sobre el rendimiento del  $i$ -ésimo genotipo de un ensayo con  $g$  variedades seleccionadas al azar (inferencia amplia). Por lo tanto, los BLUP de  $\mu + G_i$  en un modelo mixto tienen un papel similar al de la media del genotipo en un modelo de efectos fijos. Los BLUP son llamados estimadores de contracción o corrimiento porque se obtienen por regresión hacia la media general basada en los componentes de la varianza de los efectos del modelo. Una versión simple de BLUP para

estimar el desempeño genético del  $i$ -ésimo genotipo, en un modelo que contiene genotipos no relacionados como efectos aleatorios, es:

$$BLUP(\mu + G_i) = \bar{Y}_{..} + F^G(\bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{..})$$

Donde  $F^G$  es el factor de corrimiento:

$$F^G = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \frac{\sigma_e^2}{r}}$$

En este caso,  $\sigma_g^2$  es la varianza entre genotipos,  $\sigma_e^2$  es la varianza del error y  $r$  es el número de repeticiones u observaciones del genotipo. Así, para este modelo simple, el estimador mueve la media del genotipo hacia la media general dependiendo de la magnitud de la heredabilidad del carácter. Un alto valor de heredabilidad implica poco corrimiento o más confiabilidad de la media del genotipo, y en tal caso, el BLUP del genotipo se asemeja a la media del genotipo. Por lo tanto, cuanto menor sea el valor de heredabilidad, mayor será el corrimiento de los promedios extremos del genotipo, lo que significa un menor riesgo de mala interpretación.

El BLUP para la función predecible,  $\mu + G_i + A_j + (G \times A)_{ij}$ , con  $i = 1, \dots, g$  genotipos y  $j = 1, \dots, a$  ambientes, en un modelo que también involucra ambiente y efectos aleatorios de la interacción genotipo x ambiente ( $G \times A$ ), con la asunción de efectos aleatorios independientes y de igual varianza (Casanoves & Balzarini, 2002; Balzarini & Milligan (2003), es:

$$BLUP(\mu + G_i + A_j + (G \times A)_{ij}) \\ = \bar{Y}_{...} + F^G(\bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{...}) + F^A(\bar{Y}_{.j.} - \bar{Y}_{...}) + F^{GA}(\bar{Y}_{...} - \bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{.j.} - \bar{Y}_{ij.})$$

Donde  $F^G$ ,  $F^A$  y  $F^{GA}$  son los factores de corrimiento o ajuste del estimador de la media, la cual se realiza en función de la razón entre la varianza genética y la varianza total del carácter en estudio (Biasutti & Balzarini, 2012). Estos corresponden a:

$$F^G = \frac{\sigma_g^2 + \frac{\sigma_{ga}^2}{a}}{\sigma_g^2 + \sigma_{ga}^2 + \frac{\sigma_e^2}{ra}}; F^A = \frac{\sigma_a^2 + \frac{\sigma_{ga}^2}{g}}{\sigma_g^2 + \sigma_{ga}^2 + \frac{\sigma_e^2}{rg}}; F^{GA} = \frac{\sigma_{ga}^2}{\sigma_{ga}^2 + \frac{\sigma_e^2}{r}}$$

Donde  $\sigma_{ga}^2$  es el componente de varianza de G x A,  $\sigma_a^2$  es el componente de la varianza asociada con los efectos ambientales,  $g$ ,  $a$  y  $r$  son el número de genotipos, ambientes y repeticiones del experimento, respectivamente.

Los procedimientos para obtener la información de los BLUP se pueden hacer con el software SAS, mediante la siguiente sintaxis:

```
data a;
input i j REP HIB PCC PSC DE EP SST AA RTO Loc$;
Cards;
1 2 1 1 5.88 5.15 21.05 18.69 15.57 36.60 14.71 GUALMATAN
1 2 2 1 6.69 5.99 22.20 20.54 15.35 34.80 10.24 GUALMATAN
.
.
2 4 1 10 5.86 5.46 22.00 20.50 16.05 38.40 29.86 OBONUCO
2 4 2 10 5.87 5.33 21.58 20.97 15.73 39.60 25.19 OBONUCO
.
.
9 10 4 36 7.66 6.59 22.59 21.74 14.19 45.60 8.48 PUERRES
;
/* get blups printed out by adding /s or /solution
   to random statement */
/* use ODS to save blups in a data set */
/* format is ODS OUTPUT tablename = datasetname */
/* table names are given in 'ODS table names' section */
/* of the help file, in the Details chapter */

/*proc mixed DATA=a METHOD= REML;
class REP HIB Loc;
model RTO = Loc REP(Loc);
random HIB HIB* Loc /s;
ods output solutionR = blups;
run;
proc print data=blups;
run;
Quit;
```

Con base en los BLUPs para el rendimiento, obtenidos mediante de SAS, se seleccionaron los siete híbridos de más alto valor de BLUP en esta variable, los cuales se presentan en la Tabla 4.8. En esta Tabla, se observan las ganancias genéticas que se obtienen en las demás características, cuando se seleccionan por los BLUPs del RTO. A excepción del AA, las seis variables restantes mostraron diferenciales de selección ( $DS$ ) e incrementos genéticos positivos con la fórmula de  $IG_2$ .

En la Tabla 4.9 se presenta un resumen de los híbridos seleccionados en cada una de las metodologías. Los híbridos 6 y 30 fueron seleccionados en seis de las siete metodologías planteadas, mientras que los híbridos 34, 35 y 36 se seleccionaron en cuatro IS, 1, 5 y 31 en tres, 8, 11, 13 y 29 en dos y los híbridos 4, 9, 10, 14, 15, 17, 20 y 28 en una. Si se seleccionan los siete híbridos que también fueron escogidos en más de tres metodologías, producen  $DS$  e  $IG_2$  positivos, con excepción de los AA (Tabla 4.10). La elección del IS a utilizar, depende de los objetivos del programa de fitomejoramiento y de las relaciones genéticas entre las variables consideradas en la estructura del índice.

**Tabla 4.8**

*Genotipos Seleccionados a través de los Mejores BLUP Para el RTO en 36 Híbridos de *Physalis peruviana*, Evaluados en la Región Natural Andina del Departamento de Nariño.*

| <b>HIB</b>      | <b>PCC</b>   | <b>DE</b> | <b>EP</b>     | <b>SST</b>    | <b>AA</b>     | <b>RTO</b>    | <b>BLUP-RTO</b> |
|-----------------|--------------|-----------|---------------|---------------|---------------|---------------|-----------------|
| <b>5</b>        | 6,91         | 21,67     | <b>20,90*</b> | 14,57         | <b>41,35*</b> | <b>19,35*</b> | 1,39            |
| <b>13</b>       | 6,42         | 21,06     | 20,33         | 14,65         | 38,42         | <b>19,17*</b> | 1,29            |
| <b>8</b>        | 6,63         | 21,45     | 20,22         | 14,92         | 38,41         | <b>18,69*</b> | 1,04            |
| <b>6</b>        | <b>7,03*</b> | 21,51     | <b>20,71*</b> | 14,78         | 39,61         | <b>18,37*</b> | 0,87            |
| <b>28</b>       | 6,65         | 21,32     | 20,64         | 14,89         | 38,24         | 18,15         | 0,74            |
| <b>30</b>       | 6,88         | 21,70     | 20,45         | <b>15,10*</b> | 39,60         | 17,96         | 0,64            |
| <b>15</b>       | 6,43         | 21,13     | 20,26         | 14,75         | 37,87         | 17,88         | 0,60            |
| $\bar{Y}_S$     | 6,71         | 21,40     | 20,50         | 14,81         | 39,07         | 18,51         |                 |
| $\mu$           | 6,60         | 21,30     | 20,24         | 14,78         | 39,69         | 16,76         |                 |
| $\sigma$        | 0,33         | 0,41      | 0,44          | 0,25          | 1,38          | 1,39          |                 |
| $DS$            | 0,11         | 0,11      | 0,26          | 0,02          | -0,62         | 1,75          |                 |
| $\Delta G_1$    | 0,06         | 0,08      | 0,08          | 0,06          | 0,25          | 0,27          |                 |
| $\% \Delta G_1$ | 0,94         | 0,38      | 0,41          | 0,43          | 0,62          | 1,61          |                 |
| $\Delta G_2$    | 0,03         | 0,03      | 0,06          | 0,01          | -0,15         | 0,45          |                 |
| $\% \Delta G_2$ | 0,42         | 0,13      | 0,32          | 0,05          | -0,37         | 2,71          |                 |

*Nota.* \*= medias que presentaron diferencias significativas con las demás a un  $\alpha = 0,05$ ,  $\bar{Y}_S$  = media de los siete híbridos seleccionados,  $\mu$  = media general de los 36 híbridos,  $\sigma$  = desviación estándar,  $DS$  = diferencial de selección,  $\Delta G$  = incremento genético,  $\% \Delta G$  = porcentaje del incremento genético,  $PCC$  = Peso en gramos de fruto fresco con cáliz,  $DE$  = diámetro ecuatorial en mm del fruto,  $EP$  = eje polar en mm del fruto,  $SST$  = sólidos solubles totales,  $AA$  = ácido ascórbico,  $RTO$  = rendimiento en t/ha.

En el caso de *P. peruviana*, fue difícil conseguir un índice que produzca un genotipo ideal con  $DS$  positivos para todas las variables. En la mayoría de los IS se produjo un  $DS$  negativo para el RTO debido a la falta de correlación entre estas variables y sus componentes, lo cual no permite llevar la selección en la dirección positiva tanto para el RTO como para

variables como PCC, EP, DE, SST y AA; sin embargo, es necesario producir más información con otras poblaciones o con las progenies de los seleccionados bajo un esquema de selección recurrente.

**Tabla 4.9**

*Siete Híbridos de Physalis peruviana Seleccionados en Cada Una de las Metodologías de Selección por Índices y BLUP Para el RTO.*

| <i>IS</i> | <i>IS<sub>1</sub></i> | <i>IS<sub>2</sub></i> | <i>IS<sub>KN</sub></i> | <i>IS<sub>T</sub></i> | <i>IS<sub>PB</sub></i> | <i>BLUP-RTO</i> |
|-----------|-----------------------|-----------------------|------------------------|-----------------------|------------------------|-----------------|
| 5         | 35                    | 35                    | 35                     | 20                    | 4                      | 5               |
| 6         | 6                     | 6                     | 6                      | 1                     | 11                     | 13              |
| 30        | 36                    | 31                    | 31                     | 6                     | 9                      | 8               |
| 13        | 31                    | 36                    | 36                     | 35                    | 30                     | 6               |
| 8         | 34                    | 1                     | 1                      | 36                    | 29                     | 28              |
| 34        | 17                    | 30                    | 30                     | 30                    | 14                     | 30              |
| 29        | 5                     | 34                    | 34                     | 11                    | 10                     | 15              |

**Tabla 4.10**

*Genotipos Seleccionados con Mayor Frecuencia en cada una de las Metodologías de IS Aplicadas en 36 Híbridos de Physalis peruviana, Evaluados en la Región Natural Andina del Departamento de Nariño.*

| <i>HIB</i>      | <i>PCC</i>   | <i>DE</i>     | <i>EP</i>     | <i>SST</i>    | <i>AA</i>     | <i>RTO</i>    |
|-----------------|--------------|---------------|---------------|---------------|---------------|---------------|
| <b>6</b>        | <b>7,03*</b> | 21,51         | <b>20,71*</b> | 14,78         | 39,61         | <b>18,37</b>  |
| <b>30</b>       | 6,88         | 21,70         | 20,45         | <b>15,10*</b> | 39,60         | 17,96         |
| <b>34</b>       | 6,87         | 21,54         | <b>20,97*</b> | 14,87         | 40,64         | 17,25         |
| <b>35</b>       | <b>7,55*</b> | <b>22,37*</b> | <b>21,47*</b> | 14,71         | 39,87         | 14,36         |
| <b>36</b>       | <b>7,18*</b> | <b>21,95*</b> | <b>20,82*</b> | 14,93         | 40,77         | 13,66         |
| <b>5</b>        | 6,91         | 21,67         | <b>20,90*</b> | 14,57         | <b>41,35*</b> | <b>19,35*</b> |
| <b>31</b>       | <b>6,94*</b> | 21,51         | <b>20,81*</b> | 14,34         | 37,73         | 17,47         |
| $\bar{Y}_S$     | 7,05         | 21,75         | 20,88         | 14,76         | 39,94         | 16,92         |
| $\mu$           | 6,60         | 21,30         | 20,24         | 14,78         | 39,69         | 16,76         |
| $\sigma$        | 0,33         | 0,41          | 0,44          | 0,25          | 1,38          | 1,39          |
| <i>DS</i>       | 0,45         | 0,45          | 0,63          | -0,03         | 0,25          | 0,16          |
| $\Delta G_1$    | 0,06         | 0,08          | 0,08          | 0,06          | 0,25          | 0,27          |
| $\% \Delta G_1$ | 0,94         | 0,38          | 0,41          | 0,43          | 0,62          | 1,61          |
| $\Delta G_2$    | 0,12         | 0,12          | 0,16          | -0,01         | 0,06          | 0,04          |
| $\% \Delta G_2$ | 1,76         | 0,55          | 0,78          | -0,06         | 0,15          | 0,25          |

Nota. \*= medias que presentaron diferencias significativas con las demás a un  $\alpha = 0,05$ ,  $\bar{Y}_S$  = media de los siete híbridos seleccionados,  $\mu$  = media general de los 36 híbridos,  $\sigma$  = desviación estándar, *DS* = diferencial de selección,  $\Delta G$  = incremento genético,  $\% \Delta G$  = porcentaje del incremento genético, PCC= Peso en gramos de fruto fresco con cáliz, DE= diámetro ecuatorial en mm del fruto, EP= eje polar en mm del fruto, SST= sólidos solubles totales, AA= ácido ascórbico, RTO= rendimiento en t/ha.



## Conclusiones

Las variables peso con cáliz (PCC), diámetro ecuatorial (DE) y eje polar del fruto (EP), sólidos solubles totales (SST), ácido ascórbico (AA) y rendimiento (RTO) de 36 híbridos de uchuva mostraron una distribución normal. La falta de correlación entre el PCC, el DE y el EP con el RTO no permitió efectuar procesos de selección correlacionada. Los índices de selección basados en una función discriminante, pesos económicos y restricciones, produjeron un diferencial de selección negativo para el RTO, pero positivo para las demás variables. La selección por el mejor predictor lineal insesgado (BLUP) para el RTO mostró, a excepción del AA, diferenciales de selección (*DS*) e incrementos genéticos positivos.

## **Bibliografía del capítulo 4**

- Baker, R. J. (1986). Selection indices in plant breeding. (1a ed.). CRC Press. doi: <https://doi.org/10.1201/9780429280498>
- Balzarini, M. & Milligan Scott, S. (2003). Best linear unbiased prediction (BLUP). En S. M. Kang (Eds.) Handbook of formulas and software for plant geneticists and breeders (pp. 181-191). Food Products, The Haworth Reference Press.
- Bernardo, R. (1996). Best linear unbiased prediction of maize single-cross performance. Crop Science, 36(1), 50-56. doi: <https://doi.org/10.2135/cropsci1996.0011183X003600010009x>
- Betrán, J., Moreno-González, J. & Romagosa, I. (2009). Chapter 2: Theory and application of plant breeding for quantitative traits. En S. Ceccarelli, E. P. Guimarães y E. Weltzien (Eds.) Plant breeding and farmer participation (pp. 27-62). Food and Agriculture Organization of the United Nations.
- Biasutti, C. A. & Balzarini, M. (2012). Estimación del comportamiento de híbridos de maíz mediante modelos mixtos. Agriscientia, 29, 59-68. doi: 10.31047/1668.298x.v29.n2.3884. [https://www.researchgate.net/publication/260771408\\_Estimacion\\_del\\_comportamiento\\_de\\_hibridos\\_de\\_maiz\\_mediante\\_modelos\\_mixtos/download](https://www.researchgate.net/publication/260771408_Estimacion_del_comportamiento_de_hibridos_de_maiz_mediante_modelos_mixtos/download)
- Borojevic, S. (1990). Principles and methods of plant breeding. Elsevier Science Publishing.
- Bos, I. & Caligari, P. (2008). Selection methods in plant breeding. (2a Ed.). Springer.
- Casanoves, F. & Balzarini, M. (2002). Predictores lineales insesgados (BLUP) en ensayos comparativos de rendimiento. Journal of Basic & Applied Genetics, 14(3), 55-62.
- Céron-Rojas, J. J. & Crossa, J. (2018). Linear selection indices in modern plant breeding. Springer Open. doi: <https://doi.org/10.1007/978-3-319-91223-3>, <https://library.oapen.org/bitstream/id/f9da7d4f-ebd6-4ad3-8bba-3715b73092a4/1007227.pdf>
- Cerón-Rojas, J. J., Sahagún-Castellanos, J., Castillo-González, F., Santacruz-Varela, A. & Crossa, J. (2008). Restricted selection index method based on eigen analysis. Journal of Agricultural, Biological, and Environmental Statistics, 13(4), 440-457. <https://www.jstor.org/stable/27595699>
- Compton, W. A. & Comstock, R. E. (1976). More on modified ear-to-row selection in corn. Crop Science, 16(1), 122. Doi: <https://doi.org/10.2135/cropsci1976.0011183X001600010034x>

- Comstock, R. E. & Robinson, H. F. (1948). The components of genetic variance in populations of biparental progenies and their use in estimating the average degree of dominance. *Biometrics*, 4(4), 254-266. doi:10.2307/3001412
- Comstock, R. E., Robinson, H. F. & Harvey, P. H. (1949). A breeding procedure designed to make maximum use of both general and specific combining ability. *Agronomy Journal*, 41(8), 360-367. doi: <https://doi.org/10.2134/agronj1949.00021962004100080006x>
- Crossa, J., Pérez-Rodríguez, P., Cuevas, J., Montesinos-López, O., Jarquín, D., de los Campos, G., Burgueño, J., Camacho-González, J. M., Pérez-Elizalde, S., Beyene, Y., Dreisigacker, S., Singh, R., Zhang, X., Gowda, M., Roorkiwal, M., Rutkoski, J. & Varshney, R. K. (2017). Genomic selection in plant breeding: methods, models, and perspectives. *Trends in Plant Science*, 22(11), 961–975. doi:10.1016/j.tplants.2017.08.011
- Falconer, D.S. & Mackay, T. F.C. (1996). Introduction to quantitative genetics. (4a ed.) Longman Group.
- Fehr, W. (1987). Principles of cultivar development: theory and technique. (Vol. 1). MacMillan Publishing.
- Flores Muñoz, P., Muñoz Escobar, L., Sánchez Acalo, T. (2019). Estudio de potencia de pruebas de normalidad usando distribuciones desconocidas con distintos niveles de no normalidad. *Perfiles*, 1(21), 4-11. <http://ceaa.esPOCH.edu.ec:8080/revista.perfiles/faces/Articulos/Perfiles21Art1.pdf>
- Gardner, C.O. & Eberhart, S.A. (1966). Analysis and Interpretation of the Variety Cross Diallel and Related Populations. *Biometrics*, 22(3), 439-452. doi:10.2307/2528181
- Gordon, G.H. (1980). A method of parental selection and cross prediction using incomplete partial diallels. *Theoretical Applied Genetics*, 56, 225–232. doi: <https://doi.org/10.1007/BF00295453>
- Griffing, B. (1956). Concept of General and Specific Combining Ability in Relation to Diallel Crossing Systems. *Australian Journal of Biological Sciences*, 9(4), 463-493. doi: <https://doi.org/10.1071/BI9560463>
- Grinberg, N. F., Lovatt, A., Hegarty, M., Lovatt, A., Skot, K. P., Kelly, R., Blackmore, T., Thorogood, D., King, R. D., Armstead, I., Powell, W. & Skot, L. (2016). Implementation of genomic prediction in *Lolium perenne* (L.) breeding populations. *Frontiers in Plant Science*, 7, 1-10. doi: 10.3389/fpls.2016.00133
- Gupta, V. P., Nanda, G. S. & Roy, D. (2004). Selection for simple and complex traits. In H. K. Jain & M. C. Kharkwal (Eds.). *Plant breeding: mendelian to molecular approaches* (pp. 373-389). Narosa Publishing House. doi: [https://doi.org/10.1007/978-94-007-1040-5\\_24](https://doi.org/10.1007/978-94-007-1040-5_24)

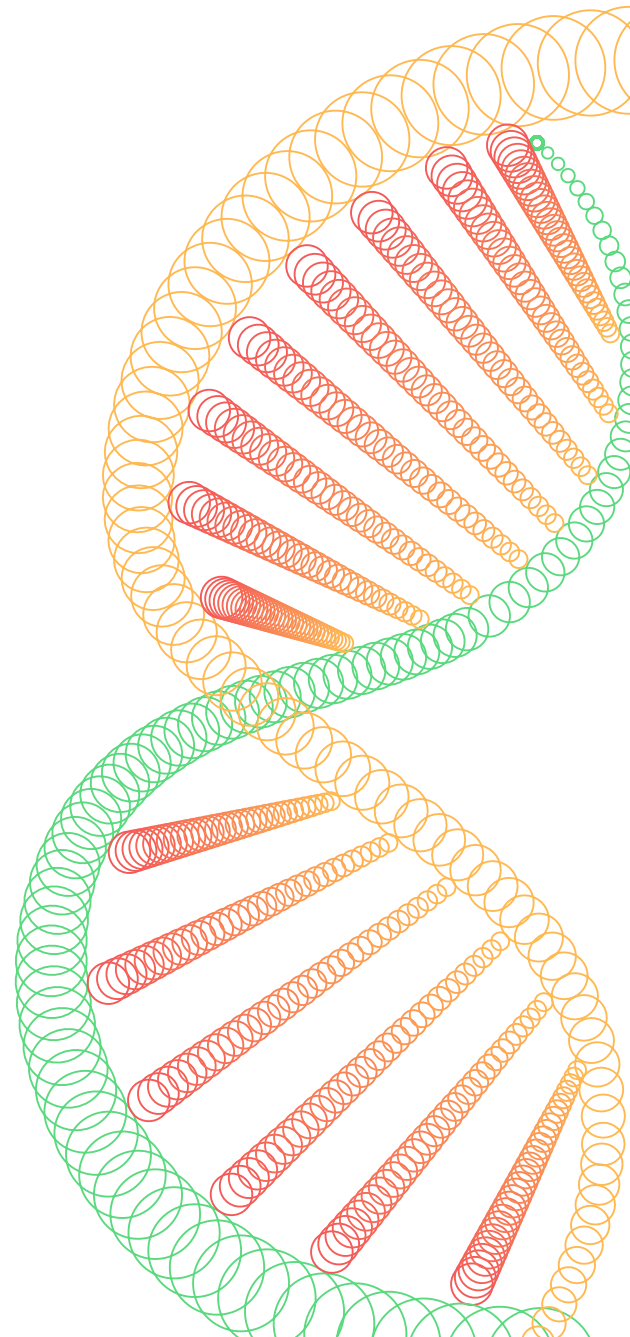
- Hallauer, A. R., Carena, M. J. & Miranda Filho, J. B. (1988). Quantitative genetics in plant breeding. (2a ed.) Springer.
- Hallauer, A. R. & Miranda Filho, J. B. (1981). Quantitative genetics in maize breeding. Iowa State University Press.
- Hayman, B. I. (1954). The theory and analysis of diallel crosses. *Genetics*, 39(6), 789-809. doi: <https://doi.org/10.1093/genetics/39.6.789>
- Hazel, L. N. (1943). The genetic basis for constructing selection indexes. *Genetics*, 28(6), 476-490. <https://www.genetics.org/content/genetics/28/6/476.full.pdf>
- Heslot, N., Yang, H., Sorrells, M. E. & Jannink, J. (2012). Genomic Selection in Plant Breeding: A Comparison of Models. *Crop Science*, 52(1), 146-160. doi:10.2135/cropsci2011.06.0297
- Isik, F., Holland, J. & Maltecca, C. (2017). Genetic data analysis for plant and animal breeding. Springer International Publishing. doi:10.1007/978-3-319-55177-7
- Jawad Asghar, M. & Sadaqat Mehdi, S. (2010). Selection indices for yield and quality traits in sweet corn. *Pakistan Journal of Botany*, 42(2), 775-789.
- Jinks, J.L. (1954). The analysis of continuous variation in a diallel cross of *Nicotiana rustica* varieties. *Genetics*, 39(6), 767-788. <https://www.genetics.org/content/genetics/39/6/767.full.pdf>
- Jannink, J., Lorenz, A. J. & Iwata, H. (2010). Genomic selection in plant breeding: from theory to practice. *Briefings in Functional Genomics*. 9(2), 166-177. doi: <https://doi.org/10.1093/bfpg/elq001>
- Kempthorne, O. & Nordskog, A. W. (1959). Restricted selection indices. *Biometrics*, 15(1), 10-19. doi: <https://doi.org/10.2307/2527598>
- Kempthorne, O. & Curnow, R.N. (1961). The Partial Diallel Cross. *Biometrics*, 17(2), 229-250. doi:10.2307/2527989
- Lagos-Burbano, T. C., Criollo-Escobar, H. & Mosquera Quijano, C. (2001). Evaluación preliminar de cultivares de uvilla o uchuva (*Physalis peruviana* L.) para escoger materiales con base en la calidad del fruto. *Revista de Ciencias Agrícolas*, 8(2), 82-94. <https://dialnet.unirioja.es/servlet/articulo?codigo=6191511>
- Lagos, T. C., Apraez, J., Lagos, L. & Duarte, D. (2015). Comportamiento de 50 familias de medios hermanos de *Solanum quitoense* Lam. bajo selección recurrente. *Temas Agrarios*, 20(2), 19-29.

- Lorenz, A. J., Chao, S., Asoro, F. G., Heffner, E. L., Hayashi, T., Iwata, H., Smith, K. P., Sorrells, M. E. & Jannink, J. (2011). Genomic Selection in Plant Breeding. *Advances in Agronomy*, 77–123. doi:10.1016/b978-0-12-385531-2.00002-5
- Magnussen, S. (1990). Selection index: economic weights for maximum simultaneous genetic gain. *Theoretical and Applied Genetics*, 79(3), 289–293. doi:10.1007/bf01186069
- Mariotti, J.A. (1986). Fundamentos de genética biométrica: aplicaciones al mejoramiento genético vegetal. Organización de los Estados Americanos.
- Milla-Lewis, S.R. & Islei, T.G. (2005). Best Linear Unbiased Prediction of Breeding Values for Tomato Spotted Wilt Virus (TSWV) Incidence in Virginia-type Peanuts. *Peanut Science*, 32, 57–67.
- Paterniani, E. (1967). Selection among and within families in a Brazilian population of maize (*Zea mays* L.). *Crop Science*, 7(3), 212–216. doi: <https://doi.org/10.2135/cropsci1967.0011183X000700030012x>
- Pesek, J. & Baker, R.J. (1970). An application of index selection to the improvement of self-pollinated species. *Canadian Journal of Plant Science*, 50(3), 267–276. doi:10.4141/cjps70-051
- Piepho, H. P. & Möhring, J. (2007). Computing heritability and selection response from unbalanced plant breeding trials. *Genetics*, 177, 1881–1888. doi: 10.1534/genetics.107.074229
- Piepho, H. P., Möhring, J., Melchinger, A. E. & Büchse, A. (2007). BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. *Euphytica*, 161(1-2), 209–228. doi:10.1007/s10681-007-9449-8
- Poehlman, J. M. & Sleper, D. A. (2003). Mejoramiento genético de las cosechas. (2a ed.) (M. Guzmán Ortiz & M. A Hernández Cuapio Trad.). Limusa Noriega Editores.
- Ruane, J. & Sonnino, A. (2007). Chapter 1. Marker-assisted selection as a tool for genetic improvement of crops, livestock, forestry and fish in developing countries: an overview of the issues. En E. P. Guimarães, John Ruane, B D. Scherf, A. Sonnino, J. D. Dargie (Eds.). *Marker-Assisted Selection: Status and Future Perspectives in crops, Livestock, Forestry and Fish* (pp. 3-13). Food and Agriculture Organization.
- Roy, D. (2008). Plant breeding: analysis and exploitation of variation. Narosa Publishing House.
- Smith H. F. (1936). A discriminant function for plant selection. *Annals of Eugenics*, 7(3), 240–250. doi:10.1111/j.1469-1809.1936.tb02143.x

- Steel, R. G. D. & Torrie, J. H. (1960). Principles and procedures of statistics: with special reference to the biological sciences. McGraw-Hill.
- Stock, K. F. & Reents, R. (2013). Genomic Selection: Status in Different Species and Challenges for Breeding. *Reproduction in Domestic Animals*, 48(1), 2–10. doi: 10.1111/rda.12201
- Tallis, G. M. (1962). A selection index for optimum genotype. *Biometrics*. 18(1), 120-122. doi:10.2307/2527716
- Tucuch-Cauich, C. A., Rodríguez-Herrera, S. A., Reyes-Valdés, M. H., Pat-Fernández, J. M., Tucuch-Cauich, F. M. & Córdova-Orellana, H. S. (2011). Índices de selección para producción de maíz forrajero. *Agronomía mesoamericana*, 22(1), 123-132. [http://www.mag.go.cr/rev\\_meso/v22n01\\_123.pdf](http://www.mag.go.cr/rev_meso/v22n01_123.pdf)
- van Marle-Köster, E., Visser & C. Berry, D.P. (2013). A review of genomic selection - Implications for the South African beef and dairy cattle industries. *South African Journal of Animal Science*, 43(1), 1-17. doi: <http://dx.doi.org/10.4314/sajas.v43i1.1>

# ***CAPÍTULO 5***

## **Diseños Genéticos**



## Resumen

Los diseños genéticos combinan el análisis genético y el diseño experimental para identificar genotipos con atributos fenotípicos y genéticos necesarios para producir cultivares mejorados. El objetivo fue desarrollar los análisis estadísticos de algunos diseños genéticos. El rendimiento (RTO) evaluado en ensayos de nueve líneas doble haploides (LDH) de uchuva (*Physalis peruviana* L.) y 48 genotipos de tomate de árbol (*Solanum betaceum* Cav.) realizados en localidades del departamento de Nariño, se analizó con base en los métodos IV de Griffing (1956) y Dialelo Parcial Circulante (DPC), respectivamente. En uchuva los efectos de ACG fueron significativos; los de ACE, por su parte, no fueron significativos. Los efectos aditivos fueron más importantes que los de dominancia. Las LDH uno, seis, cinco y siete obtuvieron los valores más altos de ACG (0,40-0,85). En Gualmatán, tanto la ACG como la ACE fueron significativas. Las LDH siete, seis y cuatro fueron las de mayor ACG, con 0,73, 0,58 y 0,46, respectivamente. Las cruzas (5x7) y (6x8) exhibieron valores más altos de ACE. Estas cruzas involucran las LDH seis y siete de más alto valor de ACG. El DPC de tomate de árbol evaluado en Pasto permitió seleccionar nueve parentales, y establecer que solo los efectos de ACG fueron significativos. Los parentales seleccionados se destacaron por sus altos valores de ACG (5,21-10,25) y RTOs entre 5,21 y 10,25t/ha. La ACG y el RTO en los nueve parentales seleccionados presentaron una correlación alta, positiva y significativa de 0,82, es decir, al incrementar la ACG tiende a incrementarse el RTO.

**Palabras Clave:** potencial genético, ACG, ACE, aditivita, dominancia, *Physalis peruviana*, *Solanum betaceum*.

## Abstract

Genetic designs combine genetic analysis and experimental design to identify genotypes with phenotypic and genetic attributes necessary to produce improved cultivars. The objective was to develop the statistical analyses of some genetic designs. The yield evaluated in tests of nine double haploid lines (LDH) of cape gooseberry (*Physalis peruviana* L.) and 48 genotypes of tree tomato (*Solanum betaceum* Cav.) carried out in localities of the department of Nariño, was analyzed based on Griffing's IV (1956) and Partial Circulant Dialell (DPC) methods, respectively. In Cape gooseberry the effects of GCA were significant, while those of SCA were



not significant. Additive effects were more important than dominance effects. LDHs one, six, five and seven obtained the highest GCA values (0.40-0.85). In Gualmatán, the GCA and SCA were significant. LDH seven, six and four had the highest GCA, with 0.73, 0.58 and 0.46, respectively. The crosses (5x7) and (6x8) exhibited higher SCA values. These crosses involve LDHs six and seven that obtained the highest GCA values. The DPC of tree tomato evaluated in Pasto allowed selecting nine parents and establishing that only the effects of GCA were significant. The selected parents stood out for their high GCA values (5.21-10.25) and yield between 5.21 and 10.25t/ha. The GCA and the yield in the nine selected parents presented a high, positive and significant correlation of 0.82, that is to say, there is a tendency that when increasing the GCA, the yield increases.

**Keywords:** genetic potential, GCA, ACE, aditivite, dominance, *Physalis peruviana*, *Solanum betaceum*.

## Introducción

Los diseños genéticos son esquemas que combinan el análisis genético de las poblaciones o colecciones de fitomejoramiento y el diseño experimental con el fin de identificar líneas, variedades o cualquier material genético que posea los atributos fenotípicos y genéticos necesarios para considerarlos en un programa de fitomejoramiento, ya sea como posibles candidatos a variedades o híbridos mejorados, o como parentales con gran potencial para incluirlos en esquemas de cruzamiento o de selección (Antuna et al., 2003; Guerrero-Guerrero *et al.*, 2011).

El propósito de los diseños genéticos se enfoca hacia la estimación de efectos y de los componentes de la varianza en poblaciones genéticamente amplias, lo cual proporciona información sobre su estructura genética. Como consecuencia, se pueden seleccionar metodologías de mejora que sean adecuadas para cada población. El objetivo principal es calcular varios parámetros de estas poblaciones como  $\hat{\sigma}_G^2 = \hat{\sigma}_A^2 + \hat{\sigma}_D^2 + \hat{\sigma}_I^2$  ( $\hat{\sigma}_I^2$ = varianza de interacción genética, si es posible), incremento genético y heredabilidad de las características de interés (Hallauer *et al.*, 1988).

La principal actividad del fitomejorador es seleccionar los mejores individuos para el programa de fitomejoramiento. No obstante, el criterio de lo mejor depende de lo que se quiera mejorar. Lo mejor significa calidad

genética, y no necesariamente el mejor valor fenotípico. Las plantas seleccionadas deben tener el mejor conjunto de genes que pueden producir progenie con el mejor desempeño (fenotípico) y por lo tanto, el mayor rendimiento o producción, o el mejor desempeño en las características de importancia económica o agronómica. Debido a que el valor fenotípico de una planta solo refleja parcialmente el valor genético, particularmente si la heredabilidad es baja, también debe incluirse otra información; por ejemplo, genealogías utilizadas para inferir el valor genético de una planta. Además, la información de los marcadores moleculares, si está disponible, también debe considerarse para predecir el valor genético. La estrategia óptima de predicción es incorporar toda la información genética disponible. Esto requiere una estimación precisa de los parámetros genéticos y de una metodología estadística avanzada para combinar la información de todas las fuentes de forma óptima (Xu, 2003).

“Los diseños de cruzamientos generan progenies que se evalúan para estimar componentes de varianza. Estas progenies involucran relaciones entre parientes que tienen componentes genéticos conocidos de varianza. Por ejemplo, las expectativas genéticas para las covarianzas en medios hermanos (MH), hermanos completos (HC) y poblaciones de polinización abierta son  $(1/4)\sigma_A^2$ ,  $\left[\left(\frac{1}{2}\right)\hat{\sigma}_A^2 + (1/4)\hat{\sigma}_D^2\right]$  y  $\left(\frac{1}{2}\right)\hat{\sigma}_A^2$ . Además, las progenies deben evaluarse en diferentes ambientes con diseños experimentales apropiados para estimar no solo los componentes de varianza genética, sino también los componentes de varianza ambiental. El Análisis de Varianza (ANDEVA) de los diseños experimentales permite estimar el error experimental de ensayos replicados en múltiples ambientes o localidades para obtener resultados no sesgados, dados por el principio de la aleatorización. Por lo tanto, las esperanzas de los cuadrados medios esperados o ECM se expresan en términos de componentes de la varianza. Estos componentes de varianza luego se traducen a covarianza de parientes dependiendo del diseño de apareamiento utilizado. Luego, se pueden estimar los parámetros genéticos y hacer inferencias sobre poblaciones o colecciones de mejoramiento” (Hallauer *et al.*, 1988).

“Es importante trabajar con un buen germoplasma. Las inferencias poblacionales ayudan a tomar esa decisión dentro de los programas de fitomejoramiento. Una población con la mejor media es una buena elección, aunque la ganancia genética a lo largo de los años es relativamente similar en todas las poblaciones. Es importante analizar muestras representativas de poblaciones referencia tanto a nivel fenotípico como molecular con el fin de hacer inferencias respecto a su variabilidad. La información de la variación fenotípica total que está condicionada por la articulación de fuerzas genéticas y ambientales es muy importante para el fitomejorador. Los fitomejoradores observan y miden fenotipos que son expresión de genotipos en un conjunto particular de ambientes; es decir,  $F_i = \mu + g_i + a_i +$

$(ga)_i$ , donde el fenotipo  $F_i$  es la suma de una media general  $\mu$ , de un efecto genotípico  $g_i$ , de un efecto ambiental  $a_i$  y de un efecto de interacción de genotipos con entornos  $(ga)_i$ . Esta suma lineal de efectos muestra que las unidades de medida  $F_i$  incluyen no solo efectos genotípicos sino también los efectos ambientales sobre los genotipos, que pueden o no ser repetibles de un ambiente a otro. El "ruido" ambiental es un factor muy importante porque a menudo está fuera del control del obtentor" (Hallauer *et al.*, 1988, pp81-82).

Algunos de los factores ambientales pueden controlarse a través de adecuadas labores culturales hechas al cultivo en los diferentes experimentos, así como por el uso de diseños experimentales convenientes, observando los principios de replicación, control de variación entre parcelas, aleatorización, estructura factorial de tratamientos, uso de covariables y diseño de tratamientos. Algunos diseños recomendados para la evaluación de germoplasma son los bloques completos al azar, los diseños resolubles como los látices simples y triples, los diseños de bloques incompletos y diseños aumentados, entre otros (Mead, 1977). Otros factores son incontrolables debido a la incertidumbre del clima, dadas por la presencia de heladas, la variación climática y la incidencia de insectos plaga y enfermedades, a su vez influidas por las condiciones ambientales. Por lo tanto, se mide un fenotipo que incluye no solo el efecto genotípico sino también las influencias de un número inestimable de factores ambientales sobre el genotipo, que son regulares e irregulares y predecibles e impredecibles.

Siendo el fenotipo una expresión conjunta de los efectos genotípicos y ambientales, el principal interés es determinar qué proporción de la expresión fenotípica se debe a factores genotípicos y a efectos ambientales. El uso de los diseños experimentales para estimar los componentes de varianzas implica tener en cuenta los siguientes pasos: (i) de acuerdo con el ANDEVA apropiado al modelo, se deden cotejar los cuadrados medios observados con sus valores esperados. Debido a que los valores esperados son funciones lineales de los componentes de varianza desconocidos, el resultado será un conjunto de ecuaciones lineales simultáneas de componentes de varianza. (ii) El segundo paso es resolver las ecuaciones establecidas en (i). Las soluciones son los estimadores de los componentes de la varianza (Searle, 1971).

Es importante aclarar que los valores esperados de los cuadrados medios en el ANDEVA no necesitan suposiciones de normalidad porque los estimadores de los componentes de varianza obtenidos por el método de estimación del ANDEVA no dependen, por sí mismos, de estos supuestos (Hallauer *et al.*,

1988). De acuerdo con Searle (1971) los estimadores resultantes tienen propiedades limitadas, tales como las siguientes:

### *Insesgamiento*

Los estimadores de los componentes de varianza derivados del ANDEVA con datos balanceados son siempre insesgados, ya sea que el modelo sea aleatorio o mixto.

### *Varianza Mínima*

Los estimadores de los componentes de varianza obtenidos por ANDEVA tienen mínima varianza cuadrática insesgada. Esto significa que todos los estimadores de son funciones cuadráticas de las observaciones, insesgadas y de varianza más pequeña.

### *Estimaciones Negativas*

Los componentes de la varianza son, por definición, positivos. A pesar de esto, las estimaciones obtenidas por el método del ANDEVA pueden ser negativas. Searle (1971) da algunas sugerencias para superar esta situación. Las estimaciones negativas pueden deberse a un modelo inadecuado (diseños genéticos para estimar la varianza epistática), muestreo inadecuado (números pequeños) y técnicas experimentales inadecuadas (competencia entre progenies).

Searle (1971) indica que estimar una varianza negativa es claramente embarazoso, sin embargo, existen varias posibilidades que pueden asumirse, aunque pocas de ellas satisfactorias, Entonces, conscientes de la existencia de estimaciones negativas de varianza, se puede optar por:

- (i) Informar la estimación obtenida. Ésta puede expresarse como una prueba de que el verdadero valor del componente es cero.
- (ii) Aceptar una estimación negativa, como evidencia de que el valor verdadero del componente correspondiente es cero, sugiere cambiar la estimación negativa por cero. Esto parece bastante lógico, pero como parte del procedimiento de estimación dicho truncamiento perturba las propiedades de las estimaciones: por ejemplo, ya no son insesgadas.

- (iii) Interpretar una estimación negativa como conjetura de un modelo equivocado es otra posible decisión. Entonces es necesario reconsiderar otro modelo.

Para la estimación de los componentes de la varianza se consideran diseños de cruzamientos que incluyen progenies con relaciones entre parientes poseedores de componentes genéticos conocidos de varianza. Con el fin de estimar los componentes de varianza genéticos y ambientales, las progenies desarrolladas a partir de los diseños de cruzamiento deben evaluarse en uno o varios ambientes con un diseño experimental apropiado. Los supuestos son necesarios para la adecuada interpretación de la composición genética de la covarianza de parientes a través del apareamiento. La población muestreada debe cumplir con lo siguiente (Hallauer *et al.*, 1988):

- 1) Herencia mendeliana diploide normal
- 2) Sin efectos maternos
- 3) Equilibrio de ligamiento
- 4) Parientes no consanguíneos
- 5) Selección aleatoria de padres y familiares (genotipos)
- 6) Sin correlación entre efectos ambientales con familiares (genotipos)
- 7) Sin epistasis
- 8) Frecuencias alélicas arbitrarias

El modelo del ANDEVA puede ser fijo o modelo tipo I, aleatorio o modelo tipo II y modelo mixto. Tal como se planteó en el capítulo dos, en el modelo fijo, los parentales de las progenies es la población referencia sobre las cuales se sacarán conclusiones. En el modelo aleatorio, los parentales son una muestra representativa de la población referencia (Steel & Torrie, 1985).

Muchos trabajos publicados han considerado los análisis genéticos. Estos se han desarrollado en cultivos como maíz (Ramírez *et al.*, 1988; De La Rosa *et al.*, 2006; Guerrero-Guerrero *et al.*, 2011), chile (*Capsicum pubescens* R. y P.) (Sánchez-Sánchez *et al.*, 2010), berenjena (*Solanum melongena* L.) (Araméndiz-Tatis *et al.*, 2014) y lulo (*Solanum quitoense* Lam.) (Duarte-Alvarado *et al.*, 2021), como ejemplos.

El objetivo de este capítulo fue desarrollar los análisis estadísticos de algunos diseños genéticos con énfasis en información de cruzamientos

dialélicos desarrollados en ensayos de *Physalis peruviana* L. y *Solanum betaceum* Cav.

## Materiales y Métodos

En primer lugar, se describió teóricamente el análisis estadístico de algunos métodos relacionados con los diseños genéticos. Luego se planteó el procedimiento estadístico de los principales diseños de cruzamientos dialélicos (dialelos). Finalmente, atendiendo las bases de datos de *Physalis peruviana* L. del Anexo 2.2 y de *Solanum betaceum* del Anexo 3.1, se amplió el análisis genético del método IV de Griffing (1956) que fue detallado hasta el ANDEVA en el capítulo 2, y se desarrollaron los análisis estadísticos y genéticos del Dialelo Parcial Circulante. Estos análisis se hicieron con base en lo planteado por Griffing (1956), Kempthorne & Curnow (1961), Singh & Chaudary (1985), Miranda Filho & Gorgulho (2001).

## Resultados y Discusión

Existen muchas metodologías que permiten estudiar el potencial genético de una colección de trabajo o mejoramiento vegetal. Algunas más complejas que otras, pero todas importantes de acuerdo con los objetivos y los alcances que quieren lograrse. Entre las metodologías se destacan los cruzamientos top cross (Jenkins & Brunson, 1932), progenies biparentales (Robinson *et al.*, 1949), regresión padre-progenie (MH, HC, S1) (Robinson *et al.*, 1949), cruzamientos dialélicos por las metodologías de Jinks y Hayman = Hayman (1954a y 1954b), Griffing (1956), Gardner y Eberhart (1966, 1967), y Hallauer & Miranda (1981, 1988), entre otros. Estos métodos se describen ampliamente en Hallauer *et al.* (1988) y Miranda Filho & Gorgulho (2001).

## Diseños Genéticos

Como se dijo en el ítem 5.4, los diseños genéticos se utilizan para determinar las magnitudes de efectos y/o varianzas genéticas en una población. Existen varias clases de diseños genéticos que consideran la información de tipo genético y ambiental que proviene de la función productiva  $F = G + A + GA$ , donde  $F$  = fenotipo evaluado por el fitomejorador,  $G$  = genotipo,  $A$  = ambiente donde se evalúa el genotipo, y  $GA$  = interacción genotipo por ambiente. En algunos de los diseños

genéticos se puede asumir un modelo fijo o aleatorio o mixto, mientras que, en otros, los efectos genéticos son siempre aleatorios.

A continuación, se describe el esquema y la forma del análisis de varianza de algunos diseños genéticos.

### Top cross o test cross

Davis en 1927 (Hallauer *et al.*, 1988) y Jenkins & Brunson (1932) plantearon este esquema de evaluación. Un conjunto fijo o aleatorio de líneas o genotipos son cruzadas con un probador (tester) común. La escogencia del probador es materia de discusión entre los fitomejoradores. Miranda Filho & Gorgulho (2001) indican que existen varias tendencias al respecto, tales como la base genética del probador (base estrecha versus base amplia), grado de parentesco con el material genético evaluado (emparentado versus no emparentado) y valor genético intrínseco (estándar alto versus estándar regular o bajo).

En todos los casos, los genotipos se prueban con una muestra representativa de genotipos en el probador, es decir, cada planta de la población base se cruza con una muestra aleatoria de gametos del probador. Cada cruce de prueba, por lo tanto, es un tipo familias de medios hermanos. Cuando el probador tiene una base genética estrecha (línea endogámica o cruce simple), la selección entre cruces de prueba se hace por ACE. La propuesta original de selección recíproca recurrente (SRR) es similar a la selección por ACG porque se seleccionan dos poblaciones simultáneamente, con las cruces de prueba, donde una población es el probador de otra. El uso de *test cross* (o *top cross*) en el mejoramiento de maíz tiene uno de los siguientes objetivos: evaluar la aptitud combinatoria de líneas endogámicas en un programa de reproducción híbrida, o evaluar los valores genéticos de genotipos (plantas) para mejorar la población. En cada caso, el problema de elección del probador es esencialmente el mismo. La meta es encontrar un probador que proporcione la mejor discriminación entre genotipos de acuerdo con fines de selección (Hallauer *et al.*, 1988).

Rawlings & Thompson (1962) plantearon que la varianza genética entre las progenies *test cross* ( $\sigma_t^2$ ) para un locus y para un probador en particular, se puede expresar como sigue:

$$\sigma_t^2 = \left(\frac{1}{2}\right)p(p-1)(1+F)[a + (1-2r)d]^2$$



Donde:  $p$  = frecuencia del alelo  $p$ ,  $r$  = frecuencia del alelo  $r$  en el probador,  $F$  = nivel de endogamia de la población base,  $a$  = no dominancia,  $d$  = dominancia.

Después de la suma de todos los loci se obtiene la varianza genética total en ausencia de epistasia. Para una población dada con valores fijos de  $p$ ,  $F$ ,  $a$  y  $d$ , está claro que la varianza entre los test cross dependerá de la frecuencia del gen  $r$  en el probador. Sin dominancia ( $d = 0$ ), la varianza genética entre los test cross es constante para cualquier frecuencia genética en el probador  $\left[\sigma_t^2 = \left(\frac{1}{2}\right)p(p-1)(1+F)a^2\right]$ . Dado que todas las cantidades en  $\sigma_t^2$  son siempre positivas y que  $p$ ,  $a$ ,  $d$  y  $F$  son constantes para el conjunto de material genético que se está probando, la cantidad de variación genética entre las progenies cruzadas de prueba es directamente proporcional al cuadrado de  $[a + (1 - 2r)d] = A$ . El efecto de la frecuencia génica del probador en  $A^2$  para niveles de dominancia entre 0 y 2 indica que el probador homocigoto recesivo, con  $r=0$ , tiene una ventaja creciente a medida que aumenta  $a$ . Con valores de  $a = 0,5$  o  $a = 2,0$ , teóricamente debería haber nueve veces más varianza genética entre las progenies test cross cuando  $r = 0$ , en comparación con  $r = 1$ .

La ganancia genética esperada ( $\Delta G$ ) por selección entre test crosses (Hallauer *et al.*, 1988) está dada por:

$$\Delta G = \frac{k}{2\sigma_t} [\sigma_A^2 - 4p(1-p)\alpha(r-p)d]$$

Donde:  $k$  = diferencial de selección en unidades estándar (Tabla 2.18),  $\sigma_A^2$  = varianza genética aditiva en la población referencia no endocriada ( $\sigma_A^2 = 2p(1-p)\alpha^2$ ),  $\alpha$  = efectos de sustitución del alelo favorable en la población referencia, y es igual a  $\alpha = a + (q - p)d$ .

Allison & Curnow (1966) establecieron que los cambios que se producen en la media de la variable de respuesta, cuando se utilizan distintas clases de probadores y asumiendo una varianza aditiva mayor a cero, son:



| <b>Genotipo del probador</b> | <b>Frecuencia alélica</b> | <b>Cambio en la media</b>                                         |
|------------------------------|---------------------------|-------------------------------------------------------------------|
| Homocigoto dominante (AA)    | $r = 1$                   | $\left[ \frac{k}{2\sigma_t} [\sigma_A^2 - 4pq^2\alpha d] \right]$ |
| Homocigoto recesivo (aa)     | $r = 0$                   | $\left[ \frac{k}{2\sigma_t} [\sigma_A^2 + 4p^2q\alpha d] \right]$ |
| Población parental           | $r = p$                   | $\frac{k}{2\sigma_t} [\sigma_A^2]$                                |

De ello se deduce que si no hay dominancia ( $d=0$ ) no habrá diferencia entre los probadores. La elección del probador no es importante en el caso de los genes de este tipo. Con dominancia parcial a completa ( $-a \leq d \leq a$ ), el mejor probador es el homocigoto dominante (AA) si  $d < 0$ , y si  $d > 0$ , el mejor es el homocigoto recesivo (aa). Para sobredominancia ( $d > a$ ), el mejor probador es el recesivo (aa). La selección de cruzas para alto valor de la variable evaluada se da si ( $p < a + d/2d$ ) y la selección para cruzas de bajo rendimiento se da si ( $p > a + d/2d$ ) ( $a + d/2d$  es el valor óptimo de  $p$  cuando hay sobredominancia). En todos estos casos, por lo tanto, el mejor probador es el homocigoto recesivo. No se espera la subdominancia ( $d < -a$ ), pero si ocurre que el mejor probador sería el homocigoto dominante (AA).

El modelo estadístico de los test crosses, evaluados en un experimento bajo el diseño de bloques completos al azar, es:

$$Y_{ij} = \mu + AC_i + r_j + e_{ij}$$

Donde:  $\mu$ = media general del experimento,  $AC_i$ = efecto de aptitud combinatoria,  $r_j$ = efecto de repeticiones,  $e_{ij}$ = efecto del error experimental.

En los *test crosses*, la principal diferencia entre la ACG y ACE se ha atribuido a la base genética del probador (base genética amplia o estrecha). Estas diferencias son esencialmente una cuestión de diferencias en la frecuencia de los genes. En el probador de base amplia, las frecuencias de los genes para diferentes loci pueden variar de 0 a 1, mientras que, en el probador de base estrecha, las frecuencias de los genes se limitan a unos pocos valores. Para una línea endogámica, la frecuencia alélica en un locus puede ser 0 o 1, y en la cruce simple de líneas homocigotas las frecuencias alélicas pueden ser 0, 0,5 o 1. En cualquier caso (sea un probador de base amplia o de base estrecha), la selección puede conducir a un cambio en la media de la población como resultado de la selección de los efectos aditivos de los genes. Por lo tanto,

cuando se consideran genotipos en una población o en otros materiales genéticos que se van a evaluar en test crosses, parece difícil distinguir entre ACG y ACE. Por lo tanto, la expresión de AC debe usarse con un significado más amplio. La AC de genotipos en una población o en otro material genético puede estimarse como se muestra en la Tabla 5.1. (Hallauer *et al.*, 1988).

**Tabla 5.1**

*Aptitud Combinatoria ( $AC_i$ ) en los Genotipos de una Población o un Conjunto de Poblaciones (Y) en Test Crosses (TC) con una Población Como Probador.*

| TC    | Plantas en una población |       |       | Grupo de poblaciones <sup>a</sup> |       |             |             | $AC_i$                |
|-------|--------------------------|-------|-------|-----------------------------------|-------|-------------|-------------|-----------------------|
|       | G                        | F     | $f_g$ | P                                 | F     | $F_y$       | Media TC    |                       |
| 1     | CC                       | $p^2$ | 1     | $P_1$                             | $1/n$ | $p_1$       | $\bar{T}_1$ | $\bar{T}_1 - \bar{T}$ |
| 2     | Cc                       | $2pq$ | 0,5   | $P_2$                             | $1/n$ | $p_2$       | $\bar{T}_2$ | $\bar{T}_2 - \bar{T}$ |
| 3     | cc                       | $p^2$ | 0     | $P_3$                             | $1/n$ | $p_3$       | $\bar{T}_3$ | $\bar{T}_3 - \bar{T}$ |
| .     | .                        | .     | .     | .                                 | .     | .           | .           | .                     |
| N     | -                        | -     | -     | $P_n$                             | $1/n$ | $\bar{p}_n$ | $\bar{T}_n$ | $\bar{T}_n - \bar{T}$ |
| Media | -                        | -     | P     | -                                 | -     | -           | $\bar{T}$   | $\bar{T}$             |

*Nota.* a = Poblaciones con genotipos en equilibrio Hardy-Weinberg,  $f_g$  y  $f_y$  = frecuencia génica promedio dentro de genotipos y dentro de poblaciones, respectivamente, G = frecuencia de genotipo, F = frecuencia.

Genéticamente, la  $AC_i$  se mide de este modo:

$$AC_i = \bar{T}_i - \bar{T} = p_i - \bar{p}_i[a + (1 - 2r)d]$$

Donde:  $r$  = frecuencia del alelo favorable en el probador.

La  $AC_i$  es independiente de los efectos de dominancia solo para  $r = 0,5$  o para  $d = 0$  (sin dominancia). Cuando la frecuencia de genes se fija en el probador ( $r = 1,0$ ),  $AC_i = (p_i - \bar{p})(a - d)$ ; y para dominancia completa ( $d = a$ ),  $AC_i = 0$  para cada  $i$ . En este caso, el probador no puede discriminar entre líneas o poblaciones que se están probando. La varianza entre los cruces de prueba ( $\sigma_t^2$ ) es una estimación de la varianza de la  $AC_i$  ( $\sigma_{AC}^2$ ).

A nivel genético, para cualquier grupo de test crosses, se tiene:

$$\sigma_{AC}^2 = \sigma_p^2[a + (1 - 2r)d]^2$$

Se puede ver que  $\sigma_{AC}^2$  depende del cuadrado del efecto medio de la sustitución de un gen en el probador y en la varianza de las frecuencias

génicas promedio de los materiales genéticos evaluados. Para el caso particular de genotipos dentro de una población, las frecuencias génicas (para un alelo C favorable) dentro de los genotipos son 1, 0,5 y 0 en CC, Cc y cc, respectivamente.

Debido a que la frecuencia de genes tiene una distribución binomial, entonces:

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

y

$$\sigma_{AC}^2 = \frac{p(1-p)}{2} [a + (1-2r)d]^2$$

Que es la varianza entre los test crosses. Si los genotipos representan una muestra aleatoria de líneas endogámicas ( $F = 1$ ), la matriz genotípica es  $p$  (CC) :  $(1-p)$  (cc) con frecuencias de genes 1 y 0 dentro de los genotipos, respectivamente. Por lo tanto, para una muestra aleatoria de líneas endogámicas, se tiene:

$$\sigma_{AC}^2 = p(1-p)[a + (1-2r)d]^2$$

En general, para cualquier nivel de endogamia ( $F$ ) en la población base, la varianza para la  $AC_i$ , es:

$$\sigma_{AC}^2 = \frac{p(1-p)}{2} (1+F)[a + (1-2r)d]^2$$

En las Tablas 5.2 y 5.3 se observan el ANDEVA y las pruebas de hipótesis bajo diferentes modelos con el diseño de bloques completos al azar (McIntosh, 1983), los cuales pueden ser útiles para evaluar los *test crosses*.

## Progenies Bi-Parentales

Este es el diseño genético más simple para estimar componentes de varianzas genéticas. Hallauer *et al.* (1988) indican que este diseño de apareamiento produce una información preliminar sobre el nivel de variabilidad presente en la población referencia con el mínimo esfuerzo y el menor costo.

Robinson *et al.* (1949) aplicaron esta metodología con la progenie de tres cruzamientos de maíz, en los cuales se involucraban seis parentales. Este diseño de cruzamientos implica cruzar pares de plantas individuales

tomadas al azar de una población. Los pares individuales de plantas se pueden cruzar recíprocamente con el fin de producir suficiente semilla para hacer evaluaciones en distintos ambientes. Para permitir interpretaciones adecuadas con relación a la población referencia, es deseable que uno haga tantas cruza como sea posible.

**Tabla 5.2**

*ANDEVA Combinado a través de Localidades, Cuadrados Medios Esperados (CME) y pruebas de Hipótesis Para Diferentes Métodos y Modelos (Fijo, Aleatorio o Mixto), Bajo el Diseño de Bloques Completos al Azar.*

| FV              | GL          | CM  | F calculado         |               |               |
|-----------------|-------------|-----|---------------------|---------------|---------------|
|                 |             |     | AL, I – AL, g       | AL, I – Fi, g | Fi, I – Fi, g |
| Localidades (I) | I-1         | CM1 | (CM1+CM5)/(CM2+CM4) | CM1/CM2       | CM1/CM2       |
| Bloques/I       | I(b-1)      | CM2 |                     |               |               |
| Genotipos (g)   | g-1         | CM3 | CM3/CM4             | CM3/CM4       | CM3/CM5       |
| g x I           | (g-1)(I-1)  | CM4 | CM4/CM5             | CM4/CM5       | CM4/CM5       |
| Error           | I(g-1)(b-1) | CM5 |                     |               |               |

| FV              | CM  | CME                                                            |                                               |                                               |
|-----------------|-----|----------------------------------------------------------------|-----------------------------------------------|-----------------------------------------------|
|                 |     | AL, I – AL, g                                                  | AL, I – Fi, g                                 | Fi, I – Fi, g                                 |
| Localidades (I) | CM1 | $\sigma_e^2 + b\sigma_{gl}^2 + g\sigma_{b/l}^2 + bg\sigma_l^2$ | $\sigma_e^2 + g\sigma_{b/l}^2 + bg\sigma_l^2$ | $\sigma_e^2 + g\sigma_{b/l}^2 + bg\sigma_l^2$ |
| Bloques/I       | CM2 | $\sigma_e^2 + g\sigma_{b/l}^2$                                 | $\sigma_e^2 + g\sigma_{b/l}^2$                | $\sigma_e^2 + g\sigma_{b/l}^2$                |
| Genotipos (g)   | CM3 | $\sigma_e^2 + b\sigma_{gl}^2 + bl\sigma_g^2$                   | $\sigma_e^2 + b\sigma_{gl}^2 + bl\sigma_g^2$  | $\sigma_e^2 + bl\sigma_g^2$                   |
| g x I           | CM4 | $\sigma_e^2 + b\sigma_{gl}^2$                                  | $\sigma_e^2 + b\sigma_{gl}^2$                 | $\sigma_e^2 + b\sigma_{gl}^2$                 |
| Error           | CM5 | $\sigma_e^2$                                                   | $\sigma_e^2$                                  | $\sigma_e^2$                                  |

Nota: AL = aleatorio, Fi = fijo.

**Tabla 5.3**

*F Calculados Para Probar las Hipótesis de los Efectos en un Experimento Bajo el Diseño de Bloques Completos al Azar Combinado a través de Años y Localidades, Para Diferentes Métodos y Modelos (Fijo, Aleatorio o Mixto).*

| FV              | GL              | CM  | F calculado       |                   |
|-----------------|-----------------|-----|-------------------|-------------------|
|                 |                 |     | ALa-ALI-ALg       | ALa-ALI-Fig       |
| Años (a)        | a-1             | CM1 | (CM1+CM8/CM3+CM6) | CM1/CM3           |
| Localidades (l) | l-1             | CM2 | (CM2+CM8/CM3+CM7) | CM2/CM3           |
| a x l           | (a-1)(l-1)      | CM3 | (CM3+CM9/CM4+CM8) | CM3/CM4           |
| Bloques/a x l   | al(r-1)         | CM4 |                   |                   |
| Genotipos (g)   | g-1             | CM5 | (CM5+CM8/CM6+CM7) | (CM5+CM8/CM6+CM7) |
| g x a           | (g-1)(a-1)      | CM6 | CM6/CM8           | CM6/CM8           |
| g x l           | (g-1)(l-1)      | CM7 | CM7/CM8           | CM7/CM8           |
| g x a x l       | (g-1)(a-1)(l-1) | CM8 | CM8/CM9           | CM8/CM9           |
| Error           | al(g-1)(b-1)    | CM9 |                   |                   |

| FV              | CM  | F calculado       |             |              |
|-----------------|-----|-------------------|-------------|--------------|
|                 |     | ALa-Fil-ALg       | Fia-ALI-Fig | ALa-Fil-Fi g |
| Años (a)        | CM1 | (CM1+CM9/CM4+CM6) | CM1/CM3     | CM1/CM4      |
| Localidades (l) | CM2 | (CM2+CM8/CM3+CM7) | CM2/CM4     | CM2/CM4      |
| a x l           | CM3 | (CM3+CM9/CM4+CM8) | CM3/CM4     | CM3/CM4      |
| Bloques/a x l   | CM4 |                   |             |              |
| Genotipos (g)   | CM5 | CM5/CM6           | CM5/CM7     | CM5/CM9      |
| g x a           | CM6 | CM6/CM9           | CM6/CM8     | CM6/CM9      |
| g x l           | CM7 | CM7/CM9           | CM7/CM9     | CM7/CM9      |
| g x a x l       | CM8 | CM8/CM9           | CM8/CM9     | CM8/CM9      |

Nota. Al = aleatorio, Fi = fijo.

Si se tienen  $p$  parentales se pueden obtener  $p/2$  combinaciones híbridas, que originan hermanos cromosómicos, así:

$(P1 \times P2) \longrightarrow (HC1)$   
 $(P2 \times P3) \longrightarrow (HC1)$   
 $(P4 \times P5) \longrightarrow (HC3)$   
 $(.. \times ..) \longrightarrow (HC..)$   
 $(.. \times ..) \longrightarrow (HC..)$   
 $(P199 \times P200) \longrightarrow (HC100)$

La información que se puede estimar a partir de este esquema está dada por la varianza entre y dentro cruzas, tal como se muestra en la Tabla 5.4

**Tabla 5.4**

ANDEVA para un Esquema de Progenies Bi-Parentales.

| <i>FV</i>        | <i>GL</i>   | <i>CM</i> | <i>CME</i>                                |
|------------------|-------------|-----------|-------------------------------------------|
| Cruzas (Cr)      | (p/2)-1     | CM1       | $\hat{\sigma}_d^2 + k\hat{\sigma}_{Cr}^2$ |
| Dentro de Cr (d) | (p/2) (k-1) | CM2       | $\hat{\sigma}_d^2$                        |
| Total            | (pk/2)-1)   |           |                                           |

Nota. p= número de parentales, k= número de plantas individuales dentro de cada craza.

A partir de la Tabla 5.4, la correlación intraclase ( $r_i$ ) está dada por:

$$r_i = \frac{\hat{\sigma}_{Cr}^2}{\hat{\sigma}_{Cr}^2 + \hat{\sigma}_d^2} = \frac{[(CM_1 - CM_2)/K]}{[(CM_1 - CM_2)/K] + CM_2}$$

Dado que cualquier componente de varianza entre grupos es igual a la covarianza de los individuos dentro de los grupos, la varianza entre cruzas ( $\sigma_{Cr}^2$ ) de la Tabla 5.4 es igual a la covarianza entre hermanos completos ( $\widehat{Cov HC}$ ). En otras palabras, cuanto más parecidos (porque la covarianza depende de la semejanza) son los individuos dentro de la progenie, cuantas más diferencias habrá entre las progenies. Entonces:

$$\begin{aligned}\sigma_{Cr}^2 &= \widehat{Cov HC} = (1/2)\sigma_A^2 + (1/4)\sigma_D^2 \\ \sigma_{Cr}^2 &= \widehat{Cov HC} = (1/2)\sigma_A^2 + (1/4)\sigma_D^2 + \sigma_F^2\end{aligned}$$

La varianza dentro de cruzas es igual a:  $\sigma_d^2 = [\sigma_G^2 - \widehat{Cov HC}] + \sigma_{de}^2$ .

Donde:  $\sigma_{de}^2$  = varianza ambiental dada dentro de las cruzas. El componente genético  $[\sigma_G^2 - \widehat{Cov HC}]$  se describe como  $\sigma_{dg}^2 = (1/2)\sigma_A^2 + (3/4)\sigma_D^2$ . Luego,  $\sigma_d^2 = (1/2)\sigma_A^2 + (3/4)\sigma_D^2 + \sigma_{de}^2$ . Este tipo de diseño de apareamiento proporciona información necesaria para determinar si la variación genética que está presente en una población es importante, pero no hay información disponible para el tipo de variación genética. El crecimiento de progenies biparentales en ensayos replicados proporciona el ANDEVA que se muestra en la Tabla 5.5 (Hallauer *et al.*, 1988).

**Tabla 5.5**

ANDEVA Para el Esquema de Progenies Bi-Parentales Replicados Dentro de Ambientes.

| FV               | GL             | CM              | CME                                                            |                                                               |
|------------------|----------------|-----------------|----------------------------------------------------------------|---------------------------------------------------------------|
|                  |                |                 | Componentes de varianza                                        | Cov de parientes                                              |
| Repeticiones (r) | r-1            |                 |                                                                |                                                               |
| Cruzas (Cr)      | (p/2)-1        | CM <sub>1</sub> | $\hat{\sigma}_d^2 + k\hat{\sigma}_F^2 + rk\hat{\sigma}_{Cr}^2$ | $\hat{\sigma}_d^2 + k\hat{\sigma}_F^2 + rk\widehat{Cov HC}$   |
| Error (e)        | (r-1)[(p/2)-1] | CM <sub>2</sub> | $\hat{\sigma}_d^2 + k\hat{\sigma}_F^2$                         | $\hat{\sigma}_d^2 + k\hat{\sigma}_F^2$                        |
| Total            | r(pk/2-1)      |                 |                                                                |                                                               |
| Dentro de Cr (d) | r(p/2)(k-1)    | CM <sub>3</sub> | $\sigma_d^2$                                                   | $\hat{\sigma}_{de}^2 + [\hat{\sigma}_G^2 - \widehat{Cov HC}]$ |

Nota: p= número de parentales, k= número de plantas individuales dentro de cada crusa.  $\hat{\sigma}_F^2$  = varianza entre repeticiones de una misma familia de HC.

El componente  $\sigma_d^2$  es la varianza media de las progenies biparentales e incluye la varianza genética ( $\sigma_{dg}^2$ ) y la varianza ambiental ( $\sigma_{de}^2$ ). La variación dentro de las cruzas es la varianza genética total ( $\sigma_G^2$ ) menos la  $\widehat{Cov HC}$ , por lo tanto,  $\sigma_G^2 - \widehat{Cov HC} = (1/2)\sigma_A^2 + (3/4)\sigma_D^2$ .

Por lo visto anteriormente, se tienen cuatro componentes desconocidos ( $\sigma_A^2$ ,  $\sigma_D^2$ ,  $\sigma_F^2$  y  $\sigma_{de}^2$ ) y solo tres CM. La  $\sigma_F^2$  puede obtenerse del ANDEVA (Tabla 5.5), así:

$$\sigma_F^2 = \frac{(CM_2 - CM_3)}{k}$$

Si se asume que  $\sigma_D^2 = 0$ , se puede determinar que:

$$\sigma_{cr}^2 = (1/2)\sigma_A^2 \therefore \sigma_A^2 = 2\sigma_{cr}^2; \sigma_{de}^2 = \sigma_d^2 - \sigma_{cr}^2 \therefore \sigma_d^2 = (1/2)\sigma_A^2 + \sigma_{de}^2$$

A partir del ANDEVA (Tabla 5.5), se obtiene la varianza aditiva ( $\sigma_A^2$ ):

$$\sigma_A^2 = \frac{2(CM_1 - CM_2)}{rk}$$

Conocidas la  $\sigma_A^2$ ,  $\sigma_F^2$  y  $\sigma_{de}^2$ , se puede determinar la heredabilidad en sentido estricto ( $h_e^2$ ), bajo la asunción de que la  $\sigma_D^2 = 0$ :

$$h_e^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_A^2 + \sigma_F^2 + \sigma_{de}^2}$$

Además, teniendo en cuenta la variación de la población bajo control genético, se puede establecer la heredabilidad en sentido amplio ( $h_a^2$ ) y en

sentido estricto ( $h_e^2$ ) con base en las medias de familias de hermanos completos (HC):

$$h_a^2 = \frac{\hat{\sigma}_{cr}^2}{\frac{\hat{\sigma}_d^2}{rk} + \frac{\sigma_F^2}{r} + \hat{\sigma}_{cr}^2}$$

$$h_e^2 = \frac{(1/2)\sigma_A^2}{\frac{\hat{\sigma}_d^2}{rk} + \frac{\sigma_F^2}{r} + \hat{\sigma}_{cr}^2}$$

Si no se toman datos de plantas individuales, la heredabilidad entre cruzamientos o entre medias de HC, es igual a:

$$h^2 = \frac{\sigma_{cr}^2}{\frac{\sigma_F^2}{r} + \hat{\sigma}_{cr}^2}$$

Con base en Knapp *et al.* (1985, 1986) se pueden calcular la varianza y la desviación estándar de la heredabilidad, y de esta manera establecer los límites de confianza de este parámetro.

A partir de:

$$\sigma_{cr}^2 = \frac{(CM_1 - CM_2)}{rk}$$

La varianza de  $\sigma_{cr}^2$  ( $\sigma_{(\sigma_{cr}^2)}^2$ ), es:

$$\sigma_{(\sigma_{cr}^2)}^2 = \frac{2}{(rk)^2} \left[ \frac{CM_1^2}{(p/2) + 1} + \frac{CM_2^2}{(r-1)(p/2) + 1} \right]$$

Si la heredabilidad ( $h^2$ ) es igual a:

$$h^2 = \frac{2\hat{\sigma}_{cr}^2}{2\hat{\sigma}_{cr}^2 + \sigma_F^2 + \hat{\sigma}_{de}^2}$$

La desviación estándar de la heredabilidad ( $\sigma_{h^2}$ ), es igual a:

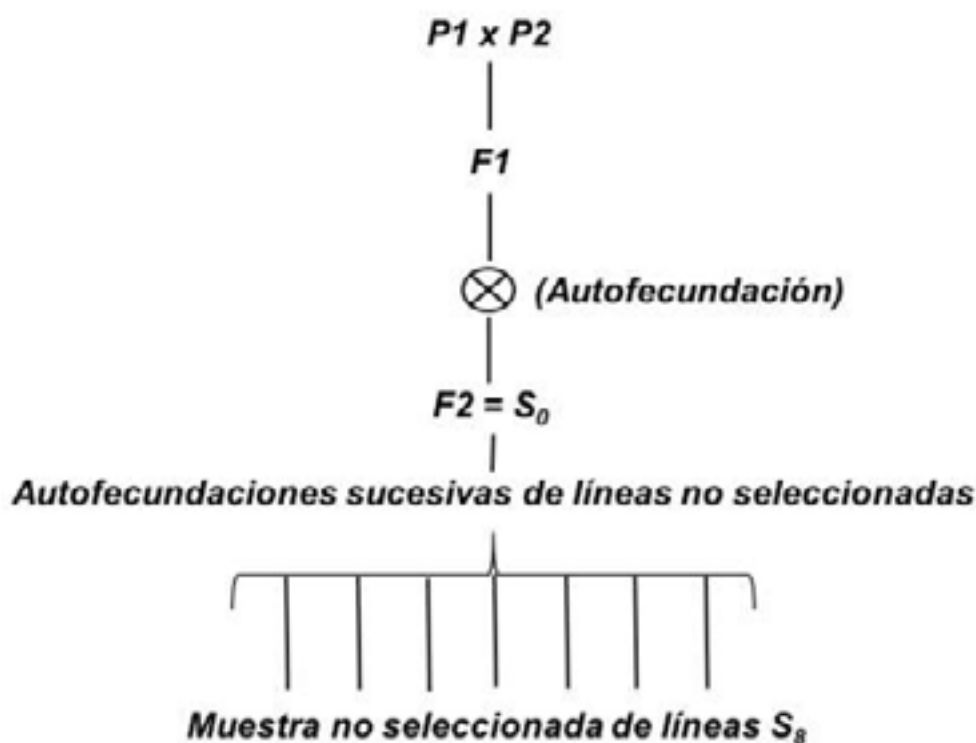
$$\sigma_{h^2} = \frac{2 \times \sqrt{\sigma_{(\sigma_{cr}^2)}^2}}{2\hat{\sigma}_{cr}^2 + \sigma_F^2 + \hat{\sigma}_{de}^2}$$



Es importante anotar que el esquema de progenies bi-parentales provee una información limitada de la importancia de la varianza genética aditiva, que no es suficiente para trazar un programa de mejoramiento a largo plazo. La información obtenida de este esquema de cruzamientos solo indica si existe suficiente variabilidad genética en la población como para garantizar un programa de selección (Hallauer *et al.*, 1988)

## Progenies de líneas puras

Aunque es un análisis para cultivos de especies autóгамas, podría aplicarse a especies alógamas. En especies autóгамas, se puede suponer que no hay dominancia, debido a que es ausente o se presenta en valores muy bajos, por lo tanto, no hay respuesta al fenómeno de heterosis. El esquema general para obtener líneas puras se muestra a continuación:



El ANDEVA para las líneas puras en una localidad y a través de localidades se muestra en la Tabla 5.6. A nivel de líneas  $S_8$ , el nivel de endocría (F) es semejante a uno, por consiguiente,  $\hat{\sigma}_g^2 = \hat{\sigma}_A^2$ .

**Tabla 5.5**

ANDEVA Para el Esquema de Progenies Bi-Parentales Replicados Dentro de Ambientes.

| <b>Una localidad</b>                           |             |           |                                                                |
|------------------------------------------------|-------------|-----------|----------------------------------------------------------------|
| <b>FV</b>                                      | <b>GL</b>   | <b>CM</b> | <b>CME</b>                                                     |
| Repeticiones (r)                               | r-1         |           |                                                                |
| Progenies (g)                                  | g-1         | CM1       | $\hat{\sigma}_e^2 + r\hat{\sigma}_g^2$                         |
| Error (e)                                      | (r-1)(g-1)  | CM2       | $\hat{\sigma}_e^2$                                             |
| <b>A través de localidades o ambientes (a)</b> |             |           |                                                                |
| <b>FV</b>                                      | <b>GL</b>   | <b>CM</b> | <b>CME</b>                                                     |
| Ambientes (a)                                  | a-1         |           |                                                                |
| Repeticiones (r)/ambiente (a)                  | a(r-1)      |           |                                                                |
| Progenies (g)                                  | g-1         | CM1       | $\hat{\sigma}_e^2 + r\hat{\sigma}_{ga}^2 + ra\hat{\sigma}_g^2$ |
| g x a                                          | (g-1)(a-1)  | CM2       | $\hat{\sigma}_e^2 + r\hat{\sigma}_{ga}^2$                      |
| Error (e)                                      | a(r-1)(g-1) | CM3       | $\hat{\sigma}_e^2$                                             |

A través de localidades, las varianzas estimadas y la heredabilidad corresponden a:

$$\hat{\sigma}_e^2 = CM_3$$

$$\hat{\sigma}_{ga}^2 = \frac{CM_2 - CM_3}{r}$$

$$\hat{\sigma}_g^2 = \frac{CM_1 - CM_2}{ra}$$

$$\hat{\sigma}_F^2 = \frac{\hat{\sigma}_e^2}{ra} + \frac{r\hat{\sigma}_{ga}^2}{a} + \hat{\sigma}_g^2; \hat{\sigma}_F^2 = \text{varianza fenotípica}$$

$$h^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_F^2}$$

La generalidad del concepto de heredabilidad es muy útil para el mejoramiento de plantas, porque es aplicable a todas las situaciones de fitomejoramiento, incluyendo la selección en poblaciones de polinización cruzada de apareamiento aleatorio, como también en la selección entre líneas autofecundadas. La generalidad de este concepto también es una debilidad, porque puede tener muchos significados genéticos diferentes, dependiendo de las circunstancias y el tipo de selección a la que se aplica (Holland *et al.*, 2010). Para el caso de las líneas puras, la heredabilidad

en sentido estricto ( $h_e^2$ ) con base en medias de progenies S7 (Hallauer *et al.*, 1988), está dada por:

$$h_e^2 = \frac{2\hat{\sigma}_A^2}{\frac{\hat{\sigma}_e^2}{ra} + \frac{r\hat{\sigma}_{ga}^2}{a} + \hat{\sigma}_g^2}$$

## Regresión padre-progenie

Este esquema, ilustrado y descrito ampliamente en Hallauer *et al.* (1988), es utilizado para hacer estimaciones de regresiones de padres e hijos mediante las siguientes alternativas: (1) método de familias de medios hermanos (FMH) que sería la regresión de la descendencia en uno de los padres; (2) método de familias de hermanos completos (FHC), que es la regresión de la descendencia en la media de dos padres; y (3) método de autofecundación ( $S_n$ ), que estima la regresión de la progenie autofecundada en los padres.

Una vez la población referencia ha sido definida se escoge al azar un número suficiente de plantas que actúan como progenitores, a partir de las cuales se obtienen las progenies. En estas plantas se evalúa la variable de interés y se procede a calcular el coeficiente de regresión ( $b$ ) (Steel & Torrie, 1985) de las mediciones en las progenies que actúan como variable dependiente ( $Y$ ) respecto a las mediciones iniciales de los progenitores que son la variable independiente ( $X$ ), por lo tanto:

$$b = \frac{Cov(X_i, Y_i)}{\sigma_{X_i}^2} = \frac{\sum (X_i - \bar{X})(Y_i - \bar{Y})}{\sum (X_i - \bar{X})^2} = \frac{\sum X_i Y_i}{\sum X_i^2} = \frac{\hat{\sigma}_{XY}}{\hat{\sigma}_{X_i}^2}$$

Donde:  $\hat{\sigma}_{XY}$  = componente genético debido a la covarianza padre-progenie [ $Cov(P, p)$ ],  $\sigma_{X_i}^2$  = varianza del carácter evaluado en los progenitores.

Si el coeficiente de endocría en la población es cero ( $F=0$ ), y de cada parental se obtienen FMH, entonces:

$$\widehat{Cov}(P, p) = \left(\frac{1}{2}\right) \hat{\sigma}_A^2 + \left(\frac{1}{4}\right) \hat{\sigma}_{AA}^2 + \left(\frac{1}{8}\right) \hat{\sigma}_{AAA}^2 + \dots$$

Si se asume ausencia de epistasis, se tiene:

$$\widehat{Cov}(P, p) = (1/2)\hat{\sigma}_A^2 \Rightarrow b = \frac{(1/2)\hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_{X_i}^2} = \frac{\hat{\sigma}_A^2}{2\hat{\sigma}_{X_i}^2}$$

La heredabilidad con base en la medición de plantas individuales en la regresión padre-progenie es igual a:

$$h^2 = 2b = \frac{\hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_{X_i}^2}$$

$$\hat{\sigma}_b^2 = \frac{\sum Y_i^2 - \frac{(\sum X_i Y_i)^2}{\sum X_i^2}}{(n-2) \sum X_i^2}$$

$$\hat{\sigma}_b^2 = \frac{\text{media de las desviaciones del cuadrado de la regresión}}{\sum X_i^2}$$

Luego, la desviación estándar de la regresión ( $\sigma_b$ ) es:

$$\sigma_b = \sqrt{\frac{\sigma_e^2}{\sum X_i^2}}$$

La desviación estándar de la heredabilidad estimada sobre la base de plantas individuales ( $\sigma_{h^2}$ ), es igual a  $2\sigma_b$ .

Cuando se producen FHC, semejante al esquema de obtención de progenies biparentales, se evalúa la progenie del cruzamiento de dos individuos. En especies dioicas, se escogen en forma aleatoria plantas que serán usadas solo como machos o hembras. En esta ocasión, la regresión se produce entre los promedios de los dos parentales ( $X_i$ ) y sus descendencias ( $Y_i$ ), por lo tanto, se tiene:

$$X_i = \frac{P_1 + P_2}{2}$$

La regresión padre-progenie ( $\widehat{Cov}(P, p)$ ), es:

$$\widehat{Cov}(P, p) = \frac{\hat{\sigma}_{XY}}{\hat{\sigma}_{X_i}^2}$$

Si se asume que  $\hat{\sigma}_{P_1}^2 = \hat{\sigma}_{P_2}^2$ , y que  $P_1$  y  $P_2$  no están correlacionados, la varianza de los parentales ( $\hat{\sigma}_P^2$ ) será igual a:

$$\hat{\sigma}_P^2 = (1/4)\hat{\sigma}_{P_1}^2 + (1/4)\hat{\sigma}_{P_2}^2 = (1/2)\hat{\sigma}_X^2$$

De ahí que:

$$b = \frac{(1/2)\sigma_A^2}{(1/2)\hat{\sigma}_X^2} = \frac{\sigma_A^2}{\hat{\sigma}_X^2} = h^2$$

En la evaluación de FHC, con un número constante de progenies ( $p_r$ ) deben evaluarse dos progenitores ( $p=2p_r$ ) y en las FMH  $p=p_r$ .

En el caso de las autofecundaciones, se eligen plantas al azar, se evalúan y se autofecundan. En este caso, se tendría la progenie  $S_1$  a partir a  $S_0$ , y se tendría el análisis de regresión de las progenies  $S_1$  en función de la generación  $S_0$ , la cual suministra un estimado de:

$$\widehat{Cov}(P, p) = \widehat{Cov}(S_1/S_0) = \sigma_A^2 + (1/2)\sigma_D^2 + \sigma_{AA}^2; (p = q = 0,5)$$

La  $\widehat{Cov}(S_1/S_0)$  incluye dominancia y epistasis de tipo dominancia además de epistasis de tipo aditivo aditivo, de ahí que se estima la heredabilidad en sentido amplío, así;

$$h^2 = \frac{\widehat{Cov}(S_1/S_0)}{\hat{\sigma}_X^2}$$

Donde:  $\hat{\sigma}_X^2$  = varianza fenotípica entre plantas  $S_0$ .

Esta sería una estimación conservadora de la heredabilidad, porque la varianza de la población  $S_0$  incluiría toda la variabilidad genética ( $\sigma_A^2 + \sigma_D^2 + \sigma_{AA}^2 + \dots$ ), mientras que la  $\widehat{Cov}(P, p)$  incluye solo la mitad de la varianza de dominancia y fracciones de fuentes epistáticas de variación, si se asumen efectos de interacción alélica (dominancia).

La descendencia del esquema padre-progenie bajo el modelo de regresión en función de las medias de los parentales se puede analizar como se muestra en la Tabla 5.5, bajo los modelos fijo o aleatorio. Si se

tienen dos ecuaciones se puede estimar la varianza de los efectos de dominancia, así:

$$\begin{aligned}\widehat{Cov}(FMH) &= \left(\frac{1}{2}\right)\hat{\sigma}_A^2 + \left(\frac{1}{4}\right)\hat{\sigma}_D^2 \\ \widehat{Cov}(P, p) &= (1/2)\sigma_A^2 \text{ (sin epistasis)} \\ 4\left(\widehat{Cov}(FMH) - \widehat{Cov}(P, p)\right) &= \hat{\sigma}_D^2\end{aligned}$$

Hallauer *et al.* (1988) amplían la explicación de estimaciones de algunos tipos de epistasis aditiva por aditiva, cuando se tiene la evaluación de plantas individuales que produce tres ecuaciones.

Los dos métodos comúnmente utilizados para estimar la heredabilidad mediante el uso del padre regresión de la descendencia ( $2b = h^2$  y  $b = \hat{h}^2$ ) son válidos cuando los padres no son endocriados ( $F=0$ ), y cuando se tiene una población proveniente de apareamiento aleatoria. Si los padres son consanguíneos o parientes, Smith & Kinman (1965) demostraron que la endogamia provocará un sesgo por arriba en la estimación de la heredabilidad. El sesgo no es tan severo para poblaciones bisexuales, pero se vuelve más importante en poblaciones autógamas. En términos generales, el estimador correcto es:

$$h^2 = \frac{b}{2r_{(XY)}}$$

Donde:  $r_{(XY)}$  = relación entre el padre **Y** y su descendencia **X** o probabilidad de que un gen en un locus específico en **X** es idéntico por descendencia a un gen aleatorio en el mismo locus en **Y** (Malécot, 1969).

Smith & Kinman (1965) indican que el estimador de heredabilidad antes descrito proporciona un ajuste automático para el sistema de apareamiento (bisexual o autopolinización) y para el grado conocido de consanguinidad o parentesco de los padres. También parece ser consistente con la expectativa del componente aditivo de la covarianza genotípica entre el progenitor y la descendencia. En la medida en que la dominancia está presente, su efecto es hacia una sobreestimación de la heredabilidad.

Smith & Kinman (1965) establecieron los coeficientes de estimadores de filiación ( $r_{xy}$ ) y heredabilidad para varias relaciones entre padres e hijos bajo continua autofecundación, los que se describen a continuación:

| <i>Generación padre-progenie</i> | $r_{xy}$ | $h^2 = \frac{b}{2r_{(XY)}}$ |
|----------------------------------|----------|-----------------------------|
| F1, F2                           | 1/2      | $b(F2, F1)$                 |
| F2, F3                           | 3/4      | $(2/3)b(F3, F2)$            |
| F3, F4                           | 7/8      | $(4/7)b(F4, F3)$            |
| F4, F5                           | 15/16    | $(8/15)b(F5, F4)$           |
| F5, F6                           | 31/32    | $(16/31)b(F6, F5)$          |

$F_Y$  es el nivel de endocría de  $Y$ , donde  $F_Y = p(\text{gen a} = \text{gen b})$ . Si  $Y$  es homocigoto debido a la endogamia, entonces  $a = b$  y  $r_{xy} = 1$ . Por lo tanto, los valores límite de la relación genética de  $X$  e  $Y$  en una población autofecundada se convierten en uno (1) cuando  $Y$  no es consanguíneo y dos (2) cuando  $Y$  es completamente consanguíneo. Para el caso más general, donde el padre  $Y$  es parcialmente endogámico,  $r_{(XY)} = (1/2)(1 + F_Y)$ . Esto, por supuesto, genera los mismos resultados para los casos limitantes como lo hace el más básico: argumento presentado anteriormente.

La característica del estimador  $h^2 = b/2r_{(XY)}$  es que se convierte en más conservador a medida que avanza la consanguinidad. También es apropiado para ser utilizado en poblaciones diploides bisexuales. Para tales poblaciones, sin embargo,  $r_{XY}$  depende tanto del grado de consanguinidad de  $Y$  ( $F_Y$ ) como del grado de relación entre los dos padres,  $r_{YZ}$ . En este caso:  $r_{XY} = (1/2)(r_{YY} + r_{YZ})$  y  $2r_{XY} = (1/2) + (1/2)F_Y + r_{YZ}$ .

Para una situación bisexual diploide, de apareamiento aleatorio (en cuyo caso se supone que los padres no son parientes y tampoco consanguíneos)  $2r_{XY} = (1/2)$ . Si los padres son homocigotos idénticos en el sentido de que tanto  $F_Y$  como  $r_{YZ}$  son iguales a uno (1), el valor límite es el mismo que para una población autofecundada, donde  $2r_{XY} = 2$ . Este argumento parece ser fácilmente extensible a anfidiplóides o autopoliploides que sufren cualquier tipo regular de segregación cromosómica (Smith & Kinman, 1965).

## Diseños jerarquizados de autofecundación

Por ser importante para el mejoramiento de plantas autógamas, a continuación, se describe el método de diseños jerarquizados de autofecundación, con base en las notas de clase de Ceballos (1997).

“Los estudios de genética cuantitativa en especies autógamas, particularmente para aquellas en las que cada polinización produce una o pocas semillas, se ven afectados por esta complicación en la producción de los materiales experimentales necesarios. Los diseños jerarquizados por autofecundación permiten superar este tipo de limitante. Se parte de una cruce entre dos líneas puras (homocigotas). La F2 de dicha cruce, por definición, tendrá frecuencias génicas para cada alelo en cada locus de  $p=q=0,5$ . Como se verá, esta es una condición indispensable para que este tipo de estudio sea válido. A partir de esta F2, se eligen al azar un determinado número de plantas ( $n_2$ ), de las que se tomarán semillas al momento de la cosecha. Se debe tener cuidado de garantizar que la semilla cosechada provenga efectivamente de una autofecundación, por lo que conviene tomar medidas al respecto. Son muchos los estudios que demuestran que, aún en especies estrictamente autógamas, ocurre polinización cruzada (a veces en porcentajes tan altos como el 20-30%), dependiendo de las condiciones ambientales, de los materiales considerados, y de su distribución en el campo.

El siguiente ciclo se siembran las  $n_2$  familias F3, y de cada una de ellas se eligen al azar  $n_3$  plantas dentro de cada familia, de las que también se obtiene semilla. En este ciclo, por lo tanto, se obtiene semilla de  $n_2 \times n_3$  plantas. De igual forma se continúa el siguiente ciclo. Se siembran las  $n_2 \times n_3$  familias F4 y de cada una de ellas se elegirán  $n_4$  plantas de las que se cosecha semilla. Este proceso puede continuar con otros ciclos de autofecundación, pero por razones prácticas, no más allá de uno o dos ciclos adicionales.

Una vez obtenida la semilla de la última generación de autofecundación deseada se siembra en un ensayo de evaluación con repeticiones y, eventualmente, en más de una localidad. Las plantas sembradas son F5 y representan cada una de las  $n_2 \times n_3 \times n_4$  plantas F4.

En la Tabla 5.6 se presenta el ANDEVA para este tipo de diseño. Si la observación  $Y_{ijkl}$  corresponde al genotipo derivado de la  $i$ -ésima planta F2,  $j$ -ésima planta F3 y  $k$ -ésima planta F4, cuando es evaluada en la repetición  $l$ -ésima, las sumas de cuadrado (SC), serán:



**Factor de corrección (FC)**

$$FC = \frac{(\Sigma Y_{...})^2}{rn_2n_3n_4}$$

**SC repeticiones (SCr)**

$$SCr = \frac{\Sigma(Y_{...l})^2}{n_2n_3n_4} - FC$$

**SC entre F2 (SCF2)**

$$SC_{F2} = \frac{\Sigma(Y_{i...})^2}{rn_3n_4} - FC$$

**SC entre F3 / dentro F2 (SCF3/F2)**

$$SC_{F3/F2} = \frac{\Sigma(Y_{ij..})^2}{rn_4} - \frac{\Sigma(Y_{i...})^2}{rn_3n_4}$$

**SC entre F4 / dentro F3 (SCF4/F3)**

$$SC_{F4/F3} = \frac{\Sigma(Y_{ijk.})^2}{r} - \frac{\Sigma(Y_{ij..})^2}{rn_4}$$

**Tabla 5.6**

ANDEVA para un diseño jerarquizado de autofecundaciones.

| <b>FV</b>      | <b>GL</b>                                               | <b>CM</b> | <b>CME</b>                                                                     |
|----------------|---------------------------------------------------------|-----------|--------------------------------------------------------------------------------|
| Repetición (r) | r-1                                                     | CM5       |                                                                                |
| Entre F2       | n <sub>2</sub> -1                                       | CM4       | $\sigma_e^2 + r\sigma_{F4/F3}^2 + rn_4\sigma_{F3/F2}^2 + rn_4n_3\sigma_{F2}^2$ |
| Entre F3/F2    | n <sub>2</sub> (n <sub>3</sub> -1)                      | CM3       | $\sigma_e^2 + r\sigma_{F4/F3}^2 + rn_4\sigma_{F3/F2}^2$                        |
| Entre F4/F3    | n <sub>2</sub> n <sub>3</sub> (n <sub>4</sub> -1)       | CM2       | $\sigma_e^2 + r\sigma_{F4/F3}^2$                                               |
| Error          | (r-1) (n <sub>2</sub> n <sub>3</sub> n <sub>4</sub> -1) | CM2       | $\sigma_e^2$                                                                   |
| Total          | rn <sub>2</sub> n <sub>3</sub> n <sub>4</sub> -1        |           |                                                                                |

En la covarianza entre materiales genéticos emparentados a nivel de las plantas F2 se evalúa una covarianza **C033**. En el siguiente cuadro se muestran valores de t, g, g|, correspondientes a distintas generaciones de endocría.

| <b>Generación</b>                 | <b>Valores de t, g, o g </b> | <b>Valores de F</b>    |
|-----------------------------------|------------------------------|------------------------|
| F <sub>2</sub> - S <sub>0</sub>   | 0                            | 0                      |
| F <sub>3</sub> - S <sub>1</sub>   | 1                            | 1/2                    |
| F <sub>4</sub> - S <sub>2</sub>   | 2                            | 3/4                    |
| F <sub>5</sub> - S <sub>3</sub>   | 3                            | 7/8                    |
| F <sub>6</sub> - S <sub>4</sub>   | 4                            | 15/16                  |
| ....                              | .                            | ...                    |
| F <sub>n</sub> - S <sub>n-2</sub> | n-2                          | 1-(1/2) <sup>n-2</sup> |

Para una F2, se tiene que  $t=0$ , entonces  $F_t = 0$ . Para una F5, los  $g$  y  $g^l = 3$ , entonces  $F_g = F_{g^l} = 7/8$ . Luego:

$$\alpha = (1 + Ft) = (1 + 0) = 1$$

$$\delta = \left[ \frac{1 + Ft}{1 - Ft} \right] (1 - F_g)(1 - F_{g^l}) = \left[ \frac{(1 + 0)}{(1 - 0)} \right] (1 - 7/8)(1 - 7/8) = 1/64$$

Por lo que, ignorando efectos epistáticos,  $C033 = 1\sigma_A^2 + (1/64)\sigma_D^2$

En el caso de la covarianza entre materiales genéticos emparentados a nivel de las plantas F3 se evalúa una covarianza **C133**. Esto significa la relación entre plantas evaluadas a nivel F5 ( $g = g^l = 3$ ) y cuya relación de parentesco puede rastrearse hasta un ancestro común en la F3 ( $t=1$ ). Acorde con el cuadro antes descrito, se tiene que para  $t = 1$ ,  $F_t = 1/2$ , y que para  $g$  y  $g^l = 3$ , es decir F5, donde  $F_g = F_{g^l} = 7/8$ . Por lo que:

$$\alpha = (1 + Ft) = (1 + 1/2) = 3/2$$

$$\delta = \left[ \frac{1 + Ft}{1 - Ft} \right] (1 - F_g)(1 - F_{g^l}) = \left[ \frac{(1 + 1/2)}{(1 - 1/2)} \right] (1 - 7/8)(1 - 7/8) = 3/64$$

Ignorando efectos epistáticos,  $C133 = (3/2)\sigma_A^2 + (3/64)\sigma_D^2$

La covarianza entre materiales genéticos emparentados a nivel de las plantas F4, corresponde a **C233**, es decir, la relación entre plantas evaluadas a nivel F5 ( $g = g^l = 3$ ) y cuyo parentesco puede rastrearse hasta un ancestro común en la F4 ( $t=2$ ), donde  $t=2$ ,  $F_t = 3/4$ ,  $F_g = F_{g^l} = 7/8$ . Por lo que:

$$\alpha = (1 + Ft) = (1 + 3/4) = 7/4$$

$$\delta = \left[ \frac{1 + Ft}{1 - Ft} \right] (1 - F_g)(1 - F_{g^l}) = \left[ \frac{(1 + 3/4)}{(1 - 3/4)} \right] (1 - 7/8)(1 - 7/8) = 7/64$$

Sin efectos epistáticos,  $C233 = (7/4)\sigma_A^2 + (7/64)\sigma_D^2$

En seguida, se describe la relación entre estas covarianzas y los valores presentados en la Tabla 5.6:

$$\sigma_{F2}^2 = \frac{(CM_4 - CM_3)}{rn_4n_3} = C033 = 1\sigma_A^2 + (1/64)\sigma_D^2$$

$$\begin{aligned}\sigma_{F3/F2}^2 &= \frac{(CM_3 - CM_2)}{rn_4} = C133 - C033 \\ &= [(3/2)\sigma_A^2 + (3/64)\sigma_D^2] - [1\sigma_A^2 + (1/64)\sigma_D^2] \\ &= (1/2)\sigma_A^2 + (2/64)\sigma_D^2\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}\sigma_{F4/F3}^2 &= \frac{(CM_2 - CM_1)}{r} = C233 - C133 \\ &= [(7/4)\sigma_A^2 + (7/64)\sigma_D^2] - [(3/2)\sigma_A^2 + (3/64)\sigma_D^2] \\ &= (1/4)\sigma_A^2 + (4/64)\sigma_D^2\end{aligned}$$

Se cuenta con tres ecuaciones y dos incógnitas, por lo que fácilmente se pueden obtener los valores de varianza aditiva y de dominancia en la población de referencia, que en este caso en particular es la F2 originada en el cruzamiento de las dos líneas puras y a partir de la cual se obtuvieron las plantas F5 finalmente evaluadas en el estudio”.

## Cruzamientos Dialélicos (Dialelos)

Como se mencionó en el Capítulo 2, en 1949, Sprague & Tatum definieron los términos aptitud combinatoria general (ACG) y aptitud combinatoria específica (ACE). La ACG mide el comportamiento promedio de un parental a través de los cruzamientos en los que participa y estima los efectos aditivos, mientras que la ACE mide el comportamiento de combinaciones híbridas que son mejores o peores de lo que se podría esperar con base en el comportamiento de los parentales, y estima los efectos de dominancia.

La aptitud combinatoria de una línea o un genotipo evaluado en cruzamiento *topcross* o *testcross*, con un probador común, refleja su valor genético relativo intrínseco. De esta manera, se espera que genotipos con mayores valores de aptitud combinatoria sean componentes de cruzamientos superiores. Esta superioridad es debida al valor genético de cada una de las líneas o genotipos del cruzamiento, y no es posible hacer inferencias sobre la interacción de los valores genéticos del híbrido. Esta interacción puede ser cuantificada cuando se dispone de información sobre híbridos específicos. Cuando se realizan todos los cruzamientos de *p* parentales (líneas o genotipos), el esquema es denominado cruzamiento dialélico (Miranda Filho & Gorgulho, 2001). En este sentido, los términos de ACG y ACE estiman el comportamiento genético de un genotipo per se y de un híbrido en particular, respectivamente.

Griffing (1956) indica que los cruzamientos dialélicos son aquellos en los cuales un grupo escogido de  $p$  parentales son cruzados entre ellos. Este procedimiento da como resultado  $p^2$  combinaciones. Estas  $p^2$  combinaciones pueden dividirse en tres grupos, los cuales se esquematizan en la Figura 5.1. El grupo de los  $p$  parentales parentales que se ubican en la diagonal de la tabla dialélica (Figura 5.1), el grupo de cruza llamadas directas que se ubican encima de la diagonal de los  $p$  y corresponden a  $\left[\frac{1}{2}p(p-1)\right] F1's$ , y el grupo  $\left[\frac{1}{2}p(p-1)\right] F1's$ , llamadas cruza recíprocas ubicadas debajo de la diagonal de los  $p$ .

Teniendo en cuenta los grupos descritos en la Figura 5.1, Griffing (1956) propuso cuatro métodos experimentales (Figura 5.2) bajo los modelos tipo I (fijo) o tipo II (aleatorio). Esto genera ocho tipos de análisis genético, que pueden ejecutarse de acuerdo con los objetivos del programa de fitomejoramiento y con los recursos disponibles para la investigación. En el modelo fijo o tipo I se plantean hipótesis relacionadas con los parámetros de la media la ACG, la ACE y la heterosis. En el modelo aleatorio o tipo II se plantean hipótesis para los componentes de varianza y los parámetros de heredabilidad en sentido amplio o en sentido estricto.

|        | Padres |       |       |       |       |
|--------|--------|-------|-------|-------|-------|
| Madres | P1     | P2    | P3    | P4    | P5    |
| P1     | P1xP1  | P1xP2 | P1xP3 | P1xP4 | P1xP5 |
| P2     | P2xP1  | P2xP2 | P2xP3 | P2xP4 | P2xP5 |
| P3     | P3xP1  | P3xP2 | P3xP3 | P3xP4 | P3xP5 |
| P4     | P4xP1  | P4xP2 | P4xP3 | P4xP4 | P4xP5 |
| P5     | P5xP1  | P5xP2 | P5xP3 | P5xP4 | P5xP5 |

**Figura 5.1.** Esquema de un Cruzamiento Dialélico que Involucra Cinco Parentales ( $P$ ) y Produce  $P^2$  Combinaciones.

Los cuatro métodos de análisis genético (Figura 5.2) se describen a continuación:

**Método 1**

Se evalúan padres, cruzamientos directos y cruzamientos recíprocos, con  $p^2$  combinaciones.

**Método 2**

Se evalúan padres y cruzaas directas, pero no las recíprocas con  $[1/2 p(p + 1)]$  combinaciones.

**Método 3**

Se evalúan cruzaas directas y cruzaas recíprocas, pero no los padres, con  $[p(p - 1)]$  combinaciones

**Método 4**

Solamente se evalúan las cruzaas directas que constituyen  $[1/2 p(p - 1)]$  combinaciones. No se incluyen las cruzaas recíprocas, ni los padres.

| Método 1 |       |       |       |       |       | Método 2 |       |       |       |       |       |
|----------|-------|-------|-------|-------|-------|----------|-------|-------|-------|-------|-------|
| Padres   |       |       |       |       |       | Padres   |       |       |       |       |       |
| Madres   | P1    | P2    | P3    | P4    | P5    | Madres   | P1    | P2    | P3    | P4    | P5    |
| P1       | P1xP1 | P1xP2 | P1xP3 | P1xP4 | P1xP5 | P1       | P1xP1 | P1xP2 | P1xP3 | P1xP4 | P1xP5 |
| P2       | P2xP1 | P2xP2 | P2xP3 | P2xP4 | P2xP5 | P2       |       | P2xP2 | P2xP3 | P2xP4 | P2xP5 |
| P3       | P3xP1 | P3xP2 | P3xP3 | P3xP4 | P3xP5 | P3       |       |       | P3xP3 | P3xP4 | P3xP5 |
| P4       | P4xP1 | P4xP2 | P4xP3 | P4xP4 | P4xP5 | P4       |       |       |       | P4xP4 | P4xP5 |
| P5       | P5xP1 | P5xP2 | P5xP3 | P5xP4 | P5xP5 | P5       |       |       |       |       | P5xP5 |

| Método 3 |       |       |       |       |       | Método 4 |    |       |       |       |       |
|----------|-------|-------|-------|-------|-------|----------|----|-------|-------|-------|-------|
| Padres   |       |       |       |       |       | Padres   |    |       |       |       |       |
| Madres   | P1    | P2    | P3    | P4    | P5    | Madres   | P1 | P2    | P3    | P4    | P5    |
| P1       |       | P1xP2 | P1xP3 | P1xP4 | P1xP5 | P1       |    | P1xP2 | P1xP3 | P1xP4 | P1xP5 |
| P2       | P2xP1 |       | P2xP3 | P2xP4 | P2xP5 | P2       |    |       | P2xP3 | P2xP4 | P2xP5 |
| P3       | P3xP1 | P3xP2 |       | P3xP4 | P3xP5 | P3       |    |       |       | P3xP4 | P3xP5 |
| P4       | P4xP1 | P4xP2 | P4xP3 |       | P4xP5 | P4       |    |       |       |       | P4xP5 |
| P5       | P5xP1 | P5xP2 | P5xP3 | P5xP4 |       | P5       |    |       |       |       |       |

**Figura 5.2.** Métodos de Cruzamientos Dialélicos de Griffing (1956) con Cinco Parentales (P). Método 1 ( $p^2$  Combinaciones), Método 2 ( $[1/2 p(p + 1)]$  Combinaciones), Método 3 ( $[p(p - 1)]$  Combinaciones) y Método 4 ( $[1/2 p(p - 1)]$  Combinaciones).

A continuación, se hará énfasis en el análisis estadístico del método 4 de Griffing (1956) utilizado para determinar los parámetros genéticos de 9 LDH de uchuva (*Physalis peruviana* L.), el cual ya fue descrito bajo el modelo tipo II en el capítulo dos. El método 4 sería adecuado para

aplicarse en programas de mejoramiento genético como el lulo (*Solanum quitoense* Lam.), tomate de árbol (*Solanum betaceum* Cav.), entre otros, donde el área experimental puede llegar a ser de gran magnitud, debido al número de materiales genéticos evaluados, a las densidades y distancias de siembra.

### **Método 4 de Griffing (1956) ([1/2 p(p-1)] Combinaciones)**

El método 4 de Griffing (1956) se caracteriza porque ha sido comúnmente usado en otras especies. Cuando se pueden hacer asunciones válidas sobre la naturaleza de muestreo de un grupo de líneas es posible dar una interpretación genética exacta de las varianzas de ACG y ACE. Generalmente los efectos genéticos recíprocos no son importantes, por lo tanto, sería suficiente evaluar los cruzamientos directos. En el tema de heredabilidad del capítulo 2 se desarrolló el análisis estadístico del método 4 bajo el modelo tipo II (aleatorio), y en las Tablas 2.10 y 2.11 se observan los grados de libertad (GL) de las diferentes fuentes de variación y los cuadrados medios esperados (CME) para los componentes cruza, ACG y ACE, tanto para una sola localidad como a través de ellas o distintos ambientes.

Para un grupo fijo de materiales genéticos en una localidad, cuyo modelo (Miranda Filho & Gorgulho, 2001) es:

$$Y_{ijkl} = \mu + g_i + g_j + S_{ij} + e_{ij}$$

Dónde:  $\mu$  = media general del experimento,  $g_i, g_j$  = efectos de ACG de los padres i-ésimo y j-ésimo,  $S_{ij}$  = efecto de ACE para la combinación híbrida de la crusa entre los padres i-ésimo y j-ésimo,  $e_{ij}$  = error residual.

En un experimento con repeticiones en un solo ambiente, el modelo es:

$$Y_{ijkl} = \mu + g_i + g_j + S_{ij} + b_k + (gb)_{ijk} + \left(\frac{1}{rn}\right) \Sigma \Sigma e_{ijkl}$$

Dónde:  $\mu$  = media general del experimento,  $g_i, g_j$  = efectos de ACG de los padres i-ésimo y j-ésimo,  $S_{ij}$  = efecto de ACE para la combinación híbrida de la crusa entre los padres i-ésimo y j-ésimo.  $b_k$  = efecto del bloque k,  $(gb)_{ijk}$  = interacción entre el genotipo ij y el bloque k,  $e_{ijkl}$  = efecto microambiental (error residual) de la observación (planta individual)

$ijkl$ ,  $r$  = número de repeticiones o bloques,  $n$  = número de plantas evaluadas ( $l$ ) dentro de la parcela experimental, cuando se toman datos de plantas individuales.

El modelo para exiperimentos realizados en más de un ambiente, es:

$$Y_{ijkl} = \mu + a_m + b_k(a_m) + g_i + g_j + S_{ij} + (g \times a)_{im} + (g \times a)_{jm} + (S \times a)_{ijm} + (1/rmn)\Sigma\Sigma e_{ijklm}$$

Dónde:  $a_m$  = efectos del ambiente  $m$ -ésimo,  $S_{ij}$  = efecto de ACE para la combinación híbrida de la cruza entre los padres  $i$ -ésimo y  $j$ -ésimo.  $b_k(a_m)$  = efecto del bloque  $k$ -ésimo dentro del ambiente  $m$ -ésimo,  $(g \times a)_{im}$ ,  $(g \times a)_{jm}$  = interacción ACG de los  $i$ ,  $j$ -ésimos genotipo por el ambiente  $m$ -ésimo,  $(S \times a)_{ijm}$  = interacción de la ACE de la cruza  $ij$ -ésima por el ambiente  $m$ -ésimo,  $e_{ijklm}$  = error experimental (sí se evalúan plantas individuales)

En la Tabla 2.16 se presentan los cuadrados del ANDEVA para siete variables de 36 híbridos provenientes de un dialélico entre nueve líneas doble haploides (LDH) de uchuva (*Physalis peruviana* L.) evaluado por el método 4 Griffing (1956) en cuatro localidades del departamento de Nariño. Por ser la variable más importante para los ingresos de los agricultores, se analizará el rendimiento (RTO) en t/ha de fruto. Se puede observar que hay diferencias significativas entre cruza, por lo tanto, es posible estudiar los efectos de ACG y ACE. Solo los efectos de ACG son significativos, de ahí que los efectos aditivos son los que definen la expresión del RTO en este grupo de LDH de uchuva.

Los efectos de ACE no son significativos, por lo tanto, los efectos aditivos son más importantes que los efectos de dominancia en la expresión del RTO, lo cual orienta al fitomejorador a la explotación de esta población para obtener variedades, entendiendo que no puede explotarse la heterosis debido a la ausencia de dominancia.

Con base en la Tabla 2.15, a continuación, se calculan los efectos de ACG para cada LDH ( $g_i$ ) a través de los ambientes, así:

$$g_i = \frac{[(p \times C_{i...}) - (2 \times T_{...})]}{r \times a \times p \times (p - 2)}; \text{ donde } \Sigma g_i = 0$$

$$g_1 = \frac{[(9 \times 2241,0) - (2 \times 9654,12)]}{4 \times 4 \times 9 \times (9 - 2)} = 0,85^*$$

$$g_2 = \frac{[(9 \times 2173,13) - (2 \times 9654,12)]}{4 \times 4 \times 9 \times (9 - 2)} = 0,25^{ns}$$

$$g_3 = \frac{[(9 \times 1975,47) - (2 \times 9654,12)]}{4 \times 4 \times 9 \times (9 - 2)} = -1,52^*$$

$$g_4 = \frac{[(9 \times 2180,85) - (2 \times 9654,12)]}{4 \times 4 \times 9 \times (9 - 2)} = 0,32^*$$

$$g_5 = \frac{[(9 \times 2193) - (2 \times 9654,12)]}{4 \times 4 \times 9 \times (9 - 2)} = 0,43^*$$

$$g_6 = \frac{[(9 \times 2208,92) - (2 \times 9654,12)]}{4 \times 4 \times 9 \times (9 - 2)} = 0,57^*$$

$$g_7 = \frac{[(9 \times 2190,21) - (2 \times 9654,12)]}{4 \times 4 \times 9 \times (9 - 2)} = 0,40^*$$

$$g_8 = \frac{[(9 \times 2063,25) - (2 \times 9654,12)]}{4 \times 4 \times 9 \times (9 - 2)} = -0,73^*$$

$$g_9 = \frac{[(9 \times 2082,4) - (2 \times 9654,12)]}{4 \times 4 \times 9 \times (9 - 2)} = -0,56^*$$

$$\Sigma g_i = 0,85 + 0,25 + \dots + (-0,56) = 0$$

Las varianzas de parámetros de estas estimaciones, con el fin de probar las diferentes hipótesis, son:

$$\sigma_{(g_i)}^2 = \frac{(p-1)\sigma_e^2}{r \times a \times p \times (p-2)} = \frac{(9-1) \times 3,07}{4 \times 4 \times 9 \times (9-2)} = 0,024$$

$$\sigma_{(g_i-g_j)}^2 = \frac{2\sigma_e^2}{r \times a \times (p-2)} = \frac{2 \times 3,07}{4 \times 4 \times (9-2)} = 0,055$$

Donde:  $\sigma_e^2 = 3,07 = \text{CMe}$  (Tabla 2.16).

Según los resultados obtenidos, como se dijo anteriormente, es posible explotar los efectos aditivos para un programa de producción de variedades con base en las LDH uno, seis, cinco y siete que obtuvieron los



valores más altos de ACG (entre 0,40 y 0,85) y significativamente distintos de cero (\*). Se destaca la LDH uno, que presentó el máximo valor.

En el caso de que los cuadrados medios de ACE fueran significativos, los efectos de este parámetro en cada craza a través de los ambientes se calculan de la siguiente manera:

$$S_{ij} = \left[ \frac{C_{ij.}}{r \times a} \right] - \left[ \frac{C_{i..} + C_{.j.}}{r \times a \times (p - 2)} \right] + \left[ \frac{(2 \times T_{...})}{r \times a \times (p - 1) \times (p - 2)} \right]; \text{ donde } \sum S_{i.} = 0$$

Ejemplo, las ACE para las cruza con el padre 1, corresponden a:

$$S_{12} = \left[ \frac{269,42}{4 \times 4} \right] - \left[ \frac{(2241,0 + 2173,13)}{4 \times 4 \times (9 - 2)} \right] + \left[ \frac{(2 \times 9654,12)}{4 \times 4 \times (9 - 1) \times (9 - 2)} \right] = -1,02$$

$$S_{13} = \left[ \frac{264,12}{4 \times 4} \right] - \left[ \frac{(2241,0 + 1975,47)}{4 \times 4 \times (9 - 2)} \right] + \left[ \frac{(2 \times 9654,12)}{4 \times 4 \times (9 - 1) \times (9 - 2)} \right] = 0,41$$

$$S_{14} = \left[ \frac{282,78}{4 \times 4} \right] - \left[ \frac{(2241,0 + 2180,85)}{4 \times 4 \times (9 - 2)} \right] + \left[ \frac{(2 \times 9654,12)}{4 \times 4 \times (9 - 1) \times (9 - 2)} \right] = -0,26$$

$$S_{15} = \left[ \frac{259,53}{4 \times 4} \right] - \left[ \frac{(2241,0 + 2193,0)}{4 \times 4 \times (9 - 2)} \right] + \left[ \frac{(2 \times 9654,12)}{4 \times 4 \times (9 - 1) \times (9 - 2)} \right] = -1,82$$

$$S_{16} = \left[ \frac{309,64}{4 \times 4} \right] - \left[ \frac{(2241,0 + 2208,92)}{4 \times 4 \times (9 - 2)} \right] + \left[ \frac{(2 \times 9654,12)}{4 \times 4 \times (9 - 1) \times (9 - 2)} \right] = 1,17$$

$$S_{17} = \left[ \frac{293,97}{4 \times 4} \right] - \left[ \frac{(2241,0 + 2190,21)}{4 \times 4 \times (9 - 2)} \right] + \left[ \frac{(2 \times 9654,12)}{4 \times 4 \times (9 - 1) \times (9 - 2)} \right] = 0,36$$

$$S_{18} = \left[ \frac{262,48}{4 \times 4} \right] - \left[ \frac{(2241,0 + 2063,25)}{4 \times 4 \times (9 - 2)} \right] + \left[ \frac{(2 \times 9654,12)}{4 \times 4 \times (9 - 1) \times (9 - 2)} \right] = -0,48$$

$$S_{19} = \left[ \frac{299,06}{4 \times 4} \right] - \left[ \frac{(2241,0 + 2082,40)}{4 \times 4 \times (9 - 2)} \right] + \left[ \frac{(2 \times 9654,12)}{4 \times 4 \times (9 - 1) \times (9 - 2)} \right] = 1,64$$

$$\sum S_{1.} = (-1,02) + 0,41 + \dots + 1,64 = 0$$

De esta forma se calculan las ACE para el resto de las cruza. Las varianzas para probar las hipótesis de estimaciones de ACE, son las siguientes:

$$\sigma_{(S_{ij})}^2 = \frac{(p - 3)\sigma_e^2}{r \times a \times (p - 1)} = \frac{(9 - 3) \times 3,07}{4 \times 4 \times (9 - 1)} = 0,14$$

$$\sigma_{(S_{ij}-S_{ik})}^2 = \frac{2 \times (p-3) \times \sigma_e^2}{r \times a \times (p-2)} = \frac{2 \times (9-3) \times 3,07}{4 \times 4 \times (9-2)} = \mathbf{0,33}$$

$$\sigma_{(S_{ij}-S_{kl})}^2 = \frac{2 \times (p-4) \times \sigma_e^2}{r \times a \times (p-2)} = \frac{2 \times (9-4) \times 3,07}{4 \times 4 \times (9-2)} = \mathbf{0,27}$$

De acuerdo con De la Rosa et al. (2006) la prueba estadística para probar las hipótesis  $H_0: \mathbf{g}_i = 0$  y  $H_0: \mathbf{S}_{ij} = 0$ , o de igualdad de parámetros entre genotipos, es la de **t (tc)**:

$$t_c = \frac{AC}{\sigma_{AC}}; t_c = \frac{AC_i - AC_j}{\sigma_{(AC_i - AC_j)}}$$

Donde: AC = efecto de ACG o ACE,  $\sigma_{AC}$  = desviación o error estándar de ACG o ACE. El tc se compara con el t tabulado con un nivel de significancia ( $\alpha$ ) de 0,05 y GL del CME, en prueba de dos colas.

Cuando la interacción genotipo por ambiente es significativa, tal como se observa para el Rto (Tabla 2.16), lo correcto es hacer el análisis individual para cada ambiente. En este caso se tomará el RTO de la localidad de Gualmatán (Tabla 2.14), donde se obtuvieron efectos de ACG y ACE significativos. Ello indica que en esta localidad tanto los efectos aditivos como no aditivos (dominancia) son importantes en la expresión del carácter; sin embargo, la magnitud de ACG supera a la de ACE tres veces: señal del predominio de los efectos aditivos sobre los no aditivos en la herencia del carácter, lo que corrobora lo encontrado a través de las localidades, es decir, que el enfoque adecuado sería producir variedades mejoradas más que híbridos.

Teniendo en cuenta la Tabla 2.12, los efectos de ACG para cada LDH (parental) en un solo ambiente se calculan de la siguiente forma:

$$g_i = \frac{[(p \times C_{i...}) - (2 \times T_{...})]}{r \times p \times (p-2)}; \text{donde } \sum g_i = 0$$

$$g_1 = \frac{[(9 \times 411,62) - (2 \times 1823,89)]}{4 \times 9 \times (9-2)} = \mathbf{0,23}$$

$$g_2 = \frac{[(9 \times 408,63) - (2 \times 1823,89)]}{4 \times 9 \times (9-2)} = \mathbf{0,12}$$

$$g_3 = \frac{[(9 \times 368,8) - (2 \times 1823,89)]}{4 \times 9 \times (9 - 2)} = -1,30$$

$$g_4 = \frac{[(9 \times 418,29) - (2 \times 1823,89)]}{4 \times 9 \times (9 - 2)} = 0,46$$

$$g_5 = \frac{[(9 \times 410,25) - (2 \times 1823,89)]}{4 \times 9 \times (9 - 2)} = 0,18$$

$$g_6 = \frac{[(9 \times 421,62) - (2 \times 1823,89)]}{4 \times 9 \times (9 - 2)} = 0,58$$

$$g_7 = \frac{[(9 \times 425,78) - (2 \times 1823,89)]}{4 \times 9 \times (9 - 2)} = 0,73$$

$$g_8 = \frac{[(9 \times 402,73) - (2 \times 1823,89)]}{4 \times 9 \times (9 - 2)} = -0,09$$

$$g_9 = \frac{[(9 \times 380,08) - (2 \times 1823,89)]}{4 \times 9 \times (9 - 2)} = -0,90$$

$$\Sigma g_i = 0,23 + 0,12 + \dots + (-0,90) = 0$$

Las varianzas de parámetros de estas estimaciones, con el fin de probar las diferentes hipótesis, son:

$$\sigma_{(g_i)}^2 = \frac{(p-1)\sigma_e^2}{r \times p \times (p-2)} = \frac{(9-1) \times 1,72}{4 \times 9 \times (9-2)} = 0,055$$

$$\sigma_{(g_i - g_j)}^2 = \frac{2\sigma_e^2}{r \times (p-2)} = \frac{2 \times 1,72}{4 \times (9-2)} = 0,12$$

Donde:  $\sigma_e^2 = 1,72 = \text{CMe}$  (Tabla 2.14).

Los efectos de ACE de cruza para un solo ambiente —en el caso de la localidad de Gualmatán— se calculan con base en los datos de la Tabla 2.12, de la siguiente manera:

$$S_{ij} = \left[ \frac{C_{ij.}}{r} \right] - \left[ \frac{C_{i..} + C_{.j.}}{r \times (p-2)} \right] + \left[ \frac{(2 \times T_{...})}{r \times (p-1) \times (p-2)} \right]; \text{ donde } \Sigma S_{i.} = 0$$

Las ACE para las cruzas con el padre 1, son:

$$S_{12} = \left[ \frac{49,97}{4} \right] - \left[ \frac{(411,62 + 408,63)}{4 \times (9 - 2)} \right] + \left[ \frac{(2 \times 1823,89)}{4 \times (9 - 1) \times (9 - 2)} \right] = -0,52$$

$$S_{13} = \left[ \frac{47,85}{4} \right] - \left[ \frac{(411,62 + 368,8)}{4 \times (9 - 2)} \right] + \left[ \frac{(2 \times 1823,89)}{4 \times (9 - 1) \times (9 - 2)} \right] = 0,38$$

$$S_{14} = \left[ \frac{56,07}{4} \right] - \left[ \frac{(411,62 + 418,29)}{4 \times (9 - 2)} \right] + \left[ \frac{(2 \times 1823,89)}{4 \times (9 - 1) \times (9 - 2)} \right] = 0,66$$

$$S_{15} = \left[ \frac{49,51}{4} \right] - \left[ \frac{(411,62 + 410,25)}{4 \times (9 - 2)} \right] + \left[ \frac{(2 \times 1823,89)}{4 \times (9 - 1) \times (9 - 2)} \right] = -0,69$$

$$S_{16} = \left[ \frac{50,78}{4} \right] - \left[ \frac{(411,62 + 421,62)}{4 \times (9 - 2)} \right] + \left[ \frac{(2 \times 1823,89)}{4 \times (9 - 1) \times (9 - 2)} \right] = -0,78$$

$$S_{17} = \left[ \frac{58,08}{4} \right] - \left[ \frac{(411,62 + 425,78)}{4 \times (9 - 2)} \right] + \left[ \frac{(2 \times 1823,89)}{4 \times (9 - 1) \times (9 - 2)} \right] = 0,90$$

$$S_{18} = \left[ \frac{52,29}{4} \right] - \left[ \frac{(411,62 + 402,73)}{4 \times (9 - 2)} \right] + \left[ \frac{(2 \times 1823,89)}{4 \times (9 - 1) \times (9 - 2)} \right] = 0,27$$

$$S_{19} = \left[ \frac{47,07}{4} \right] - \left[ \frac{(411,62 + 380,08)}{4 \times (9 - 2)} \right] + \left[ \frac{(2 \times 1823,89)}{4 \times (9 - 1) \times (9 - 2)} \right] = -0,22$$

$$\Sigma S_{1.} = (-1,02) + 0,41 + \dots + 1,64 = 0$$

De esta forma, se calculan las ACE para el resto de cruza, lo que se muestra en la Tabla 5.7. Las varianzas para probar las hipótesis de estimaciones de ACE son las siguientes:

$$\sigma_{(S_{ij})}^2 = \frac{(p - 3)\sigma_e^2}{r \times (p - 1)} = \frac{(9 - 3) \times 1,72}{4 \times (9 - 1)} = 0,32$$

$$\sigma_{(S_{ij}-S_{ik})}^2 = \frac{2 \times (p - 3) \times \sigma_e^2}{r \times (p - 2)} = \frac{2 \times (9 - 3) \times 1,72}{4 \times (9 - 2)} = 0,74$$

$$\sigma_{(S_{ij}-S_{kl})}^2 = \frac{2 \times (p - 4) \times \sigma_e^2}{r \times (p - 2)} = \frac{2 \times (9 - 4) \times 1,72}{4 \times (9 - 2)} = 0,61$$

En Gualmatán los parentales siete, seis y cuatro fueron los que presentaron los mayores valores de ACG, con 0,73, 0,58 y 0,46, respectivamente, distintos estadísticamente de cero. Las LDH seis y siete también se destacaron por tener valores altos de ACG a través de las cuatro localidades evaluadas, lo que corrobora su buen potencial para producir variedades mejoradas de uchuva para el departamento de Nariño.

Las cruzas entre las LDH (5x7) y (6x8) presentaron los valores más altos de ACE y distintos de cero, con 2,13 y 1,11, en su orden. Como se observa, estas cruzas involucran a las LDH seis y siete de más alto valor de ACG. Estas cruzas serían potencialmente aptas para usarlas como patrón heterótico con el fin de producir híbridos de uchuva para el departamento de Nariño.

**Tabla 5.7**

Efectos de ACE ( $S_{ij}$ ) y ACG ( $g_i$ ) del Cruzamiento Dialélico Entre Nueve LDH Evaluado en la Localidad de Gualmatán Bajo el Método IV de Griffing (1956).

| LDH | ACE ( $S_{ij}$ )    |                     |                    |                     |                     |                     |                     |                     | ACG ( $g_i$ )       |
|-----|---------------------|---------------------|--------------------|---------------------|---------------------|---------------------|---------------------|---------------------|---------------------|
|     | 2                   | 3                   | 4                  | 5                   | 6                   | 7                   | 8                   | 9                   |                     |
| 1   | -0,52 <sup>ns</sup> | 0,38 <sup>ns</sup>  | 0,66 <sup>ns</sup> | -0,69 <sup>ns</sup> | -0,78 <sup>ns</sup> | 0,90 <sup>ns</sup>  | 0,27 <sup>ns</sup>  | -0,22 <sup>ns</sup> | 0,23 <sup>ns</sup>  |
| 2   |                     | -0,76 <sup>ns</sup> | 0,01 <sup>ns</sup> | -1,80*              | 0,92 <sup>ns</sup>  | 0,68 <sup>ns</sup>  | 0,55 <sup>ns</sup>  | 0,92 <sup>ns</sup>  | 0,12 <sup>ns</sup>  |
| 3   |                     |                     | 0,39 <sup>ns</sup> | 0,25 <sup>ns</sup>  | -0,9 <sup>ns</sup>  | -0,48 <sup>ns</sup> | 0,76 <sup>ns</sup>  | 0,38 <sup>ns</sup>  | -1,30*              |
| 4   |                     |                     |                    | -0,67 <sup>ns</sup> | 0,66 <sup>ns</sup>  | -0,26 <sup>ns</sup> | -1,13*              | 0,33 <sup>ns</sup>  | 0,46*               |
| 5   |                     |                     |                    |                     | -0,29 <sup>ns</sup> | 2,13*               | 0,24 <sup>ns</sup>  | 0,84 <sup>ns</sup>  | 0,18 <sup>ns</sup>  |
| 6   |                     |                     |                    |                     |                     | -1,53*              | 1,11*               | 0,82 <sup>ns</sup>  | 0,58*               |
| 7   |                     |                     |                    |                     |                     |                     | -0,08 <sup>ns</sup> | -1,37*              | 0,73*               |
| 8   |                     |                     |                    |                     |                     |                     |                     | -1,71*              | -0,09 <sup>ns</sup> |
| 9   |                     |                     |                    |                     |                     |                     |                     |                     | -0,90*              |

Nota. \*= parámetro estadísticamente diferente de cero, ns= parámetro estadísticamente igual a cero.

Tendiendo en cuenta lo planteado por Zhang & Kang (2003), en seguida se muestra la sintaxis completa de SAS para obtener la información del ANDEVA y los efectos de ACG y ACE de los parentales y cruzas, consecutivamente en un solo ambiente y en más de un ambiente.

### ANDEVAs Individual

```

OPTIONS OPTIONS PS=60 NODATE;
DATA METHOD4;
TITLE 'METHOD 4';
INPUT I J REP HYBRID YIELD;
DROP N NI NJ P;
P=9; *NUMERO DE PARENTALES;
ARRAY GCA(N) G1 G2 G3 G4 G5 G6 G7 G8;
DO N=1 TO (P-1);
  GCA=((I=N)-(I=P))+((J=N)-(J=P));
END;
ARRAY SCA(N) S12 S13 S14 S15 S16 S17 S18 S23 S24 S25 S26 S27 S28 S34 S35 S36 S37
S38 S45 S46 S47 S48 S56 S57 S58 S67 S68;
N=0;
DO NI=1 TO (P-3);
  DO NJ=NI+1 TO (P-1);
    N+1;
    SCA=(I=NI)*(J=NJ)-((I=NI)+(I=NJ))*(J=P);
    IF ((I>=(P-2))&(J>=(P-1))|((I>=(P-1))&(J>=(P-2)))) THEN DO;
      SCA=-((I=(P-2))*(J=(P-1))+(I>=(P-2))*(J=P)*(I NE NJ);
    END; END; END;
CARDS;
1      2      1      1      14.71
1      2      2      1      10.24
1      2      3      1      10.53
1      2      4      1      14.50
1      3      1      2      15.77
1      3      2      2      10.99
1      3      3      2      10.30
1      3      4      2      10.79
1      4      1      3      16.30
1      4      2      3      12.18
1      4      3      3      11.35
1      4      4      3      16.24
1      5      1      4      10.54
1      5      2      4      11.62
1      5      3      4      10.95
1      5      4      4      16.41
1      6      1      5      12.73
1      6      2      5      11.47
1      6      3      5      12.28
1      6      4      5      14.30
1      7      1      6      16.45
1      7      2      6      14.71
1      7      3      6      13.47
1      7      4      6      13.45
1      8      1      7      11.73
1      8      2      7      14.69
1      8      3      7      10.39
1      8      4      7      15.47
1      9      1      8      12.82
1      9      2      8      11.22
1      9      3      8      10.63
1      9      4      8      12.40
2      3      1      9      10.92
2      3      2      9      12.61
2      3      3      9      9.86
2      3      4      9      9.47

```

|   |   |   |    |       |
|---|---|---|----|-------|
| 2 | 4 | 1 | 10 | 13.10 |
| 2 | 4 | 2 | 10 | 15.28 |
| 2 | 4 | 3 | 10 | 13.08 |
| 2 | 4 | 4 | 10 | 11.57 |
| 2 | 5 | 1 | 11 | 11.94 |
| 2 | 5 | 2 | 11 | 10.95 |
| 2 | 5 | 3 | 11 | 9.31  |
| 2 | 5 | 4 | 11 | 12.44 |
| 2 | 6 | 1 | 12 | 13.35 |
| 2 | 6 | 2 | 12 | 14.64 |
| 2 | 6 | 3 | 12 | 14.62 |
| 2 | 6 | 4 | 12 | 14.52 |
| 2 | 7 | 1 | 13 | 14.40 |
| 2 | 7 | 2 | 13 | 14.84 |
| 2 | 7 | 3 | 13 | 13.20 |
| 2 | 7 | 4 | 13 | 14.36 |
| 2 | 8 | 1 | 14 | 12.34 |
| 2 | 8 | 2 | 14 | 13.02 |
| 2 | 8 | 3 | 14 | 13.36 |
| 2 | 8 | 4 | 14 | 14.24 |
| 2 | 9 | 1 | 15 | 14.17 |
| 2 | 9 | 2 | 15 | 11.24 |
| 2 | 9 | 3 | 15 | 12.44 |
| 2 | 9 | 4 | 15 | 13.39 |
| 3 | 4 | 1 | 16 | 12.26 |
| 3 | 4 | 2 | 16 | 13.10 |
| 3 | 4 | 3 | 16 | 10.24 |
| 3 | 4 | 4 | 16 | 13.27 |
| 3 | 5 | 1 | 17 | 12.08 |
| 3 | 5 | 2 | 17 | 11.82 |
| 3 | 5 | 3 | 17 | 11.05 |
| 3 | 5 | 4 | 17 | 12.18 |
| 3 | 6 | 1 | 18 | 11.03 |
| 3 | 6 | 2 | 18 | 10.93 |
| 3 | 6 | 3 | 18 | 11.68 |
| 3 | 6 | 4 | 18 | 10.50 |
| 3 | 7 | 1 | 19 | 11.04 |
| 3 | 7 | 2 | 19 | 10.25 |
| 3 | 7 | 3 | 19 | 11.80 |
| 3 | 7 | 4 | 19 | 13.38 |
| 3 | 8 | 1 | 20 | 11.76 |
| 3 | 8 | 2 | 20 | 12.10 |
| 3 | 8 | 3 | 20 | 11.07 |
| 3 | 8 | 4 | 20 | 13.17 |
| 3 | 9 | 1 | 21 | 11.18 |
| 3 | 9 | 2 | 21 | 9.92  |
| 3 | 9 | 3 | 21 | 10.93 |
| 3 | 9 | 4 | 21 | 11.34 |
| 4 | 5 | 1 | 22 | 12.91 |
| 4 | 5 | 2 | 22 | 11.69 |
| 4 | 5 | 3 | 22 | 12.96 |
| 4 | 5 | 4 | 22 | 12.98 |
| 4 | 6 | 1 | 23 | 14.80 |
| 4 | 6 | 2 | 23 | 13.98 |
| 4 | 6 | 3 | 23 | 13.83 |
| 4 | 6 | 4 | 23 | 14.89 |
| 4 | 7 | 1 | 24 | 14.98 |
| 4 | 7 | 2 | 24 | 10.78 |
| 4 | 7 | 3 | 24 | 11.97 |

|   |   |   |    |       |
|---|---|---|----|-------|
| 4 | 7 | 4 | 24 | 16.69 |
| 4 | 8 | 1 | 25 | 11.74 |
| 4 | 8 | 2 | 25 | 12.25 |
| 4 | 8 | 3 | 25 | 10.25 |
| 4 | 8 | 4 | 25 | 13.37 |
| 4 | 9 | 1 | 26 | 12.86 |
| 4 | 9 | 2 | 26 | 11.78 |
| 4 | 9 | 3 | 26 | 14.52 |
| 4 | 9 | 4 | 26 | 11.09 |
| 5 | 6 | 1 | 27 | 13.36 |
| 5 | 6 | 2 | 27 | 12.99 |
| 5 | 6 | 3 | 27 | 12.68 |
| 5 | 6 | 4 | 27 | 13.51 |
| 5 | 7 | 1 | 28 | 15.98 |
| 5 | 7 | 2 | 28 | 15.42 |
| 5 | 7 | 3 | 28 | 15.41 |
| 5 | 7 | 4 | 28 | 15.99 |
| 5 | 8 | 1 | 29 | 13.67 |
| 5 | 8 | 2 | 29 | 13.21 |
| 5 | 8 | 3 | 29 | 12.72 |
| 5 | 8 | 4 | 29 | 12.36 |
| 5 | 9 | 1 | 30 | 11.92 |
| 5 | 9 | 2 | 30 | 12.95 |
| 5 | 9 | 3 | 30 | 12.14 |
| 5 | 9 | 4 | 30 | 14.11 |
| 6 | 7 | 1 | 31 | 13.59 |
| 6 | 7 | 2 | 31 | 11.11 |
| 6 | 7 | 3 | 31 | 12.74 |
| 6 | 7 | 4 | 31 | 12.37 |
| 6 | 8 | 1 | 32 | 14.66 |
| 6 | 8 | 2 | 32 | 14.80 |
| 6 | 8 | 3 | 32 | 12.56 |
| 6 | 8 | 4 | 32 | 15.05 |
| 6 | 9 | 1 | 33 | 13.36 |
| 6 | 9 | 2 | 33 | 13.74 |
| 6 | 9 | 3 | 33 | 12.97 |
| 6 | 9 | 4 | 33 | 12.60 |
| 7 | 8 | 1 | 34 | 12.68 |
| 7 | 8 | 2 | 34 | 15.70 |
| 7 | 8 | 3 | 34 | 12.24 |
| 7 | 8 | 4 | 34 | 12.27 |
| 7 | 9 | 1 | 35 | 11.35 |
| 7 | 9 | 2 | 35 | 11.52 |
| 7 | 9 | 3 | 35 | 11.32 |
| 7 | 9 | 4 | 35 | 10.32 |
| 8 | 9 | 1 | 36 | 9.45  |
| 8 | 9 | 2 | 36 | 9.79  |
| 8 | 9 | 3 | 36 | 10.10 |
| 8 | 9 | 4 | 36 | 10.52 |

;

**PROC SORT;**

**BY** REP I J;

**PROC GLM;**

**CLASS** REP HYBRID;

**MODEL** YIELD= REP HYBRID;

**LSMEANS** HYBRID;

**PROC GLM;**

**CLASS** REP HYBRID;

**MODEL** YIELD= REP G1 G2 G3 G4 G5 G6 G7 G8 S12 S13 S14 S15 S16 S17 S18 S23 S24



```

S25 S26
S27 S28 S34 S35 S36 S37 S38 S45 S46 S47 S48 S56 S57 S58 S67 S68;
CONTRAST 'GCA' G1 1 G2 1 G3 1 G4 1 G5 1 G6 1 G7 1 G8 1;
CONTRAST 'SCA' S12 1 S13 1 S14 1 S15 1 S16 1 S17 1 S18 1 S23 1 S24 1 S25 1 S26 1 S27
1 S28 1
S34 1 S35 1 S36 1 S37 1 S38 1 S45 1 S46 1 S47 1 S48 1 S56 1 S57 1 S58 1 S67 1 S68 1;
ESTIMATE 'G1' G1 1; ESTIMATE 'G2' G2 1; ESTIMATE 'G3' G3 1; ESTIMATE 'G4' G4 1;
ESTIMATE
'G5' G5 1; ESTIMATE 'G6' G6 1; ESTIMATE 'G7' G7 1; ESTIMATE 'G8' G8 1;
ESTIMATE 'G9' G1 -1 G2 -1 G3 -1 G4 -1 G5 -1 G6 -1 G7 -1 G8 -1;
ESTIMATE 'S12' S12 1; ESTIMATE 'S13' S13 1; ESTIMATE 'S14' S14 1; ESTIMATE 'S15' S15
1;
ESTIMATE 'S16' S16 1; ESTIMATE 'S17' S17 1; ESTIMATE 'S18' S18 1;
ESTIMATE 'S23' S23 1; ESTIMATE 'S24' S24 1; ESTIMATE 'S25' S25 1; ESTIMATE 'S26' S26
1;
ESTIMATE 'S27' S27 1; ESTIMATE 'S28' S28 1; ESTIMATE 'S34' S34 1;
ESTIMATE 'S35' S35 1; ESTIMATE 'S36' S36 1; ESTIMATE 'S37' S37 1; ESTIMATE 'S38' S38
1;
ESTIMATE 'S45' S45 1; ESTIMATE 'S46' S46 1; ESTIMATE 'S47' S47 1;
ESTIMATE 'S48' S48 1; ESTIMATE 'S56' S56 1; ESTIMATE 'S57' S57 1; ESTIMATE 'S58' S58
1;
ESTIMATE 'S67' S67 1; ESTIMATE 'S68' S68 1;
ESTIMATE 'S19' S12 -1 S13 -1 S14 -1 S15 -1 S16 -1 S17 -1 S18 -1;
ESTIMATE 'S29' S12 -1 S23 -1 S24 -1 S25 -1 S26 -1 S27 -1 S28 -1;
ESTIMATE 'S39' S13 -1 S23 -1 S34 -1 S35 -1 S36 -1 S37 -1 S38 -1;
ESTIMATE 'S49' S14 -1 S24 -1 S34 -1 S45 -1 S46 -1 S47 -1 S48 -1;
ESTIMATE 'S59' S15 -1 S25 -1 S35 -1 S45 -1 S56 -1 S57 -1 S58 -1;
ESTIMATE 'S69' S16 -1 S26 -1 S36 -1 S46 -1 S56 -1 S67 -1 S68 -1;
ESTIMATE 'S78' S12 -1 S13 -1 S14 -1 S15 -1 S16 -1 S17 -1 S18 -1 S23 -1 S24 1 S25 -1 S26 -
1 S27 -
1 S28 -1 S34 -1 S35 -1 S36 -1 S37 -1 S38 -1 S45 -1 S46 -1 S47 -1 S48 -1 S56 -1 S57 -1 S58 -1
S67 -
1 S68 -1;
ESTIMATE 'S79' S12 1 S13 1 S14 1 S15 1 S16 1 S18 1 S23 1 S24 1 S25 1 S26 1 S28 1 S34 1
S35 1
S36 1 S38 1 S45 1 S46 1 S48 1 S56 1 S58 1 S68 1;
ESTIMATE 'S89' S12 1 S13 1 S14 1 S15 1 S16 1 S17 1 S23 1 S24 1 S25 1 S26 1 S27 1 S34 1
S35 1
S36 1 S37 1 S45 1 S46 1 S47 1 S56 1 S57 1 S67 1;
RUN;

```

### ANDEVA Combinado a través de Localidades

```

OPTIONS OPTIONS PS=60 NODATE;
DATA METHOD4;
TITLE 'METHOD 4';
INPUT I J REP HYBRID YIELD ENV;
DROP N NI NJ P;
P=9; *NUMERO DE PARENTALES;
ARRAY GCA(N) G1 G2 G3 G4 G5 G6 G7 G8;
DO N=1 TO (P-1);
GCA=((I=N)-(I=P))+((J=N)-(J=P));
END;
ARRAY SCA(N) S12 S13 S14 S15 S16 S17 S18 S23 S24 S25 S26 S27 S28 S34 S35 S36 S37
S38 S45
S46 S47 S48 S56 S57 S58 S67 S68;
N=0;
DO NI=1 TO (P-3);
DO NJ=NI+1 TO (P-1);

```

```

N+1;
SCA=(I=NI)*(J=NJ)-((I=NI)+(I=NJ))*(J=P);
IF ((I>=(P-2))&(J>=(P-1))|((I>=(P-1))&(J>=(P-2)))) THEN DO;
SCA=-((I=(P-2))*(J=(P-1)))+(I>=(P-2))*(J=P)*(I NE NJ);
END; END; END;
CARDS;

```

|   |   |   |    |       |   |
|---|---|---|----|-------|---|
| 1 | 2 | 1 | 1  | 14.71 | 1 |
| 1 | 2 | 2 | 1  | 10.24 | 1 |
| 1 | 2 | 3 | 1  | 10.53 | 1 |
| 1 | 2 | 4 | 1  | 14.50 | 1 |
| 1 | 3 | 1 | 2  | 15.77 | 1 |
| 1 | 3 | 2 | 2  | 10.99 | 1 |
| 1 | 3 | 3 | 2  | 10.30 | 1 |
| 1 | 3 | 4 | 2  | 10.79 | 1 |
| 1 | 4 | 1 | 3  | 16.30 | 1 |
| 1 | 4 | 2 | 3  | 12.18 | 1 |
| 1 | 4 | 3 | 3  | 11.35 | 1 |
| 1 | 4 | 4 | 3  | 16.24 | 1 |
| 1 | 5 | 1 | 4  | 10.54 | 1 |
| 1 | 5 | 2 | 4  | 11.62 | 1 |
| 1 | 5 | 3 | 4  | 10.95 | 1 |
| 1 | 5 | 4 | 4  | 16.41 | 1 |
| 1 | 6 | 1 | 5  | 12.73 | 1 |
| 1 | 6 | 2 | 5  | 11.47 | 1 |
| 1 | 6 | 3 | 5  | 12.28 | 1 |
| 1 | 6 | 4 | 5  | 14.30 | 1 |
| 1 | 7 | 1 | 6  | 16.45 | 1 |
| 1 | 7 | 2 | 6  | 14.71 | 1 |
| 1 | 7 | 3 | 6  | 13.47 | 1 |
| 1 | 7 | 4 | 6  | 13.45 | 1 |
| 1 | 8 | 1 | 7  | 11.73 | 1 |
| 1 | 8 | 2 | 7  | 14.69 | 1 |
| 1 | 8 | 3 | 7  | 10.39 | 1 |
| 1 | 8 | 4 | 7  | 15.47 | 1 |
| 1 | 9 | 1 | 8  | 12.82 | 1 |
| 1 | 9 | 2 | 8  | 11.22 | 1 |
| 1 | 9 | 3 | 8  | 10.63 | 1 |
| 1 | 9 | 4 | 8  | 12.40 | 1 |
| 2 | 3 | 1 | 9  | 10.92 | 1 |
| 2 | 3 | 2 | 9  | 12.61 | 1 |
| 2 | 3 | 3 | 9  | 9.86  | 1 |
| 2 | 3 | 4 | 9  | 9.47  | 1 |
| 2 | 4 | 1 | 10 | 13.10 | 1 |
| 2 | 4 | 2 | 10 | 15.28 | 1 |
| 2 | 4 | 3 | 10 | 13.08 | 1 |
| 2 | 4 | 4 | 10 | 11.57 | 1 |
| 2 | 5 | 1 | 11 | 11.94 | 1 |
| 2 | 5 | 2 | 11 | 10.95 | 1 |
| 2 | 5 | 3 | 11 | 9.31  | 1 |
| 2 | 5 | 4 | 11 | 12.44 | 1 |
| 2 | 6 | 1 | 12 | 13.35 | 1 |

|   |   |   |    |       |   |
|---|---|---|----|-------|---|
| 2 | 6 | 2 | 12 | 14.64 | 1 |
| 2 | 6 | 3 | 12 | 14.62 | 1 |
| 2 | 6 | 4 | 12 | 14.52 | 1 |
| 2 | 7 | 1 | 13 | 14.40 | 1 |
| 2 | 7 | 2 | 13 | 14.84 | 1 |
| 2 | 7 | 3 | 13 | 13.20 | 1 |
| 2 | 7 | 4 | 13 | 14.36 | 1 |
| 2 | 8 | 1 | 14 | 12.34 | 1 |
| 2 | 8 | 2 | 14 | 13.02 | 1 |
| 2 | 8 | 3 | 14 | 13.36 | 1 |
| 2 | 8 | 4 | 14 | 14.24 | 1 |
| 2 | 9 | 1 | 15 | 14.17 | 1 |
| 2 | 9 | 2 | 15 | 11.24 | 1 |
| 2 | 9 | 3 | 15 | 12.44 | 1 |
| 2 | 9 | 4 | 15 | 13.39 | 1 |
| 3 | 4 | 1 | 16 | 12.26 | 1 |
| 3 | 4 | 2 | 16 | 13.10 | 1 |
| 3 | 4 | 3 | 16 | 10.24 | 1 |
| 3 | 4 | 4 | 16 | 13.27 | 1 |
| 3 | 5 | 1 | 17 | 12.08 | 1 |
| 3 | 5 | 2 | 17 | 11.82 | 1 |
| 3 | 5 | 3 | 17 | 11.05 | 1 |
| 3 | 5 | 4 | 17 | 12.18 | 1 |
| 3 | 6 | 1 | 18 | 11.03 | 1 |
| 3 | 6 | 2 | 18 | 10.93 | 1 |
| 3 | 6 | 3 | 18 | 11.68 | 1 |
| 3 | 6 | 4 | 18 | 10.50 | 1 |
| 3 | 7 | 1 | 19 | 11.04 | 1 |
| 3 | 7 | 2 | 19 | 10.25 | 1 |
| 3 | 7 | 3 | 19 | 11.80 | 1 |
| 3 | 7 | 4 | 19 | 13.38 | 1 |
| 3 | 8 | 1 | 20 | 11.76 | 1 |
| 3 | 8 | 2 | 20 | 12.10 | 1 |
| 3 | 8 | 3 | 20 | 11.07 | 1 |
| 3 | 8 | 4 | 20 | 13.17 | 1 |
| 3 | 9 | 1 | 21 | 11.18 | 1 |
| 3 | 9 | 2 | 21 | 9.92  | 1 |
| 3 | 9 | 3 | 21 | 10.93 | 1 |
| 3 | 9 | 4 | 21 | 11.34 | 1 |
| 4 | 5 | 1 | 22 | 12.91 | 1 |
| 4 | 5 | 2 | 22 | 11.69 | 1 |
| 4 | 5 | 3 | 22 | 12.96 | 1 |
| 4 | 5 | 4 | 22 | 12.98 | 1 |
| 4 | 6 | 1 | 23 | 14.80 | 1 |
| 4 | 6 | 2 | 23 | 13.98 | 1 |
| 4 | 6 | 3 | 23 | 13.83 | 1 |
| 4 | 6 | 4 | 23 | 14.89 | 1 |
| 4 | 7 | 1 | 24 | 14.98 | 1 |
| 4 | 7 | 2 | 24 | 10.78 | 1 |
| 4 | 7 | 3 | 24 | 11.97 | 1 |
| 4 | 7 | 4 | 24 | 16.69 | 1 |

|   |   |   |    |       |   |
|---|---|---|----|-------|---|
| 4 | 8 | 1 | 25 | 11.74 | 1 |
| 4 | 8 | 2 | 25 | 12.25 | 1 |
| 4 | 8 | 3 | 25 | 10.25 | 1 |
| 4 | 8 | 4 | 25 | 13.37 | 1 |
| 4 | 9 | 1 | 26 | 12.86 | 1 |
| 4 | 9 | 2 | 26 | 11.78 | 1 |
| 4 | 9 | 3 | 26 | 14.52 | 1 |
| 4 | 9 | 4 | 26 | 11.09 | 1 |
| 5 | 6 | 1 | 27 | 13.36 | 1 |
| 5 | 6 | 2 | 27 | 12.99 | 1 |
| 5 | 6 | 3 | 27 | 12.68 | 1 |
| 5 | 6 | 4 | 27 | 13.51 | 1 |
| 5 | 7 | 1 | 28 | 15.98 | 1 |
| 5 | 7 | 2 | 28 | 15.42 | 1 |
| 5 | 7 | 3 | 28 | 15.41 | 1 |
| 5 | 7 | 4 | 28 | 15.99 | 1 |
| 5 | 8 | 1 | 29 | 13.67 | 1 |
| 5 | 8 | 2 | 29 | 13.21 | 1 |
| 5 | 8 | 3 | 29 | 12.72 | 1 |
| 5 | 8 | 4 | 29 | 12.36 | 1 |
| 5 | 9 | 1 | 30 | 11.92 | 1 |
| 5 | 9 | 2 | 30 | 12.95 | 1 |
| 5 | 9 | 3 | 30 | 12.14 | 1 |
| 5 | 9 | 4 | 30 | 14.11 | 1 |
| 6 | 7 | 1 | 31 | 13.59 | 1 |
| 6 | 7 | 2 | 31 | 11.11 | 1 |
| 6 | 7 | 3 | 31 | 12.74 | 1 |
| 6 | 7 | 4 | 31 | 12.37 | 1 |
| 6 | 8 | 1 | 32 | 14.66 | 1 |
| 6 | 8 | 2 | 32 | 14.80 | 1 |
| 6 | 8 | 3 | 32 | 12.56 | 1 |
| 6 | 8 | 4 | 32 | 15.05 | 1 |
| 6 | 9 | 1 | 33 | 13.36 | 1 |
| 6 | 9 | 2 | 33 | 13.74 | 1 |
| 6 | 9 | 3 | 33 | 12.97 | 1 |
| 6 | 9 | 4 | 33 | 12.60 | 1 |
| 7 | 8 | 1 | 34 | 12.68 | 1 |
| 7 | 8 | 2 | 34 | 15.70 | 1 |
| 7 | 8 | 3 | 34 | 12.24 | 1 |
| 7 | 8 | 4 | 34 | 12.27 | 1 |
| 7 | 9 | 1 | 35 | 11.35 | 1 |
| 7 | 9 | 2 | 35 | 11.52 | 1 |
| 7 | 9 | 3 | 35 | 11.32 | 1 |
| 7 | 9 | 4 | 35 | 10.32 | 1 |
| 8 | 9 | 1 | 36 | 9.45  | 1 |
| 8 | 9 | 2 | 36 | 9.79  | 1 |
| 8 | 9 | 3 | 36 | 10.10 | 1 |
| 8 | 9 | 4 | 36 | 10.52 | 1 |
| 1 | 2 | 1 | 1  | 21.98 | 2 |
| 1 | 2 | 2 | 1  | 22.15 | 2 |
| 1 | 2 | 3 | 1  | 19.49 | 2 |

|   |   |   |    |       |   |
|---|---|---|----|-------|---|
| 1 | 2 | 4 | 1  | 20.88 | 2 |
| 1 | 3 | 1 | 2  | 21.76 | 2 |
| 1 | 3 | 2 | 2  | 20.30 | 2 |
| 1 | 3 | 3 | 2  | 23.30 | 2 |
| 1 | 3 | 4 | 2  | 19.33 | 2 |
| 1 | 4 | 1 | 3  | 18.89 | 2 |
| 1 | 4 | 2 | 3  | 18.63 | 2 |
| 1 | 4 | 3 | 3  | 20.32 | 2 |
| 1 | 4 | 4 | 3  | 20.76 | 2 |
| 1 | 5 | 1 | 4  | 14.47 | 2 |
| 1 | 5 | 2 | 4  | 18.00 | 2 |
| 1 | 5 | 3 | 4  | 17.00 | 2 |
| 1 | 5 | 4 | 4  | 16.82 | 2 |
| 1 | 6 | 1 | 5  | 19.28 | 2 |
| 1 | 6 | 2 | 5  | 20.82 | 2 |
| 1 | 6 | 3 | 5  | 23.56 | 2 |
| 1 | 6 | 4 | 5  | 23.49 | 2 |
| 1 | 7 | 1 | 6  | 17.31 | 2 |
| 1 | 7 | 2 | 6  | 17.57 | 2 |
| 1 | 7 | 3 | 6  | 18.07 | 2 |
| 1 | 7 | 4 | 6  | 16.46 | 2 |
| 1 | 8 | 1 | 7  | 18.29 | 2 |
| 1 | 8 | 2 | 7  | 17.91 | 2 |
| 1 | 8 | 3 | 7  | 20.67 | 2 |
| 1 | 8 | 4 | 7  | 18.47 | 2 |
| 1 | 9 | 1 | 8  | 30.06 | 2 |
| 1 | 9 | 2 | 8  | 27.37 | 2 |
| 1 | 9 | 3 | 8  | 24.86 | 2 |
| 1 | 9 | 4 | 8  | 22.89 | 2 |
| 2 | 3 | 1 | 9  | 16.31 | 2 |
| 2 | 3 | 2 | 9  | 19.54 | 2 |
| 2 | 3 | 3 | 9  | 15.02 | 2 |
| 2 | 3 | 4 | 9  | 15.49 | 2 |
| 2 | 4 | 1 | 10 | 20.10 | 2 |
| 2 | 4 | 2 | 10 | 18.65 | 2 |
| 2 | 4 | 3 | 10 | 20.72 | 2 |
| 2 | 4 | 4 | 10 | 17.17 | 2 |
| 2 | 5 | 1 | 11 | 14.11 | 2 |
| 2 | 5 | 2 | 11 | 14.17 | 2 |
| 2 | 5 | 3 | 11 | 15.45 | 2 |
| 2 | 5 | 4 | 11 | 15.90 | 2 |
| 2 | 6 | 1 | 12 | 17.88 | 2 |
| 2 | 6 | 2 | 12 | 17.57 | 2 |
| 2 | 6 | 3 | 12 | 20.78 | 2 |
| 2 | 6 | 4 | 12 | 22.38 | 2 |
| 2 | 7 | 1 | 13 | 16.50 | 2 |
| 2 | 7 | 2 | 13 | 18.15 | 2 |
| 2 | 7 | 3 | 13 | 21.84 | 2 |
| 2 | 7 | 4 | 13 | 21.11 | 2 |
| 2 | 8 | 1 | 14 | 17.79 | 2 |
| 2 | 8 | 2 | 14 | 20.20 | 2 |

|   |   |   |    |       |   |
|---|---|---|----|-------|---|
| 2 | 8 | 3 | 14 | 20.91 | 2 |
| 2 | 8 | 4 | 14 | 16.76 | 2 |
| 2 | 9 | 1 | 15 | 19.62 | 2 |
| 2 | 9 | 2 | 15 | 22.77 | 2 |
| 2 | 9 | 3 | 15 | 19.73 | 2 |
| 2 | 9 | 4 | 15 | 20.76 | 2 |
| 3 | 4 | 1 | 16 | 17.57 | 2 |
| 3 | 4 | 2 | 16 | 20.88 | 2 |
| 3 | 4 | 3 | 16 | 22.66 | 2 |
| 3 | 4 | 4 | 16 | 17.96 | 2 |
| 3 | 5 | 1 | 17 | 17.36 | 2 |
| 3 | 5 | 2 | 17 | 16.08 | 2 |
| 3 | 5 | 3 | 17 | 21.43 | 2 |
| 3 | 5 | 4 | 17 | 19.72 | 2 |
| 3 | 6 | 1 | 18 | 18.78 | 2 |
| 3 | 6 | 2 | 18 | 20.13 | 2 |
| 3 | 6 | 3 | 18 | 20.27 | 2 |
| 3 | 6 | 4 | 18 | 18.76 | 2 |
| 3 | 7 | 1 | 19 | 18.64 | 2 |
| 3 | 7 | 2 | 19 | 16.60 | 2 |
| 3 | 7 | 3 | 19 | 19.73 | 2 |
| 3 | 7 | 4 | 19 | 18.52 | 2 |
| 3 | 8 | 1 | 20 | 17.89 | 2 |
| 3 | 8 | 2 | 20 | 20.15 | 2 |
| 3 | 8 | 3 | 20 | 18.06 | 2 |
| 3 | 8 | 4 | 20 | 18.77 | 2 |
| 3 | 9 | 1 | 21 | 18.93 | 2 |
| 3 | 9 | 2 | 21 | 19.95 | 2 |
| 3 | 9 | 3 | 21 | 18.56 | 2 |
| 3 | 9 | 4 | 21 | 18.49 | 2 |
| 4 | 5 | 1 | 22 | 18.08 | 2 |
| 4 | 5 | 2 | 22 | 20.62 | 2 |
| 4 | 5 | 3 | 22 | 21.03 | 2 |
| 4 | 5 | 4 | 22 | 20.52 | 2 |
| 4 | 6 | 1 | 23 | 23.45 | 2 |
| 4 | 6 | 2 | 23 | 21.38 | 2 |
| 4 | 6 | 3 | 23 | 20.11 | 2 |
| 4 | 6 | 4 | 23 | 21.09 | 2 |
| 4 | 7 | 1 | 24 | 18.09 | 2 |
| 4 | 7 | 2 | 24 | 19.95 | 2 |
| 4 | 7 | 3 | 24 | 19.69 | 2 |
| 4 | 7 | 4 | 24 | 17.72 | 2 |
| 4 | 8 | 1 | 25 | 19.37 | 2 |
| 4 | 8 | 2 | 25 | 17.92 | 2 |
| 4 | 8 | 3 | 25 | 19.11 | 2 |
| 4 | 8 | 4 | 25 | 18.10 | 2 |
| 4 | 9 | 1 | 26 | 18.62 | 2 |
| 4 | 9 | 2 | 26 | 23.08 | 2 |
| 4 | 9 | 3 | 26 | 19.73 | 2 |
| 4 | 9 | 4 | 26 | 22.56 | 2 |
| 5 | 6 | 1 | 27 | 22.79 | 2 |

|   |   |   |    |       |   |
|---|---|---|----|-------|---|
| 5 | 6 | 2 | 27 | 18.55 | 2 |
| 5 | 6 | 3 | 27 | 22.27 | 2 |
| 5 | 6 | 4 | 27 | 20.54 | 2 |
| 5 | 7 | 1 | 28 | 20.21 | 2 |
| 5 | 7 | 2 | 28 | 22.21 | 2 |
| 5 | 7 | 3 | 28 | 24.54 | 2 |
| 5 | 7 | 4 | 28 | 21.77 | 2 |
| 5 | 8 | 1 | 29 | 16.05 | 2 |
| 5 | 8 | 2 | 29 | 18.36 | 2 |
| 5 | 8 | 3 | 29 | 19.72 | 2 |
| 5 | 8 | 4 | 29 | 17.70 | 2 |
| 5 | 9 | 1 | 30 | 21.64 | 2 |
| 5 | 9 | 2 | 30 | 22.43 | 2 |
| 5 | 9 | 3 | 30 | 22.97 | 2 |
| 5 | 9 | 4 | 30 | 19.84 | 2 |
| 6 | 7 | 1 | 31 | 21.37 | 2 |
| 6 | 7 | 2 | 31 | 20.52 | 2 |
| 6 | 7 | 3 | 31 | 20.85 | 2 |
| 6 | 7 | 4 | 31 | 22.22 | 2 |
| 6 | 8 | 1 | 32 | 19.76 | 2 |
| 6 | 8 | 2 | 32 | 20.32 | 2 |
| 6 | 8 | 3 | 32 | 20.32 | 2 |
| 6 | 8 | 4 | 32 | 20.77 | 2 |
| 6 | 9 | 1 | 33 | 17.80 | 2 |
| 6 | 9 | 2 | 33 | 17.89 | 2 |
| 6 | 9 | 3 | 33 | 17.41 | 2 |
| 6 | 9 | 4 | 33 | 15.66 | 2 |
| 7 | 8 | 1 | 34 | 17.12 | 2 |
| 7 | 8 | 2 | 34 | 19.12 | 2 |
| 7 | 8 | 3 | 34 | 21.90 | 2 |
| 7 | 8 | 4 | 34 | 19.29 | 2 |
| 7 | 9 | 1 | 35 | 15.88 | 2 |
| 7 | 9 | 2 | 35 | 18.09 | 2 |
| 7 | 9 | 3 | 35 | 19.15 | 2 |
| 7 | 9 | 4 | 35 | 17.20 | 2 |
| 8 | 9 | 1 | 36 | 13.75 | 2 |
| 8 | 9 | 2 | 36 | 14.82 | 2 |
| 8 | 9 | 3 | 36 | 15.31 | 2 |
| 8 | 9 | 4 | 36 | 12.79 | 2 |
| 1 | 2 | 1 | 1  | 24.44 | 3 |
| 1 | 2 | 2 | 1  | 22.50 | 3 |
| 1 | 2 | 3 | 1  | 24.16 | 3 |
| 1 | 2 | 4 | 1  | 24.48 | 3 |
| 1 | 3 | 1 | 2  | 25.62 | 3 |
| 1 | 3 | 2 | 2  | 23.78 | 3 |
| 1 | 3 | 3 | 2  | 24.34 | 3 |
| 1 | 3 | 4 | 2  | 21.34 | 3 |
| 1 | 4 | 1 | 3  | 25.50 | 3 |
| 1 | 4 | 2 | 3  | 30.88 | 3 |
| 1 | 4 | 3 | 3  | 24.55 | 3 |
| 1 | 4 | 4 | 3  | 26.16 | 3 |

|   |   |   |    |       |   |
|---|---|---|----|-------|---|
| 1 | 5 | 1 | 4  | 22.84 | 3 |
| 1 | 5 | 2 | 4  | 33.20 | 3 |
| 1 | 5 | 3 | 4  | 21.70 | 3 |
| 1 | 5 | 4 | 4  | 23.20 | 3 |
| 1 | 6 | 1 | 5  | 29.77 | 3 |
| 1 | 6 | 2 | 5  | 32.99 | 3 |
| 1 | 6 | 3 | 5  | 35.47 | 3 |
| 1 | 6 | 4 | 5  | 31.45 | 3 |
| 1 | 7 | 1 | 6  | 27.80 | 3 |
| 1 | 7 | 2 | 6  | 29.21 | 3 |
| 1 | 7 | 3 | 6  | 32.91 | 3 |
| 1 | 7 | 4 | 6  | 29.68 | 3 |
| 1 | 8 | 1 | 7  | 21.21 | 3 |
| 1 | 8 | 2 | 7  | 22.59 | 3 |
| 1 | 8 | 3 | 7  | 25.59 | 3 |
| 1 | 8 | 4 | 7  | 23.47 | 3 |
| 1 | 9 | 1 | 8  | 26.22 | 3 |
| 1 | 9 | 2 | 8  | 29.97 | 3 |
| 1 | 9 | 3 | 8  | 25.07 | 3 |
| 1 | 9 | 4 | 8  | 27.68 | 3 |
| 2 | 3 | 1 | 9  | 21.78 | 3 |
| 2 | 3 | 2 | 9  | 22.46 | 3 |
| 2 | 3 | 3 | 9  | 27.17 | 3 |
| 2 | 3 | 4 | 9  | 21.21 | 3 |
| 2 | 4 | 1 | 10 | 29.86 | 3 |
| 2 | 4 | 2 | 10 | 25.19 | 3 |
| 2 | 4 | 3 | 10 | 24.35 | 3 |
| 2 | 4 | 4 | 10 | 27.89 | 3 |
| 2 | 5 | 1 | 11 | 24.84 | 3 |
| 2 | 5 | 2 | 11 | 25.33 | 3 |
| 2 | 5 | 3 | 11 | 20.69 | 3 |
| 2 | 5 | 4 | 11 | 30.54 | 3 |
| 2 | 6 | 1 | 12 | 23.11 | 3 |
| 2 | 6 | 2 | 12 | 25.22 | 3 |
| 2 | 6 | 3 | 12 | 25.94 | 3 |
| 2 | 6 | 4 | 12 | 27.66 | 3 |
| 2 | 7 | 1 | 13 | 33.40 | 3 |
| 2 | 7 | 2 | 13 | 28.57 | 3 |
| 2 | 7 | 3 | 13 | 28.21 | 3 |
| 2 | 7 | 4 | 13 | 36.83 | 3 |
| 2 | 8 | 1 | 14 | 23.75 | 3 |
| 2 | 8 | 2 | 14 | 20.74 | 3 |
| 2 | 8 | 3 | 14 | 22.80 | 3 |
| 2 | 8 | 4 | 14 | 20.74 | 3 |
| 2 | 9 | 1 | 15 | 29.41 | 3 |
| 2 | 9 | 2 | 15 | 29.66 | 3 |
| 2 | 9 | 3 | 15 | 26.40 | 3 |
| 2 | 9 | 4 | 15 | 27.20 | 3 |
| 3 | 4 | 1 | 16 | 24.38 | 3 |
| 3 | 4 | 2 | 16 | 23.44 | 3 |
| 3 | 4 | 3 | 16 | 22.56 | 3 |



|   |   |   |    |       |   |
|---|---|---|----|-------|---|
| 3 | 4 | 4 | 16 | 21.40 | 3 |
| 3 | 5 | 1 | 17 | 28.29 | 3 |
| 3 | 5 | 2 | 17 | 29.28 | 3 |
| 3 | 5 | 3 | 17 | 29.29 | 3 |
| 3 | 5 | 4 | 17 | 27.68 | 3 |
| 3 | 6 | 1 | 18 | 21.33 | 3 |
| 3 | 6 | 2 | 18 | 23.14 | 3 |
| 3 | 6 | 3 | 18 | 25.07 | 3 |
| 3 | 6 | 4 | 18 | 21.56 | 3 |
| 3 | 7 | 1 | 19 | 21.62 | 3 |
| 3 | 7 | 2 | 19 | 18.32 | 3 |
| 3 | 7 | 3 | 19 | 16.01 | 3 |
| 3 | 7 | 4 | 19 | 20.33 | 3 |
| 3 | 8 | 1 | 20 | 18.25 | 3 |
| 3 | 8 | 2 | 20 | 23.29 | 3 |
| 3 | 8 | 3 | 20 | 16.32 | 3 |
| 3 | 8 | 4 | 20 | 19.04 | 3 |
| 3 | 9 | 1 | 21 | 18.73 | 3 |
| 3 | 9 | 2 | 21 | 22.74 | 3 |
| 3 | 9 | 3 | 21 | 17.89 | 3 |
| 3 | 9 | 4 | 21 | 17.89 | 3 |
| 4 | 5 | 1 | 22 | 26.16 | 3 |
| 4 | 5 | 2 | 22 | 28.70 | 3 |
| 4 | 5 | 3 | 22 | 28.14 | 3 |
| 4 | 5 | 4 | 22 | 25.97 | 3 |
| 4 | 6 | 1 | 23 | 25.61 | 3 |
| 4 | 6 | 2 | 23 | 24.79 | 3 |
| 4 | 6 | 3 | 23 | 20.95 | 3 |
| 4 | 6 | 4 | 23 | 21.68 | 3 |
| 4 | 7 | 1 | 24 | 31.84 | 3 |
| 4 | 7 | 2 | 24 | 24.69 | 3 |
| 4 | 7 | 3 | 24 | 26.44 | 3 |
| 4 | 7 | 4 | 24 | 29.05 | 3 |
| 4 | 8 | 1 | 25 | 24.25 | 3 |
| 4 | 8 | 2 | 25 | 27.95 | 3 |
| 4 | 8 | 3 | 25 | 25.72 | 3 |
| 4 | 8 | 4 | 25 | 23.98 | 3 |
| 4 | 9 | 1 | 26 | 22.24 | 3 |
| 4 | 9 | 2 | 26 | 25.27 | 3 |
| 4 | 9 | 3 | 26 | 23.71 | 3 |
| 4 | 9 | 4 | 26 | 29.73 | 3 |
| 5 | 6 | 1 | 27 | 23.65 | 3 |
| 5 | 6 | 2 | 27 | 23.24 | 3 |
| 5 | 6 | 3 | 27 | 21.93 | 3 |
| 5 | 6 | 4 | 27 | 25.75 | 3 |
| 5 | 7 | 1 | 28 | 26.89 | 3 |
| 5 | 7 | 2 | 28 | 23.47 | 3 |
| 5 | 7 | 3 | 28 | 25.64 | 3 |
| 5 | 7 | 4 | 28 | 26.12 | 3 |
| 5 | 8 | 1 | 29 | 27.69 | 3 |
| 5 | 8 | 2 | 29 | 27.60 | 3 |

|   |   |   |    |       |   |
|---|---|---|----|-------|---|
| 5 | 8 | 3 | 29 | 30.84 | 3 |
| 5 | 8 | 4 | 29 | 27.22 | 3 |
| 5 | 9 | 1 | 30 | 27.42 | 3 |
| 5 | 9 | 2 | 30 | 30.78 | 3 |
| 5 | 9 | 3 | 30 | 30.15 | 3 |
| 5 | 9 | 4 | 30 | 22.40 | 3 |
| 6 | 7 | 1 | 31 | 27.02 | 3 |
| 6 | 7 | 2 | 31 | 26.20 | 3 |
| 6 | 7 | 3 | 31 | 23.05 | 3 |
| 6 | 7 | 4 | 31 | 29.00 | 3 |
| 6 | 8 | 1 | 32 | 22.79 | 3 |
| 6 | 8 | 2 | 32 | 23.16 | 3 |
| 6 | 8 | 3 | 32 | 25.65 | 3 |
| 6 | 8 | 4 | 32 | 22.20 | 3 |
| 6 | 9 | 1 | 33 | 29.37 | 3 |
| 6 | 9 | 2 | 33 | 23.36 | 3 |
| 6 | 9 | 3 | 33 | 20.75 | 3 |
| 6 | 9 | 4 | 33 | 31.98 | 3 |
| 7 | 8 | 1 | 34 | 26.74 | 3 |
| 7 | 8 | 2 | 34 | 26.17 | 3 |
| 7 | 8 | 3 | 34 | 26.68 | 3 |
| 7 | 8 | 4 | 34 | 27.67 | 3 |
| 7 | 9 | 1 | 35 | 18.97 | 3 |
| 7 | 9 | 2 | 35 | 18.42 | 3 |
| 7 | 9 | 3 | 35 | 21.30 | 3 |
| 7 | 9 | 4 | 35 | 18.47 | 3 |
| 8 | 9 | 1 | 36 | 19.30 | 3 |
| 8 | 9 | 2 | 36 | 20.95 | 3 |
| 8 | 9 | 3 | 36 | 18.62 | 3 |
| 8 | 9 | 4 | 36 | 22.64 | 3 |
| 1 | 2 | 1 | 1  | 10.46 | 4 |
| 1 | 2 | 2 | 1  | 9.91  | 4 |
| 1 | 2 | 3 | 1  | 9.04  | 4 |
| 1 | 2 | 4 | 1  | 9.96  | 4 |
| 1 | 3 | 1 | 2  | 10.33 | 4 |
| 1 | 3 | 2 | 2  | 7.29  | 4 |
| 1 | 3 | 3 | 2  | 7.84  | 4 |
| 1 | 3 | 4 | 2  | 11.04 | 4 |
| 1 | 4 | 1 | 3  | 9.51  | 4 |
| 1 | 4 | 2 | 3  | 9.99  | 4 |
| 1 | 4 | 3 | 3  | 10.39 | 4 |
| 1 | 4 | 4 | 3  | 11.13 | 4 |
| 1 | 5 | 1 | 4  | 9.82  | 4 |
| 1 | 5 | 2 | 4  | 10.59 | 4 |
| 1 | 5 | 3 | 4  | 13.98 | 4 |
| 1 | 5 | 4 | 4  | 8.39  | 4 |
| 1 | 6 | 1 | 5  | 13.03 | 4 |
| 1 | 6 | 2 | 5  | 8.78  | 4 |
| 1 | 6 | 3 | 5  | 10.96 | 4 |
| 1 | 6 | 4 | 5  | 9.26  | 4 |
| 1 | 7 | 1 | 6  | 12.35 | 4 |

|   |   |   |    |       |   |
|---|---|---|----|-------|---|
| 1 | 7 | 2 | 6  | 10.60 | 4 |
| 1 | 7 | 3 | 6  | 12.46 | 4 |
| 1 | 7 | 4 | 6  | 11.47 | 4 |
| 1 | 8 | 1 | 7  | 10.39 | 4 |
| 1 | 8 | 2 | 7  | 9.38  | 4 |
| 1 | 8 | 3 | 7  | 10.65 | 4 |
| 1 | 8 | 4 | 7  | 11.57 | 4 |
| 1 | 9 | 1 | 8  | 8.98  | 4 |
| 1 | 9 | 2 | 8  | 9.18  | 4 |
| 1 | 9 | 3 | 8  | 10.49 | 4 |
| 1 | 9 | 4 | 8  | 9.22  | 4 |
| 2 | 3 | 1 | 9  | 10.39 | 4 |
| 2 | 3 | 2 | 9  | 9.22  | 4 |
| 2 | 3 | 3 | 9  | 11.87 | 4 |
| 2 | 3 | 4 | 9  | 10.67 | 4 |
| 2 | 4 | 1 | 10 | 9.75  | 4 |
| 2 | 4 | 2 | 10 | 8.52  | 4 |
| 2 | 4 | 3 | 10 | 7.34  | 4 |
| 2 | 4 | 4 | 10 | 10.45 | 4 |
| 2 | 5 | 1 | 11 | 11.39 | 4 |
| 2 | 5 | 2 | 11 | 10.12 | 4 |
| 2 | 5 | 3 | 11 | 12.35 | 4 |
| 2 | 5 | 4 | 11 | 11.75 | 4 |
| 2 | 6 | 1 | 12 | 10.44 | 4 |
| 2 | 6 | 2 | 12 | 11.28 | 4 |
| 2 | 6 | 3 | 12 | 11.85 | 4 |
| 2 | 6 | 4 | 12 | 11.42 | 4 |
| 2 | 7 | 1 | 13 | 12.54 | 4 |
| 2 | 7 | 2 | 13 | 9.83  | 4 |
| 2 | 7 | 3 | 13 | 10.90 | 4 |
| 2 | 7 | 4 | 13 | 11.97 | 4 |
| 2 | 8 | 1 | 14 | 11.44 | 4 |
| 2 | 8 | 2 | 14 | 11.52 | 4 |
| 2 | 8 | 3 | 14 | 10.34 | 4 |
| 2 | 8 | 4 | 14 | 10.06 | 4 |
| 2 | 9 | 1 | 15 | 10.16 | 4 |
| 2 | 9 | 2 | 15 | 10.67 | 4 |
| 2 | 9 | 3 | 15 | 10.08 | 4 |
| 2 | 9 | 4 | 15 | 8.42  | 4 |
| 3 | 4 | 1 | 16 | 7.67  | 4 |
| 3 | 4 | 2 | 16 | 9.78  | 4 |
| 3 | 4 | 3 | 16 | 11.93 | 4 |
| 3 | 4 | 4 | 16 | 7.59  | 4 |
| 3 | 5 | 1 | 17 | 10.06 | 4 |
| 3 | 5 | 2 | 17 | 9.63  | 4 |
| 3 | 5 | 3 | 17 | 8.64  | 4 |
| 3 | 5 | 4 | 17 | 8.23  | 4 |
| 3 | 6 | 1 | 18 | 8.54  | 4 |
| 3 | 6 | 2 | 18 | 6.84  | 4 |
| 3 | 6 | 3 | 18 | 9.28  | 4 |
| 3 | 6 | 4 | 18 | 8.00  | 4 |

|   |   |   |    |       |   |
|---|---|---|----|-------|---|
| 3 | 7 | 1 | 19 | 11.36 | 4 |
| 3 | 7 | 2 | 19 | 8.88  | 4 |
| 3 | 7 | 3 | 19 | 6.96  | 4 |
| 3 | 7 | 4 | 19 | 8.06  | 4 |
| 3 | 8 | 1 | 20 | 8.60  | 4 |
| 3 | 8 | 2 | 20 | 8.32  | 4 |
| 3 | 8 | 3 | 20 | 9.84  | 4 |
| 3 | 8 | 4 | 20 | 8.14  | 4 |
| 3 | 9 | 1 | 21 | 7.16  | 4 |
| 3 | 9 | 2 | 21 | 6.64  | 4 |
| 3 | 9 | 3 | 21 | 7.14  | 4 |
| 3 | 9 | 4 | 21 | 8.25  | 4 |
| 4 | 5 | 1 | 22 | 11.31 | 4 |
| 4 | 5 | 2 | 22 | 8.80  | 4 |
| 4 | 5 | 3 | 22 | 11.25 | 4 |
| 4 | 5 | 4 | 22 | 9.09  | 4 |
| 4 | 6 | 1 | 23 | 12.21 | 4 |
| 4 | 6 | 2 | 23 | 10.02 | 4 |
| 4 | 6 | 3 | 23 | 9.14  | 4 |
| 4 | 6 | 4 | 23 | 9.40  | 4 |
| 4 | 7 | 1 | 24 | 7.91  | 4 |
| 4 | 7 | 2 | 24 | 11.58 | 4 |
| 4 | 7 | 3 | 24 | 11.65 | 4 |
| 4 | 7 | 4 | 24 | 9.34  | 4 |
| 4 | 8 | 1 | 25 | 7.41  | 4 |
| 4 | 8 | 2 | 25 | 8.58  | 4 |
| 4 | 8 | 3 | 25 | 8.44  | 4 |
| 4 | 8 | 4 | 25 | 7.67  | 4 |
| 4 | 9 | 1 | 26 | 8.48  | 4 |
| 4 | 9 | 2 | 26 | 10.18 | 4 |
| 4 | 9 | 3 | 26 | 7.68  | 4 |
| 4 | 9 | 4 | 26 | 10.85 | 4 |
| 5 | 6 | 1 | 27 | 10.71 | 4 |
| 5 | 6 | 2 | 27 | 11.35 | 4 |
| 5 | 6 | 3 | 27 | 10.00 | 4 |
| 5 | 6 | 4 | 27 | 10.09 | 4 |
| 5 | 7 | 1 | 28 | 10.49 | 4 |
| 5 | 7 | 2 | 28 | 7.36  | 4 |
| 5 | 7 | 3 | 28 | 10.79 | 4 |
| 5 | 7 | 4 | 28 | 8.05  | 4 |
| 5 | 8 | 1 | 29 | 7.49  | 4 |
| 5 | 8 | 2 | 29 | 11.45 | 4 |
| 5 | 8 | 3 | 29 | 11.02 | 4 |
| 5 | 8 | 4 | 29 | 11.01 | 4 |
| 5 | 9 | 1 | 30 | 9.04  | 4 |
| 5 | 9 | 2 | 30 | 8.38  | 4 |
| 5 | 9 | 3 | 30 | 11.08 | 4 |
| 5 | 9 | 4 | 30 | 10.06 | 4 |
| 6 | 7 | 1 | 31 | 10.96 | 4 |
| 6 | 7 | 2 | 31 | 10.97 | 4 |
| 6 | 7 | 3 | 31 | 8.59  | 4 |

|   |   |   |    |       |   |
|---|---|---|----|-------|---|
| 6 | 7 | 4 | 31 | 9.03  | 4 |
| 6 | 8 | 1 | 32 | 8.44  | 4 |
| 6 | 8 | 2 | 32 | 12.87 | 4 |
| 6 | 8 | 3 | 32 | 11.52 | 4 |
| 6 | 8 | 4 | 32 | 12.25 | 4 |
| 6 | 9 | 1 | 33 | 8.34  | 4 |
| 6 | 9 | 2 | 33 | 10.27 | 4 |
| 6 | 9 | 3 | 33 | 9.46  | 4 |
| 6 | 9 | 4 | 33 | 8.43  | 4 |
| 7 | 8 | 1 | 34 | 9.80  | 4 |
| 7 | 8 | 2 | 34 | 8.29  | 4 |
| 7 | 8 | 3 | 34 | 9.06  | 4 |
| 7 | 8 | 4 | 34 | 11.33 | 4 |
| 7 | 9 | 1 | 35 | 8.58  | 4 |
| 7 | 9 | 2 | 35 | 9.80  | 4 |
| 7 | 9 | 3 | 35 | 9.13  | 4 |
| 7 | 9 | 4 | 35 | 10.28 | 4 |
| 8 | 9 | 1 | 36 | 10.06 | 4 |
| 8 | 9 | 2 | 36 | 10.75 | 4 |
| 8 | 9 | 3 | 36 | 11.30 | 4 |
| 8 | 9 | 4 | 36 | 8.48  | 4 |

;

**PROC SORT;** BY REP ENV I J;

**PROC GLM;** CLASS REP ENV HYBRID; MODEL YIELD=ENV REP(ENV) HYBRID  
HYBRID\*ENV;

**TEST H=HYBRID E=HYBRID\*ENV; LSMEANS** HYBRID;

**PROC GLM;** CLASS REP ENV HYBRID;

**MODEL** YIELD=ENV REP(ENV) G1 G2 G3 G4 G5 G6 G7 G8 S12 S13 S14 S15 S16 S17 S18 S23 S24  
S25 S26 S27 S28 S34 S35 S36 S37 S38 S45 S46 S47 S48 S56 S57 S58 S67 S68 G1\*ENV G2\*ENV  
G3\*ENV G4\*ENV G5\*ENV G6\*ENV G7\*ENV G8\*ENV S12\*ENV S13\*ENV S14\*ENV S15\*ENV  
S16\*ENV S17\*ENV S18\*ENV S23\*ENV S24\*ENV S25\*ENV S26\*ENV S27\*ENV S28\*ENV S34\*ENV  
S35\*ENV S36\*ENV S37\*ENV S38\*ENV S45\*ENV S46\*ENV S47\*ENV S48\*ENV S56\*ENV\*ENV  
S57\*ENV S58\*ENV S67\*ENV S68\*ENV;

**CONTRAST 'GCA'** G1 1 G2 1 G3 1 G4 1 G5 1 G6 1 G7 1 G8 1;

**CONTRAST 'SCA'** S12 1 S13 1 S14 1 S15 1 S16 1 S17 1 S18 1 S23 1 S24 1 S25 1 S26 1 S27 1 S28 1  
S34 1 S35 1 S36 1 S37 1 S38 1 S45 1 S46 1 S47 1 S48 1 S56 1 S57 1 S58 1 S67 1 S68 1;

**CONTRAST 'GCA\*ENV'** G1\*ENV 1 -1 G2\*ENV 1 -1 G3\*ENV 1 -1 G4\*ENV 1 -1 G5\*ENV 1 -1 G6\*ENV  
1 -1 G7\*ENV 1 -1 G8\*ENV 1 -1;

**CONTRAST 'SCA\*ENV'** S12\*ENV 1 -1 S13\*ENV 1 -1 S15\*ENV 1 -1 S16\*ENV 1 -1 S17\*ENV 1 -1  
S18\*ENV 1 -1 S23\*ENV 1 -1 S24\*ENV 1 -1 S25\*ENV 1 -1 S26\*ENV 1 -1 S27\*ENV 1 -1 S28\*ENV 1 -1  
S34\*ENV 1 -1 S35\*ENV 1 -1 S36\*ENV 1 -1 S37\*ENV 1 -1 S38\*ENV 1 -1 S45\*ENV 1 -1 S46\*ENV 1 -1  
S47\*ENV 1 -1 S48\*ENV 1 -1 S56\*ENV 1 -1 S57\*ENV 1 -1 S58\*ENV 1 -1 S67\*ENV 1 -1 S68\*ENV 1 -1;

**ESTIMATE 'G1'** G1 1; **ESTIMATE 'G2'** G2 1; **ESTIMATE 'G3'** G3 1; **ESTIMATE 'G4'** G4 1; **ESTIMATE**  
**'G5'** G5 1; **ESTIMATE 'G6'** G6 1; **ESTIMATE 'G7'** G7 1; **ESTIMATE 'G8'** G8 1;

**ESTIMATE 'G9'** G1 -1 G2 -1 G3 -1 G4 -1 G5 -1 G6 -1 G7 -1 G8 -1;

**ESTIMATE 'S12'** S12 1; **ESTIMATE 'S13'** S13 1; **ESTIMATE 'S14'** S14 1; **ESTIMATE 'S15'** S15 1;

**ESTIMATE 'S16'** S16 1; **ESTIMATE 'S17'** S17 1; **ESTIMATE 'S18'** S18 1;

**ESTIMATE 'S23'** S23 1; **ESTIMATE 'S24'** S24 1; **ESTIMATE 'S25'** S25 1; **ESTIMATE 'S26'** S26 1;

**ESTIMATE 'S27'** S27 1; **ESTIMATE 'S28'** S28 1; **ESTIMATE 'S34'** S34 1;

**ESTIMATE 'S35'** S35 1; **ESTIMATE 'S36'** S36 1; **ESTIMATE 'S37'** S37 1; **ESTIMATE 'S38'** S38 1;

**ESTIMATE 'S45'** S45 1; **ESTIMATE 'S46'** S46 1; **ESTIMATE 'S47'** S47 1;

**ESTIMATE 'S48'** S48 1; **ESTIMATE 'S56'** S56 1; **ESTIMATE 'S57'** S57 1; **ESTIMATE 'S58'** S58 1;

**ESTIMATE 'S67'** S67 1; **ESTIMATE 'S68'** S68 1;

**ESTIMATE 'S19'** S12 -1 S13 -1 S14 -1 S15 -1 S16 -1 S17 -1 S18 -1;

**ESTIMATE 'S29'** S12 -1 S23 -1 S24 -1 S25 -1 S26 -1 S27 -1 S28 -1;

**ESTIMATE 'S39'** S13 -1 S23 -1 S34 -1 S35 -1 S36 -1 S37 -1 S38 -1;

**ESTIMATE 'S49'** S14 -1 S24 -1 S34 -1 S45 -1 S46 -1 S47 -1 S48 -1;

```
ESTIMATE 'S59' S15 -1 S25 -1 S35 -1 S45 -1 S56 -1 S57 -1 S58 -1;
ESTIMATE 'S69' S16 -1 S26 -1 S36 -1 S46 -1 S56 -1 S67 -1 S68 -1;
ESTIMATE 'S78' S12 -1 S13 -1 S14 -1 S15 -1 S16 -1 S17 -1 S18 -1 S23 -1 S24 -1 S25 -1 S26 -1 S27 -1
S28 -1 S34 -1 S35 -1 S36 -1 S37 -1 S38 -1 S45 -1 S46 -1 S47 -1 S48 -1 S56 -1 S57 -1 S58 -1 S67 -1 S68
-1;
ESTIMATE 'S79' S12 1 S13 1 S14 1 S15 1 S16 1 S18 1 S23 1 S24 1 S25 1 S26 1 S28 1 S34 1 S35 1
S36 1 S38 1 S45 1 S46 1 S48 1 S56 1 S58 1 S68 1;
ESTIMATE 'S89' S12 1 S13 1 S14 1 S15 1 S16 1 S17 1 S23 1 S24 1 S25 1 S26 1 S27 1 S34 1 S35 1
S36 1 S37 1 S45 1 S46 1 S47 1 S56 1 S57 1 S67 1;
RUN;
```

A continuación, se muestra el modelo, la estructura del ANDEVA y las fórmulas para obtener los cuadrados medios esperados (CME), los componentes de varianza, los efectos de ACG y ACE de los métodos 1, 2 y 3 de Griffing (1956), Gardner & Eberhart (1966, 1967), Hayman (1954 a y b), Hallauer & Miranda (1988), y de los métodos Carolina del Norte con los diseños I y II propuestos por Comstock & Robinson (1948).

### **Método 1 de Griffing (1956) ( $p^2$ combinaciones)**

#### **Modelo:**

$$Y_{ijkl} = \mu + g_i + g_j + S_{ij} + R_{ij} + b_k + (gb)_{ijk} + \left(\frac{1}{rn}\right) \Sigma \Sigma e_{ijkl}$$

Donde:  $\mu$  = media general del experimento,  $g_i, g_j$  = efectos de ACG de los padres i-ésimo y j-ésimo,  $S_{ij}$  = efecto de ACE para la combinación híbrida de la cruce entre los padres i-ésimo y j-ésimo.  $R_{ij}$  = efecto de la diferencia entre los híbridos i x j y j x i,  $b_k$  = efecto del bloque k,  $(gb)_{ijk}$  = interacción entre el genotipo ij y el bloque k,  $e_{ijkl}$  = efecto microambiental (error residual) de la observación (planta individual) i j k l,  $r$  = número de repeticiones o bloques,  $n$  = número de plantas evaluadas ( $l$ ) dentro de la parcela experimental, cuando se toman datos de plantas individuales.

#### **Sumas de Cuadrado (SC) de ACG para una Localidad**

$$SC_{ACG} = \left[ \frac{\Sigma (T_{i..} + T_{.i.})^2}{2rp} \right] - \left[ \frac{2(T_{...})^2}{(rp^2)} \right]$$

#### **Efectos de ACG para cada Padre (Modelo Fijo)**

$$g_i = \left[ \frac{(T_{i..} + T_{.i.})}{2rp} \right] - \left[ \frac{T_{...}}{(rp^2)} \right]; \quad \Sigma g_i = 0$$

Donde:  $g_i$  = efecto de ACG del padre i-ésimo.

**Tabla 5.8**

ANDEVA Y Cuadrados Medios Esperados (CME) Para el Análisis de Datos de Cruzamientos Dialélicos por el Método 1 (Padres, Cruzas Directas y Cruzas Recíprocas) de Griffing (1956).

| <b>ANDEVA una localidad</b>           |                           |                              |                                       |                                                                                                                                  |
|---------------------------------------|---------------------------|------------------------------|---------------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| <b>FV</b>                             | <b>GL</b>                 | <b>CM</b>                    | <b>Fc</b>                             | <b>CME</b>                                                                                                                       |
| Bloques (b)                           | b-1                       | CM <sub>1</sub>              |                                       |                                                                                                                                  |
| Genotipos (G)                         | p <sup>2</sup> -1         | CM <sub>2</sub>              |                                       | $\sigma_e^2 + b\sigma_G^2$                                                                                                       |
| ACG (g)                               | p-1                       | CM <sub>3</sub> <sub>1</sub> | F <sub>ACG1</sub>                     | $\sigma_e^2 + [\frac{2b(p-1)}{p}]\sigma_s^2 + 2bp\sigma_g^2$                                                                     |
| ACE (s)                               | p(p-1)/2                  | CM <sub>4</sub> <sub>1</sub> | CM <sub>4.1</sub> / CM <sub>6.1</sub> | $\sigma_e^2 + [\frac{2b(p^2 - p + 1)}{p^2}]\sigma_s^2$                                                                           |
| Recíprocos (R)                        | p(p-1)/2                  | CM <sub>5</sub> <sub>1</sub> | CM <sub>5.1</sub> / CM <sub>6.1</sub> | $\sigma_e^2 + 2b\sigma_R^2$                                                                                                      |
| Error (e)                             | (p <sup>2</sup> -1)(r-1)  | CM <sub>6</sub> <sub>1</sub> |                                       | $\sigma_e^2$                                                                                                                     |
| <b>ANDEVA a través de localidades</b> |                           |                              |                                       |                                                                                                                                  |
| <b>FV</b>                             | <b>GL</b>                 | <b>CM</b>                    | <b>Fc</b>                             | <b>CME</b>                                                                                                                       |
| Localidad (l)                         | l-1                       | CM <sub>1</sub>              |                                       |                                                                                                                                  |
| Bloques/l                             | l(b-1)                    | CM <sub>2</sub>              |                                       |                                                                                                                                  |
| Genotipos (G)                         | p <sup>2</sup> -1         | CM <sub>3</sub>              |                                       | $\sigma_e^2 + b\sigma_{G \times l}^2 + bl\sigma_G^2$                                                                             |
| ACG (g)                               | p-1                       | CM <sub>4</sub>              | F <sub>ACG2</sub>                     | $\sigma_e^2 + \frac{2b(p-1)}{p}\sigma_{s \times l}^2 + 2bp\sigma_{g \times l}^2 + \frac{2bl(p-1)}{p}\sigma_s^2 + 2blp\sigma_g^2$ |
| ACE (s)                               | p(p-1)/2                  | CM <sub>5</sub>              | CM <sub>5</sub> / CM <sub>9</sub>     | $\sigma_e^2 + \frac{2b(p^2 - p + 1)}{p^2}\sigma_{s \times l}^2 + \frac{2bl(p^2 - p + 1)}{p^2}\sigma_s^2$                         |
| Recíprocos (R)                        | p(p-1)/2                  | CM <sub>6</sub>              | CM <sub>6</sub> / CM <sub>10</sub>    | $\sigma_e^2 + 2b\sigma_{R \times l}^2 + 2bl\sigma_R^2$                                                                           |
| G x l                                 | GL <sub>G</sub> (l-1)     | CM <sub>7</sub>              | CM <sub>7</sub> / CM <sub>11</sub>    | $\sigma_e^2 + b\sigma_{G \times l}^2$                                                                                            |
| ACG x l                               | (p-1)(l-1)                | CM <sub>8</sub>              | F <sub>ACG3</sub>                     | $\sigma_e^2 + [\frac{2b(p-1)}{p}]\sigma_{s \times l}^2 + 2bp\sigma_{g \times l}^2$                                               |
| ACE x l                               | GL <sub>ACE</sub> (l-1)   | CM <sub>9</sub>              | CM <sub>9</sub> / CM <sub>11</sub>    | $\sigma_e^2 + [\frac{2b(p^2 - p + 1)}{p^2}]\sigma_{s \times l}^2$                                                                |
| R x l                                 | GL <sub>R</sub> (l-1)     | CM <sub>10</sub>             | CM <sub>10</sub> / CM <sub>11</sub>   | $\Sigma \sigma_e^2 + 2b\sigma_{R \times l}^2$                                                                                    |
| Error (e)                             | l(p <sup>2</sup> -1)(b-1) | CM <sub>11</sub>             |                                       | $\sigma_e^2$                                                                                                                     |

Las varianzas de los estimativos de ACG, son:

$$\sigma_{(g_i)}^2 = \left[ \frac{(p-1)\sigma_e^2}{(2rp)^2} \right]$$

$$SC_{ACG} = \left[ \frac{\sum (T_{i..} + T_{.i.})^2}{2rp} \right] - \left[ \frac{2(T_{...})^2}{(rp^2)} \right] g_i = \left[ \frac{(T_{i..} + T_{.i.})}{2rp} \right] - \left[ \frac{T_{...}}{(rp^2)} \right]; \quad \sum g_i = 0 \sigma_{(g_i)}^2$$

$$g_i = \left[ \frac{(T_{i..} + T_{.i.})}{2rp} \right] - \left[ \frac{T_{...}}{(rp^2)} \right]; \quad \sum g_i = 0 \sigma_{(g_i)}^2 = \left[ \frac{(p-1)\sigma_e^2}{(2rp)^2} \right]$$

$$\sigma_{(g_i)}^2 = \left[ \frac{(p-1)\sigma_e^2}{(2rp)^2} \right]$$

$$= \left[ \frac{(p-1)\sigma_e^2}{(2rp)^2} \right]$$

$$\sigma_{(g_i-g_j)}^2 = \left[ \frac{\sigma_e^2}{rp} \right]$$

Donde:  $\sigma_{(g_i)}^2$  = varianza de los estimados de ACG, útil para probar la hipótesis  $H_0: \sigma_{(g_i)}^2 = 0$ . Como regla, si un estimado es mayor (en valor absoluto) a dos veces la  $\sigma_{(g_i)} = \sqrt{\sigma_{(g_i)}^2}$ , entonces es significativamente distinto de cero al 5%, y si es 2,5 veces más grande, la significancia será al 1% (asumiendo que los grados de libertad del error sean mayores a 120, lo que en la mayoría de los casos se cumple). Esto tiene relación con el test de hipótesis  $t$ .  $\sigma_{(g_i-g_j)}^2$  = varianza de la diferencia entre dos estimados de ACG. Se utiliza para probar la hipótesis  $H_0: g_i = g_j$ , en donde se usa la desviación estándar de la diferencia  $\left( \sigma_{(g_i-g_j)} = \sqrt{\sigma_{(g_i-g_j)}^2} \right)$ .

### Sumas de Cuadrado (SC) de ACE para una Localidad

$$SC_{ACE} = \left[ \frac{\sum \sum Y_{ij} \cdot (Y_{ij} + Y_{ji.})}{2r} \right] - \left[ \frac{\sum (T_{i..} + T_{.i.})^2}{2rp} \right] + \left[ \frac{(T_{...})^2}{(rp^2)} \right]$$

### Efectos de ACE para cada Cruza (Modelo Fijo)

$$S_{ij} = \left[ \frac{(Y_{ij} + Y_{ji.})}{2r} \right] - \left[ \frac{(T_{i..} + T_{.i.}) + (T_{j..} + T_{.j.})}{2rp} \right] + \left[ \frac{T_{...}}{(rp^2)} \right]; \quad \sum S_{i.} = 0$$

Donde:  $S_{ij}$  = efecto de ACE para una combinación híbrida de la craza entre los padres i-ésimo y j-ésimo.



Las varianzas de parámetros relacionados a ACE se calculan así:

$$\begin{aligned}\sigma_{(S_{ii})}^2 &= \left[ \frac{(p-1)\sigma_e^2}{(rp^2)} \right] \\ \sigma_{(S_{ij})}^2 &= \left[ \frac{(p^2-2p+2)\sigma_e^2}{(2rp^2)} \right]; (i \neq j) \\ \sigma_{(S_{ii}-S_{jj})}^2 &= \left[ \frac{2(p-2)\sigma_e^2}{rp} \right]; (i \neq j) \\ \sigma_{(S_{ii}-S_{ij})}^2 &= \left[ \frac{2(3p-2)\sigma_e^2}{2rp} \right]; (i \neq j) \\ \sigma_{(S_{ii}-S_{jk})}^2 &= \left[ \frac{3(p-2)\sigma_e^2}{2rp} \right]; (i \neq j), (j \neq k) \\ \sigma_{(S_{ij}-S_{ik})}^2 &= \left[ \frac{(p-1)\sigma_e^2}{rp} \right]; (i \neq j), (j \neq k) \\ \sigma_{(S_{ij}-S_{kl})}^2 &= \left[ \frac{(p-2)\sigma_e^2}{rp} \right]; (i \neq j), (k \neq l) \\ \sigma_{(R_{ij})}^2 &= \frac{\sigma_e^2}{2} \\ \sigma_{(R_{ij}-R_{kl})}^2 &= \sigma_e^2; (i \neq j), (k \neq l)\end{aligned}$$

Las desviaciones estándar para probar las diferentes hipótesis de la ACE:

$$\begin{aligned}\sigma_{(S_{ii})} &= \sqrt{\sigma_{(S_{ii})}^2} \\ \sigma_{(S_{ij})} &= \sqrt{\sigma_{(S_{ij})}^2} \\ \sigma_{(S_{ij}-S_{ik})} &= \sqrt{\sigma_{(S_{ij}-S_{ik})}^2} \\ \sigma_{(S_{ij}-S_{kl})} &= \sqrt{\sigma_{(S_{ij}-S_{kl})}^2}\end{aligned}$$

### Sumas de Cuadrado de Recíprocos (SCR) para una Localidad

$$SC_R = \left[ \frac{\sum (C_{ij.} + C_{ji.})^2}{2r} \right]$$

Donde:  $\sum Y_{ij.}$  = sumatoria a través de repeticiones o a través de plantas individuales (en los casos de evaluarlas) de cada genotipo, sea este cruzamiento ( $i \neq j$ ) o padre ( $i = j$ ),  $T_{i..}$  = sumatoria a través de repeticiones o a través de plantas individuales (en los casos de evaluarlas), de todas las observaciones (padres o cruzamientos) derivadas del progenitor (madre o padre)  $i.$ ,  $T_{...}$  = sumatoria a través de repeticiones (y en caso de medir plantas individuales, a través de ellas también) de todas las observaciones del experimento (ya sean padres o cruzamientos),  $r$  = número de repeticiones,  $p$  = número de progenitores.  $R$  = recíprocos,  $C_{i..}$  = sumatoria a través de repeticiones o a través de plantas individuales (en los casos de evaluarlas) de todos los cruzamientos que tienen en común sea como padre o como madre al progenitor  $i$ -ésimo,  $\sigma_e^2$  = varianza del error.

$$Fc_{ACG^1} = \frac{CM_{3.1}}{[(1 - \vartheta)CM_{6.1} + \vartheta CM_{4.1}]}; \text{ donde } \vartheta = \frac{p(p-1)}{[p^2 - p + 1]} \text{ (una localidad)}$$

$$GL_{d_{ACG^1}} = \frac{((GLE)p^3(p-1)[p + 2(p-1)K]^2)}{([p^5(p-1)(1-\vartheta)^2] + 2(GLE)(\vartheta)^2[p^2 + 2ck]^2)}$$

$$\text{Donde: } d = \text{denominador, } c = p^2 - p + 1; \quad k = \frac{(p^2/2c)(CM_{4.1} - CM_{6.1})}{CM_{6.1}}$$

$$Fc_{ACG^2} = \frac{CM_4}{[(c_1 CM_5) + (c_2 CM_8) - (c_1 CM_9)]}; \text{ donde } c_1 = \frac{2(p-1)}{p}; \quad c_2 = \frac{2(p^2 - p + 1)}{p^2}$$

$$GL_{d_{ACG^2}} = \frac{[(c_1 CM_5) + (c_2 CM_8) - (c_1 CM_9)]^2 [p(p-1)(l-1)]}{\left[ \frac{c_1^2 CM_5^2}{2(l-1)} \right] + \left( \frac{c_2^2 CM_8^2}{p} \right) + (2c_2^2 CM_9^2)}$$

$$Fc_{ACG^3} = \frac{CM_8}{[(c_1 CM_9) + (c_2 - c_1)CM_{11}]} \quad c_2$$

$$GL_{d_{ACG^3}} = \frac{[(c_1 CM_9) + (c_2 - c_1) CM_{11}]^2 [pl(p^2 - 1)(p - 1)(b - 1)(l - 1)]}{\left[ \frac{c_1^2 CM_9^2}{2l(p^2 - 1)(b - 1)} \right] + \left[ \frac{(c_2 - c_1)^2 CM_{11}^2}{p(p - 1)(l - 1)} \right]}$$

### Varianzas para una Localidad (Modelo Aleatorio)

$$\sigma_g^2 = \frac{\left( CM_{3.1} - \frac{[CM_{6.1} + p(p - 1)CM_{4.1}]}{(p^2 - p + 1)} \right)}{2bp}; \text{ donde } \sigma_g^2 = \sigma_{ACG}^2$$

$$\sigma_s^2 = \frac{p^2(CM_{4.1} - CM_{6.1})}{2b(p^2 - p + 1)}; \text{ donde } \sigma_s^2 = \sigma_{ACE}^2$$

$$\sigma_R^2 = \frac{(CM_{5.1} - CM_{6.1})}{2b}$$

$$\sigma_e^2 = CM_{6.1}$$

### Varianzas Genéticas a través de Localidades (Modelo Aleatorio)

$$\sigma_g^2 = \frac{c_2 CM_4 - c_1 CM_5 - c_2 CM_8 + c_1 CM_9}{c_2 2bpl}$$

Donde  $\sigma_g^2 = \sigma_{ACG}^2$ ,  $l = \text{ambiente o localidad}$

$$\sigma_s^2 = \frac{CM_5 - CM_9}{\left[ \frac{2rl(p^2 + p - 1)}{p^2} \right]}; \text{ donde } \sigma_s^2 = \sigma_{ACE}^2$$

$$\sigma_R^2 = \frac{CM_6 - CM_{10}}{2bl}$$

$$\sigma_{g \times l}^2 = \frac{c_2 CM_8 - c_1 CM_9 + (c_2 - c_1) CM_{11}}{c_2 2bp}; \text{ donde } \sigma_{g \times l}^2 = \sigma_{ACG \times l}^2$$

$$\sigma_{s \times l}^2 = \frac{CM_9 - CM_{11}}{c_2 b}; \text{ donde } \sigma_{s \times l}^2 = \sigma_{ACE \times l}^2$$

$$\sigma_{R \times l}^2 = \frac{CM_{10} - CM_{11}}{2b}$$

*Sintaxis SAS para el método 1 de Griffing para p=5 (Zhang & Kang, 2003)*

```

OPTIONS PS=56 LS=78;
TITLE 'METHOD 1';
DATA METHOD1;
INPUT I J REP HYBRID YIELD ENV;
DROP N NI NJ P;
P=5;*NUMERO DE PADRES;
ARRAY GCA(N) G1 G2 G3 G4;
DO N=1 TO (P-1);
GCA=((I=N)-(I=P)) +((J=N)-(J=P));
END;
ARRAY SCA(N) S11 S12 S13 S14 S22 S23 S24 S33 S34 S44;
N=0;
DO NI=1 TO (P-1);
DO NJ=NI TO (P-1);
N+1;
IF NI=NJ THEN DO;
SCA=(I=NI) *((J=NJ)-(J=P)) + (I=P) *((J=P)-(J=NI)); END;
ELSE DO;
SCA=(I=NI) *(J=NJ) -(J=P) *((I=NI) +(I=NJ) -(I=P) *2) +(I=NJ) *(J=NI)
-(I=P) *((J=NI)+(J=NJ));
END; END; END;
ARRAY REC(N) R12 R13 R14 R15 R23 R24 R25 R34 R35 R45;
N=0;
DO NI=1 TO (P-1);
DO NJ=(NI+1) TO P;
N+1;
REC=(I=NI) *(J=NJ) -(J=NI) *(I=NJ) ;
END; END;
ARRAY MAT (N) M1 M2 M3 M4;
DO N=1 TO (P-1);
MAT=(I=N) +(J=P)-(J=N)-(I=P);
END;
ARRAY NONM (N) N12 N13 N14 N23 N24 N34;
N=0;
DO NI=1 TO (P-2);
DO NJ=(NI+1) TO (P-1);
N+1;
NONM=((I=NI) *(J=NJ))-(I=NJ) *(J=NI)-((I=NI) *(J=P)) +(I=NJ) *(J=P)
+((I=P) *((J=NI)-(J=NJ)));
END; END;
CARDS;
1 1 1 1 10.5 1
1 1 2 1 10.7 1
.....
Datos
.....
5 4 2 24 20.6 2
5 5 1 25 20.2 2
5 5 2 25 21.0 2
;
PROC SORT;
BY REP ENV I J;
PROC GLM;
CLASS REP ENV HYBRID;
MODEL YIELD=ENV REP(ENV) HYBRID HYBRID*ENV;
TEST H=HYBRID E=HYBRID*ENV;

```

```

LSMEANS HYBRID;
RUN;
TITLE 'DIALLEL-SAS 1'; PROC GLM; CLASS REP ENV HYBRID;
MODEL YIELD=ENV REP(ENV) G1 G2 G3 G4 S11 S12 S13 S14 S22 S23 S24 S33
S34 S44 R12 R13 R14 R15 R23 R24 R25 R34 R35 R45 G1*ENV G2*ENV G3*ENV
G4*ENV S11*ENV S12*ENV S13*ENV S14*ENV S22*ENV S23*ENV S24*ENV S33*ENV
S34*ENV S44*ENV R12*ENV R13*ENV R14*ENV R15*ENV R23*ENV R24*ENV R25*ENV
R34*ENV R35*ENV R45*ENV;
%MACRO GCASCA;
CONTRAST 'GCA' G1 1, G2 1, G3 1, G4 1;
CONTRAST 'SCA' S11 1, S12 1, S13 1, S14 1, S22 1, S23 1, S24 1, S33 1, S34
1, S44 1;
ESTIMATE 'G1' G1 1; ESTIMATE 'G2' G2 1; ESTIMATE 'G3' G3 1;
ESTIMATE 'G4' G4 1;
ESTIMATE 'G5' G1 -1 G2 -1 G3 -1 G4 -1;
ESTIMATE 'S11' S11 1; ESTIMATE 'S12' S12 1; ESTIMATE 'S13' S13 1;
ESTIMATE 'S14' S14 1; ESTIMATE 'S22' S22 1; ESTIMATE 'S23' S23 1;
ESTIMATE 'S24' S24 1; ESTIMATE 'S33' S33 1; ESTIMATE 'S34' S34 1;
ESTIMATE 'S44' S44 1;
ESTIMATE 'S15' S11 -1 S12 -1 S13 -1 S14 -1;
ESTIMATE 'S25' S12 -1 S22 -1 S23 -1 S24 -1;
ESTIMATE 'S35' S13 -1 S23 -1 S33 -1 S34 -1;
ESTIMATE 'S45' S14 -1 S24 -1 S34 -1 S44 -1;
ESTIMATE 'S55' S11 1 S12 2 S13 2 S14 2 S22 1 S23 2 S24 2 S33 1 S34 2
S44 1;
%MEND GCASCA;
%GCASCA
%MACRO INTERACT;
CONTRAST 'GCA*ENV' G1*ENV 1 -1, G2*ENV 1 -1, G3*ENV 1 -1, G4*ENV 1 -1;
CONTRAST 'SCA*ENV' S11*ENV 1 -1, S12*ENV 1 -1, S13*ENV 1 -1, S14*ENV 1 -
1, S22*ENV 1 -1, S23*ENV 1 -1, S24*ENV 1 -1, S33*ENV 1 -1, S34*ENV 1 -
1, S44*ENV 1 -1;
%MEND INTERACT;
%INTERACT
CONTRAST 'REC' R12 1, R13 1, R14 1, R15 1, R23 1, R24 1, R25 1, R34 1,
R35 1, R45 1;
ESTIMATE 'R12' R12 1; ESTIMATE 'R13' R13 1; ESTIMATE 'R14' R14 1;
ESTIMATE 'R15' R15 1; ESTIMATE 'R23' R23 1; ESTIMATE 'R24' R24 1;
ESTIMATE 'R25' R25 1; ESTIMATE 'R34' R34 1; ESTIMATE 'R35' R35 1;
ESTIMATE 'R45' R45 1;
CONTRAST 'REC*ENV' R12*ENV 1 -1, R13*ENV 1 -1, R14*ENV 1 -1, R15*ENV 1 -
1, R23*ENV 1 -1, R24*ENV 1 -1, R25*ENV 1 -1, R34*ENV 1 -1, R35*ENV 1 -
1, R45*ENV 1 -1;
CONTRAST 'MAT SS' R12 1 R13 1 R14 1 R15 1, R12 -1 R23 1 R24 1 R25 1, R13
-1 R23 -1 R34 1 R35 1, R14 -1 R24 -1 R34 -1 R45 1;
ESTIMATE 'MAT1' R12 1 R13 1 R14 1 R15 1/DIVISOR=4;
ESTIMATE 'MAT2' R12 -1 R23 1 R24 1 R25 1/DIVISOR=4;
ESTIMATE 'MAT3' R13 -1 R23 -1 R34 1 R35 1/DIVISOR=4;
ESTIMATE 'MAT4' R14 -1 R24 -1 R34 -1 R45 1/DIVISOR=4;
ESTIMATE 'MAT5' R15 -1 R25 -1 R35 -1 R45 -1/DIVISOR=4;
RUN;
TITLE 'DIALLEL-SAS 2';
PROC GLM;
CLASS REP ENV HYBRID;
MODEL YIELD=ENV REP(ENV) G1 G2 G3 G4 S11 S12 S13 S14 S22 S23 S24 S33
S34 S44 M1 M2 M3 M4 N12 N13 N14 N23 N24 N34 G1*ENV G2*ENV G3*ENV
G4*ENV S11*ENV S12*ENV S13*ENV S14*ENV S22*ENV S23*ENV S24*ENV S33*ENV
S34*ENV S44*ENV M1*ENV M2*ENV M3*ENV M4*ENV N12*ENV N13*ENV N14*ENV
N23*ENV N24*ENV N34*ENV;

```

```
%GCASCA
%INTERACT
CONTRAST 'MAT SS' M1 1, M2 1, M3 1, M4 1 ;
CONTRAST 'NONM SS' N12 1, N13 1, N14 1, N23 1, N24 1, N34 1 ;
CONTRAST 'MAT*ENV' M1*ENV 1 -1, M2*ENV 1 -1, M3*ENV 1 -1, M4*ENV 1 -1 ;
CONTRAST 'NONM*ENV' N12*ENV 1 -1, N13*ENV 1 -1, N14*ENV 1 -1, N23*ENV 1 -
1, N24*ENV 1 -1, N34*ENV 1 -1;
ESTIMATE 'M1' M1 1; ESTIMATE 'M2' M2 1; ESTIMATE 'M3' M3 1;
ESTIMATE 'M4' M4 1; ESTIMATE 'M5' M1 -1 M2 -1 M3 -1 M4 -1;
ESTIMATE 'N12' N12 1; ESTIMATE 'N13' N13 1; ESTIMATE 'N14' N14 1;
ESTIMATE 'N23' N23 1; ESTIMATE 'N24' N24 1; ESTIMATE 'N34' N34 1;
ESTIMATE 'N15' N12 -1 N13 -1 N14 -1; ESTIMATE 'N25' N12 1 N23 -1 N24 -1;
ESTIMATE 'N35' N13 1 N23 1 N34 -1;
ESTIMATE 'N45' N14 1 N24 1 N34 1;
RUN;
```

## Método 2 de Griffing (1956) ( $[1/2p(p+1)]$ combinaciones)

Modelo:

$$Y_{ijkl} = \mu + g_i + g_j + S_{ij} + b_k + (gb)_{ijk} + \left(\frac{1}{rn}\right) \Sigma \Sigma e_{ijkl}$$

**Tabla 5.9**

ANDEVA Y CME Para el Análisis de Datos de Cruzamientos Dialélicos Por el Método 2 (Padres, Cruzas Directas, Sin Recíprocas) de Griffing (1956).

| ANDEVA una localidad |                                   |                   |                                      |                                               |
|----------------------|-----------------------------------|-------------------|--------------------------------------|-----------------------------------------------|
| FV                   | GL                                | CM                | Fc                                   | CME                                           |
| Bloques (b)          | b-1                               | CM <sub>1</sub>   |                                      |                                               |
| Genotipos (G)        | (p(p+1)/2)-1                      | CM <sub>2</sub>   |                                      | $\sigma_e^2 + b\sigma_G^2$                    |
| ACG (g)              | p-1                               | CM <sub>3.1</sub> | CM <sub>3.1</sub> /CM <sub>4.1</sub> | $\sigma_e^2 + b\sigma_s^2 + b(p+2)\sigma_g^2$ |
| ACE (s)              | p(p-1)/2                          | CM <sub>4.1</sub> | CM <sub>4.1</sub> /CM <sub>5.1</sub> | $\sigma_e^2 + b\sigma_s^2$                    |
| Error (e)            | GL <sub>b</sub> x GL <sub>G</sub> | CM <sub>5.1</sub> |                                      | $\sigma_e^2$                                  |

| ANDEVA a través de localidades |                          |                  |                                   |                                                                                                        |
|--------------------------------|--------------------------|------------------|-----------------------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| FV                             | GL                       | CM               | Fc                                | CME                                                                                                    |
| Localidad (l)                  | l-1                      | CM <sub>1</sub>  |                                   |                                                                                                        |
| Bloques/l                      | l(b-1)                   | CM <sub>2</sub>  |                                   |                                                                                                        |
| Genotipos (G)                  | (p(p+1)/2)-1             | CM <sub>3</sub>  | CM <sub>3</sub> /CM <sub>7</sub>  | $\sigma_e^2 + b\sigma_{G \times l}^2 + bl\sigma_G^2$                                                   |
| ACG (g)                        | p-1                      | CM <sub>4</sub>  | F <sub>ACG</sub> <sup>1</sup>     | $\sigma_e^2 + b\sigma_{s \times l}^2 + b(p+2)\sigma_{g \times l}^2 + bl\sigma_s^2 + bl(p+2)\sigma_g^2$ |
| ACE (s)                        | p(p-2)/2                 | CM <sub>5</sub>  | CM <sub>5</sub> /CM <sub>9</sub>  | $\sigma_e^2 + b\sigma_{s \times l}^2 + bl\sigma_s^2$                                                   |
| G x l                          | GL <sub>G</sub> (l-1)    | CM <sub>7</sub>  | CM <sub>7</sub> /CM <sub>11</sub> | $\sigma_e^2 + b\sigma_{G \times l}^2$                                                                  |
| ACG x l                        | (p-1)(l-1)               | CM <sub>8</sub>  | CM <sub>8</sub> /CM <sub>11</sub> | $\sigma_e^2 + b\sigma_{s \times l}^2 + b(p+2)\sigma_{gl}^2$                                            |
| ACE x l                        | GL <sub>ACE</sub> (l-1)  | CM <sub>9</sub>  | CM <sub>9</sub> /CM <sub>11</sub> | $\sigma_e^2 + b\sigma_{s \times l}^2$                                                                  |
| Error                          | l(GL <sub>G</sub> )(b-1) | CM <sub>10</sub> |                                   | $\sigma_e^2$                                                                                           |

$$Fc_{ACG^1} = \frac{CM_4}{CM_5 + CM_8 - CM_9}$$

$$GL_{d_{ACG^1}} = \frac{(CM_5 + CM_8 - CM_9)^2}{\left[ \frac{CM_8^2}{(p-1)(l-1)} \right] + \left[ \frac{CM_9^2}{(p(p-1)/2)(l-1)} \right] + \left[ \frac{CM_5^2}{(p(p-1)/2)} \right]}$$

Sumas de Cuadrado (SC) de ACG para una Localidad

$$SC_{ACG} = \frac{\left[ \frac{\Sigma(T_{i..} + T_{.i})^2}{r} \right] - \left[ \frac{4(T_{...})^2}{(rp)} \right]}{(p+2)}$$

### Efectos de ACG para cada Padre (Modelo Fijo)

$$g_i = \left[ \frac{(T_{i..} + T_{.i.})}{r(p+2)} \right] - \left[ \frac{2T_{...}}{rp(p+2)} \right]; \quad \Sigma g_i = 0$$

Las varianzas de los estimativos de ACG, son:

$$\sigma_{(g_i)}^2 = \left[ \frac{(p-1)\sigma_e^2}{rp(p+2)} \right]$$

$$\sigma_{(g_i - g_j)}^2 = \left[ \frac{2\sigma_e^2}{r(p+2)} \right]$$

### Sumas de Cuadrado (SC) de ACE para una Localidad

$$SC_{ACE} = \left[ \frac{\Sigma \Sigma Y_{ij} (Y_{ij} + Y_{ji.})}{2r} \right] - \left[ \frac{\Sigma (T_{i..} + T_{.i.})^2}{2rp} \right] + \left[ \frac{(T_{...})^2}{(rp^2)} \right]$$

### Efectos de ACE para cada Cruza (Modelo Fijo)

$$S_{ij} = \left[ \frac{C_{ij.}}{r} \right] - \left[ \frac{(T_{i..} + T_{.i.}) + (T_{j..} + T_{.j.})}{r(p+2)} \right] + \left[ \frac{2T_{...}}{r(p+1)(p+2)} \right]; \quad 2S_{ii} + \Sigma S_{i.} = 0$$

Las varianzas de parámetros de ACE, se calculan así:

$$\sigma_{(S_{ii})}^2 = \left[ \frac{p(p-1)\sigma_e^2}{r(p+1)(p+2)} \right]$$

$$\sigma_{(S_{ij})}^2 = \left[ \frac{(p^2 - p + 2)\sigma_e^2}{r(p+1)(p+2)} \right]; \quad (i \neq j)$$

$$\sigma_{(S_{ii} - S_{jj})}^2 = \left[ \frac{2(p-2)\sigma_e^2}{r(p+2)} \right]; \quad (i \neq j)$$

$$\sigma_{(S_{ij} - S_{ik})}^2 = \left[ \frac{2(p+1)\sigma_e^2}{r(p+2)} \right]; \quad (i \neq j), (j \neq k)$$

$$\sigma_{(S_{ij} - S_{kl})}^2 = \left[ \frac{2p\sigma_e^2}{r(p+2)} \right]; \quad (i \neq j), (k \neq l)$$



### Varianzas para una Localidad (Modelo Aleatorio)

$$\sigma_g^2 = \frac{(CM_{3.1} - CM_{4.1})}{b(p+2)}; \text{ donde } \sigma_g^2 = \sigma_{ACG}^2$$

$$\sigma_s^2 = \frac{(CM_{4.1} - CM_{5.1})}{b}; \text{ donde } \sigma_s^2 = \sigma_{ACE}^2$$

$$\sigma_e^2 = CM_{5.1}$$

### Varianzas Genéticas a través de Localidades

$$\sigma_g^2 = \frac{CM_4 - CM_5 - CM_8 + CM_9}{bl(p+2)}; \text{ donde } \sigma_g^2 = \sigma_{ACG}^2$$

$$\sigma_s^2 = \frac{CM_5 - CM_9}{bl}; \text{ donde } \sigma_s^2 = \sigma_{ACE}^2$$

$$\sigma_{g \times l}^2 = \frac{CM_8 - CM_9}{b(p+2)}; \text{ donde } \sigma_{g \times l}^2 = \sigma_{ACG \times l}^2$$

$$\sigma_{s \times l}^2 = \frac{CM_9 - CM_{10}}{b}; \text{ donde } \sigma_{s \times l}^2 = \sigma_{ACE \times l}^2$$

### Sintaxis SAS para el Método 2 de Griffing para p=5 (Zhang & Kang, 2003)

```

DATA METHOD2;
TITLE 'METHOD 2';
INPUT I J REP HYBRID YIELD ENV;
DROP N NI NJ P;
P=5; *NUMERO DE PARENTALES;
ARRAY GCA(N) G1 G2 G3 G4;
DO N=1 TO (P-1);
GCA=((I=N)-(I=P)) + ((J=N)-(J=P));
END;
ARRAY SCA(N) S11 S12 S13 S14 S22 S23 S24 S33 S34 S44;
N=0;
DO NI=1 TO (P-1);
DO NJ=NI TO (P-1);
N+1;
IF NI=NJ THEN DO;
SCA=(I=NI)*((J=NJ)-(J=P)*2)+(I=P)*(J=P); END;
ELSE DO;
SCA=(I=NI)*(J=NJ)-(J=P)*((I=NI)+(I=NJ)-(I=P));
END;END;END;
CARDS;
1      1      1      1      70      1
1      1      2      1      75      1
1      2      1      2      60      1
.....
Datos
.....

```

```

5      5      1      15      120      2
5      5      2      15      135      2
;
PROC SORT;
BY REP ENV I J;
PROC GLM;
CLASS REP ENV HYBRID;
MODEL YIELD=ENV REP(ENV) HYBRID HYBRID*ENV;
TEST H=HYBRID E=HYBRID*ENV;
LSMEANS HYBRID;
PROC GLM;
CLASS REP ENV HYBRID;
MODEL YIELD=ENV REP(ENV) G1 G2 G3 G4 S11 S12 S13 S14 S22 S23 S24 S33 S34 S44
G1*ENV
G2*ENV G3*ENV G4*ENV S11*ENV S12*ENV S13*ENV S14*ENV
S22*ENV S23*ENV S24*ENV S33*ENV S34*ENV S44*ENV;
CONTRAST 'GCA' G1 1, G2 1, G3 1, G4 1;
CONTRAST 'SCA' S11 1, S12 1, S13 1, S14 1, S22 1, S23 1, S24 1, S33 1, S34 1, S44 1;
ESTIMATE 'G1' G1 1; ESTIMATE 'G2' G2 1; ESTIMATE 'G3' G3 1; ESTIMATE 'G4' G4 1;
ESTIMATE 'G5' G1 -1 G2 -1 G3 -1 G4 -1;
ESTIMATE 'S11' S11 1; ESTIMATE 'S12' S12 1; ESTIMATE 'S13' S13 1;
ESTIMATE 'S14' S14 1; ESTIMATE 'S22' S22 1; ESTIMATE 'S23' S23 1;
ESTIMATE 'S24' S24 1; ESTIMATE 'S33' S33 1; ESTIMATE 'S34' S34 1;
ESTIMATE 'S44' S44 1;
ESTIMATE 'S15' S11 -1 S12 -1 S13 -1 S14 -1;
ESTIMATE 'S25' S12 -1 S22 -1 S23 -1 S24 -1;
ESTIMATE 'S35' S13 -1 S23 -1 S33 -1 S34 -1;
ESTIMATE 'S45' S14 -1 S24 -1 S34 -1 S44 -1;
ESTIMATE 'S55' S11 1 S12 2 S13 2 S14 2 S22 1 S23 2 S24 2 S33 1 S34 2 S44 1;
CONTRAST 'GCA*ENV' G1*ENV 1 -1, G2*ENV 1 -1, G3*ENV 1 -1, G4*ENV 1 -1;
CONTRAST 'SCA*ENV' S11*ENV 1 -1, S12*ENV 1 -1, S13*ENV 1 -1, S14*ENV 1 -1, S22*ENV 1 -
1, S23*ENV 1 -1, S24*ENV 1 -1, S33*ENV 1 -1, S34*ENV 1 -1, S44*ENV 1 -1;
RUN;

```

### Método 3 de Griffing (1956) ( $[p(p-1)]$ Combinaciones)

**Modelo:**

$$Y_{ijkl} = \mu + g_i + g_j + S_{ij} + R_{ij} + b_k + (gb)_{ijk} + \left(\frac{1}{rn}\right) \Sigma \Sigma e_{ijkl}$$

**Tabla 5.10**

ANDEVA Y CME Para el Análisis de Datos de Cruzamientos Dialélicos por el Método 3 (Cruzas Directas y Recíprocas, sin los Padres) de Griffing (1956).

| ANDEVA Una localidad           |                         |                   |                                      |                                                                                                            |
|--------------------------------|-------------------------|-------------------|--------------------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| FV                             | GL                      | CM                | Fc                                   | CME                                                                                                        |
| Bloques (b)                    | b-1                     | CM <sub>1</sub>   |                                      |                                                                                                            |
| Genotipos (G)                  | p(p-1)-1                | CM <sub>2</sub>   |                                      | $\sigma_e^2 + b\sigma_G^2$                                                                                 |
| ACG (g)                        | p-1                     | CM <sub>3.1</sub> | CM <sub>3.1</sub> /CM <sub>4.1</sub> | $\sigma_e^2 + 2b\sigma_s^2 + 2b(p-2)\sigma_g^2$                                                            |
| ACE (s)                        | p(p-3)/2                | CM <sub>4.1</sub> | CM <sub>4.1</sub> /CM <sub>6.1</sub> | $\sigma_e^2 + 2b\sigma_s^2$                                                                                |
| Recíprocos ®                   | p(p-1)/2                | CM <sub>5.1</sub> | CM <sub>5.1</sub> /CM <sub>6.1</sub> | $\sigma_e^2 + 2b\sigma_R^2$                                                                                |
| Err®(e)                        | (b-1)GL <sub>G</sub>    | CM <sub>6.1</sub> |                                      | $\sigma_e^2$                                                                                               |
| ANDEVA a través de localidades |                         |                   |                                      |                                                                                                            |
| FV                             | GL                      | CM                | Fc                                   | CME                                                                                                        |
| Localidad (l)                  | l-1                     | CM <sub>1</sub>   |                                      |                                                                                                            |
| Bloques/l                      | l(b-1)                  | CM <sub>2</sub>   |                                      |                                                                                                            |
| Genotipos (G)                  | p(p-1)-1                | CM <sub>3</sub>   |                                      | $\sigma_e^2 + 2b\sigma_{Gl}^2 + rl\sigma_G^2$                                                              |
| ACG (g)                        | p-1                     | CM <sub>4</sub>   | F <sub>ACG1</sub>                    | $\sigma_e^2 + 2b\sigma_{s \times l}^2 + 2b(p-2)\sigma_{g \times l}^2 + 2bl\sigma_s^2 + 2bl(p-2)\sigma_g^2$ |
| ACE (s)                        | p(p-3)/2                | CM <sub>5</sub>   | CM <sub>5</sub> /CM <sub>8</sub>     | $\sigma_e^2 + 2b\sigma_{s \times l}^2 + 2bl\sigma_s^2$                                                     |
| Recíprocos (R)                 | p(p-1)/2                | CM <sub>6</sub>   | CM <sub>6</sub> /CM <sub>11</sub>    | $\sigma_e^2 + 2b\sigma_{R \times l}^2 + 2bl\sigma_R^2$                                                     |
| G x l                          | (l-1)GL <sub>G</sub>    | CM <sub>7</sub>   | CM <sub>7</sub> /CM <sub>11</sub>    | $\sigma_e^2 + b\sigma_{Gl}^2$                                                                              |
| ACG x l                        | (p-1)(l-1)              | CM <sub>8</sub>   | CM <sub>8</sub> /CM <sub>11</sub>    | $\sigma_e^2 + 2b\sigma_{s \times l}^2 + 2b(p-2)\sigma_{gl}^2$                                              |
| ACE x l                        | GL <sub>ACE</sub> (l-1) | CM <sub>9</sub>   | CM <sub>9</sub> /CM <sub>11</sub>    | $\sigma_e^2 + 2b\sigma_{s \times l}^2$                                                                     |
| ®Error (e)                     | lGL <sub>G</sub> (r-1)  | CM <sub>11</sub>  |                                      | $\sigma_e^2$                                                                                               |

$$F_{C_{ACG1}} = \frac{CM_4}{CM_5 + CM_8 - CM_9}$$

$$GL_{d_{ACG1}} = \frac{[CM_5 + CM_8 - CM_9]^2}{\left[\frac{CM_8^2}{(p-1)(l-1)}\right] + \left[\frac{CM_9^2}{\left(\frac{p(p-3)}{2}\right)(l-1)}\right] + \left[\frac{CM_5^2}{p(p-3)/2}\right]}$$

### Sumas de Cuadrado (SC) de ACG para una Localidad

$$SC_{ACG} = \frac{\sum (C_{i..} + C_{.i.})^2}{2r(p-2)} - \frac{2(T_{...})^2}{rp(p-2)}$$

### Efectos de ACG para cada Padre (Modelo Fijo)

$$g_i = \frac{p(C_{i..} + C_{.i.}) - 2T_{...}}{2rp(p-2)} =; \sum g_i = 0$$

Las varianzas de los estimadores de ACG son las siguientes:

$$\sigma_{(g_i)}^2 = \left[ \frac{(p-1)\sigma_e^2}{2rp(p-2)} \right]$$

$$\sigma_{(g_i - g_j)}^2 = \left[ \frac{\sigma_e^2}{r(p-2)} \right]$$

### Sumas de Cuadrado (SC) de ACE para una Localidad

$$SC_{ACE} = \left[ \frac{\sum (C_{ij.} + C_{ji.})^2}{2r} \right] - \left[ \frac{\sum (C_{i..} + C_{.i.})^2}{2r(p-2)} \right] + \left[ \frac{(T_{...})^2}{r(p-1)(p-2)} \right]$$

### Efectos de ACE para cada Cruza (Modelo Fijo)

$$s_{ij} = \left[ \frac{C_{ij.} + C_{ji.}}{2r} \right] - \left[ \frac{(C_{i..} + C_{.i.}) + (C_{j..} + C_{.j.})}{2r(p-2)} \right] + \left[ \frac{T_{...}}{r(p-1)(p-2)} \right]; \sum s_{i.} = 0$$

Las varianzas de parámetros de ACE corresponden a:

$$\sigma_{(s_{ij})}^2 = \left[ \frac{(p-3)\sigma_e^2}{2r(p-1)} \right]; (i \neq j)$$

$$\sigma_{(s_{ij} - s_{ik})}^2 = \left[ \frac{(p-3)\sigma_e^2}{r(p-2)} \right]; (i \neq j), (j \neq k)$$

$$\sigma_{(s_{ij} - s_{kl})}^2 = \left[ \frac{(p-4)\sigma_e^2}{r(p-2)} \right]; (i \neq j), (k \neq l)$$

### Sumas de Cuadrado de Recíprocos (SCR) para una Localidad

$$SC_R = \left[ \frac{\sum (C_{ij.} + C_{ji.})^2}{2r} \right]$$

### Varianzas para una Localidad (Modelo Aleatorio)

$$\sigma_g^2 = \frac{(CM_{3.1} - CM_{4.1})}{2b(p-2)}; \text{ donde } \sigma_g^2 = \sigma_{ACG}^2$$

$$\sigma_s^2 = \frac{(CM_{4.1} - CM_{6.1})}{2b}; \text{ donde } \sigma_s^2 = \sigma_{ACE}^2$$

$$\sigma_R^2 = \frac{(CM_{5.1} - CM_{6.1})}{2b}$$

$$\sigma_e^2 = CM_{6.1}$$

### Varianzas Genéticas a través de Localidades

$$\sigma_g^2 = \frac{CM_4 - CM_5 - CM_8 + CM_9}{2[bl(p-2)]}; \text{ donde } \sigma_g^2 = \sigma_{ACG}^2$$

$$\sigma_s^2 = \frac{CM_5 - CM_9}{2bl}; \text{ donde } \sigma_s^2 = \sigma_{ACE}^2$$

$$\sigma_R^2 = \frac{CM_6 - CM_{10}}{2bl}$$

$$\sigma_{g \times l}^2 = \frac{CM_8 - CM_9}{[2b(p-2)]}; \text{ donde } \sigma_{g \times l}^2 = \sigma_{ACG \times l}^2$$

$$\sigma_{s \times l}^2 = \frac{CM_9 - CM_{11}}{2b}; \text{ donde } \sigma_{s \times l}^2 = \sigma_{ACE \times l}^2$$

$$\sigma_{R \times l}^2 = \frac{CM_{10} - CM_{11}}{2b}$$

### Sintaxis SAS para el método 3 de Griffing para p=5 (Zhang & Kang, 2'03)

```
TIT'E 'METHOD 3';
DATA METHOD3;
INPUT I J REP HYBRID YIELD ENV;
DROP N NI NJ P;
P=5;*NUMERO DE PARENTALES;
ARRAY GCA(N) G1 G2 G3 G4;
DO N=1 TO (P-1);
GCA=((I=N)-(I=P)) + ((J=N)-(J=P));
END;
```

```

ARRAY SCA(N) S12 S13 S14 S23 S24;
N=0;
DO NI=1 TO (P-3);
DO NJ=NI+1 TO (P-1);
N+1;
SCA=(I=NI) *(J=NJ)-((I=NI) +(I=NJ)) *(J=P) +(J=NI) *(I=NJ)
-(I=P) *((J=NI) +(J=NJ));
IF ((I>=(P-2)) &(J>=(P-1))) |((I>=(P-1)) y(J>=(P-2))) THEN DO;
SCA=-(I=(P-2)) *(J=(P-1)) +(I>=(P-2)) *(J=P)-*(I NE NJ) -(J=(P-2)) *(I=(P1)) +(J>=(P-2))
*(I=P)*(J
NE NJ);
END ; END ; END ;
ARRAY REC(N) R12 R13 R14 R15 R23 R24 R25 R34 R35 R45;
N=0;
DO NI=1 TO (P-1);
DO NJ=(NI+1) TO P;
N+1 ;
REC=(I=-I) *(J=NJ) -(J=NI) *(I=NJ) ;
END; END;
ARRAY MAT(N) M1 M2 M3 M4;
DO N=1 TO (P-1);
MAT=(I=N) +(J=P)-(J=N)-(I=P);
END;
ARRAY NONM(N) N12 N13 N14 N23 N24 N34;
N=0;
DO NI=1 TO (P-2);
DO NJ=(NI+1) TO (P-1);
N+1;
NONM=((I=NI) *(J=NJ))-((I=NJ) *(J=NI) +(((I=NJ)-(I=NI)) *(J=P))
+((I=P) *((J=NI)-(J=NJ)));
END;END;
CARDS;
1      2      1      2      60      1
1      2      2      2      72      1
1      2      3      2      72      1
.....
2      1      1      6      110     1
2      1      2      6      100     1
Datos
.....
5      3      3      21      138     2
5      3      4      21      140     2
4      5      1      22      77      2
4      5      2      22      126     2
4      5      3      22      54      2
4      5      4      22      102     2
5      4      1      23      132     2
5      4      2      23      62      2
5      4      3      23      140     2
5      4      4      23      68      2
;
PROC SORT;
BY ENV REP I J;
PROC GLM;
CLASS REP ENV HYBRID;
MODEL YIELD=ENV REP(ENV) HYBRID ENV*HYBRID;
TEST H=HYBRID E=ENV*HYBRID;
TEST H=ENV E=REP(ENV);
LSMEANS HYBRID;'RUN';
TITLE 'D'ALLEL-SAS 1';

```

```

PROC GLM; CLASS REP HYBRID ENV;
MODEL YIELD=ENV REP(ENV) G1 G2 G3 G4 S12 S13 S14 S23 S24 R12 R13 R14 R15 R23 R2' R25
R34 R35 '45 G1*ENV G2*ENV G3*ENV G4*ENV S12*ENV S13*ENV S14*ENV S23*ENV S2*ENV
R12*ENV '13*ENV R14*ENV R15*ENV R23*ENV R24*ENV R25*ENV R34*ENV R35*ENV R45*ENV;
%MACRO GCASC;
C'NTRAST 'GCA' G1 1, G2 1, G3 1, G4 ;
C'NTRAST 'SCA' S12 1, S13 1, S14 1, S23 1, S24 ;
'STIMATE 'G1' G1 ; 'STIMATE 'G2' G2 ; 'STIMATE 'G3' G3 ;
'STIMATE 'G4' G4 ;
'STIMATE 'G5' G1 -1 G2 -1 G3 -1 G4 -;
E'TIMATE 'S12' S12 ; E'TIMATE 'S13' S13 ; E'TIMATE 'S14' S14 ;
E'TIMATE 'S23' S23 ; E'TIMATE 'S24' S24 ;
E'TIMATE 'S15' S12 -1 S13 -1 S14 -; E'TIMATE 'S25' S12 -1 S23 -1 S24 ;
E'TIMATE 'S34' S12 -1 S13 -1 S14 -1 S23 -1 S24 -;
E'TIMATE 'S35' S12 1 S14 1 S24 ; E'TIMATE 'S45' S12 1 S13 1 S23 1;
%MEND GCASCA;
%GCAS'A
C'NTRAST 'REC' R12 1, R13 1, R14 1, R15 1, R23 1, R24 1, R25 1, R34 1, R35 1, R45 ;
E'TIMATE 'R12' R12 ; E'TIMATE 'R13' R13 ; E'TIMATE 'R14' R14 ;
E'TIMATE 'R15' R15 ; E'TIMATE 'R23' R23 ; E'TIMATE 'R24' R24 ;
E'TIMATE 'R25' R25 ; E'TIMATE 'R34' R34 ; E'TIMATE 'R35' R35 ;
E'TIMATE 'R45' R45 ;
CONTR'AST 'MAT SS' R12 1 R13 1 R14 1 R15 1, R12 -1 R23 1 R24 1 R25 1,
R13 -1 R23 -1 R34 1 R35 1, R14 -1 R24 -1 R34 -1 R45 ;
ES'IMATE 'MAT1' R12 1 R13 1 R14 1 R15 1/DIVISOR=;
ES'IMATE 'MAT2' R12 -1 R23 1 R24 1 R25 1/DIVISOR=;
ES'IMATE 'MAT3' R13 -1 R23 -1 R34 1 R35 1/DIVISOR=;
ES'IMATE 'MAT4' R14 -1 R24 -1 R34 -1 R45 1/DIVISOR=;
ES'IMATE 'MAT5' R15 -1 R25 -1 R35 -1 R45 -1/DIVISOR=4;
%MACRO INTERAC;
CONTR'ST 'GCA*ENV' G1*ENV 1 -1, G2*ENV 1 -1, G3*ENV 1 -1, G4*ENV 1 -;
CONTR'ST 'SCA*ENV' S12*ENV 1 -1, S13*ENV 1 -1, S14*ENV 1 -1, S23*ENV 1 1, S24*ENV 1 -1;
%MEND INTERACT;
%INTERA'T
CONTR'ST 'REC*ENV' R12*ENV 1 -1, R13*ENV 1 -1, R14*ENV 1 -1, R15*ENV 1 -1, R23*ENV 1 -
1, R24*ENV 1 -1, R25*ENV 1 -1, R34*ENV 1 -1, R35*ENV 1 -1, R35*ENV 1 -1, R45*ENV 1 -1; RUN;
TITLE 'D'ALLEL-SAS 2';
PROC GLM;
CLASS REP HYBRID ENV;
MODEL YIELD=ENV REP(ENV) G1 G2 G3 G4 S12 S13 S14 S23 S24 M1 M2 M3 M4 N12 N13 N14 N23
N24 N34 G1*ENV G2*ENV G3*ENV G4*ENV S12*ENV S13*ENV S14*ENV S23*ENV S24*ENV
M1*ENV M2*ENV M3*ENV M4*ENV N12*ENV N13*ENV N14*ENV N23*ENV N24*ENV N34*ENV;
%GCASCA
%INTERA'T
C'NTRAST 'MAT' M1 1, M2 1, M3 1, M4 ;
CO'TRAST 'NONM' N12 1, N13 1, N14 1, N23 1, N24 1, N34 ;
'STIMATE 'M1' M1 ; 'STIMATE 'M2' M2 ; 'STIMATE 'M3' M3 ;
'STIMATE 'M4' M4 ; 'STIMATE 'M5' M1 -1 M2 -1 M3 -1 M4 -;
E'TIMATE 'N12' N12 ; E'TIMATE 'N13' N13 ; E'TIMATE 'N14' N14 ;
E'TIMATE 'N23' N23 ; E'TIMATE 'N24' N24 ; E'TIMATE 'N34' N34 ;
E'TIMATE 'N15' N12 -1 N13 -1 N14 -;
E'TIMATE 'N25' N12 1 N23 -1 N24 -;
E'TIMATE 'N35' N13 1 N23 1 N34 -;
E'TIMATE 'N45' N14 1 N24 1 N34 1;
CONTR'ST 'MAT*ENV' M1*ENV 1 -1, M2*ENV 1 -1, M3*ENV 1 -1, M4*ENV 1 -1;
CONTRA'T 'NONM*ENV' N12*ENV 1 -1, N13*ENV 1 -1, N14*ENV 1 -1, N23*ENV 1 -1, N24*ENV 1 -1,
N34*ENV 1 -1 ;

```

## Análisis II de Gardner & Eberhart (1966, 1967)

### Aplicación

Grupos parentales totalmente homocigotos ( $F=1$ ) o grupos sin ningún grado de endogamia. Pero los grupos deben tener el mismo grado de endocria. En el análisis se incluyen padres y cruza.

### Modelo

Solo se aplica para el modelo tipo fijo (I)

$$Y_{ij} = \mu_v + (1/2)(V_i + V_j) + \gamma H_{ij}$$

Donde:  $\gamma = 1$  para las cruza ( $i \neq j$ ),  $\gamma = 0$  para los padres ( $i = j$ ),  $\mu_v$  = promedio de todos los progenitores;  $V_i, V_j$  = efectos varietales de los padres  $i$  y  $j$ , respectivamente,  $H_{ij}$  = heterosis expresada por una determinada cruza (diferencia entre la cruza y el promedio de sus Padres).

$$H_{ij} = \bar{h} + (h_i + h_j) + h_{ij}$$

### Modelo General

$$Y_{ij} = \mu_v + (1/2)(V_i + V_j) + \gamma \bar{h} + \gamma(h_i + h_j) + \gamma h_{ij}$$

Donde:  $\bar{h}$  = heterosis promedio (diferencia entre los promedios de todos los padres y el de todas las cruza),  $h_i, h_j$  = heterosis varietales de los padres  $i$  y  $j$ , respectivamente (diferencia entre todas las cruza de un determinado padre y el promedio de todas las cruza del experimento),  $h_{ij}$  = heterosis específica manifestada en el cruzamiento del padre  $i$  con el  $j$  (desviación de la cruza respecto a las heterosis promedio del experimento y de las heterosis varietales de los dos progenitores de dicha cruza).

### Análisis de varianza

#### Factor de corrección (FC)

$$FC = \frac{(\sum Y_{ijk})^2}{[r \times p \times (p + 1)/2]}$$

#### Sumas de cuadrado del total (SCt)

$$SCt = \sum (Y_{ijk})^2 - FC$$



### SC repeticiones (SCr)

$$SCr = \frac{\sum (Y_{..k})^2}{[r \times p \times (p + 1)/2]} - FC$$

### SC genotipos (SCg)

$$SCg = \frac{\sum (Y_{ij.})^2}{r} - FC$$

### SC error (SCe)

$$SCe = SCt - SCg - SCr$$

Las **SCg** se particiona en efectos de variedades y heterosis. La heterosis, por su parte, se particiona en heterosis promedio, heterosis varietal, y heterosis específica. El siguiente cuadro, provee la información necesaria para completar el análisis genético:

| <b>Padres</b>  | <b>2</b>  | <b>3</b>  | <b>4</b>  | <b>Cruzas <math>C_{i..}</math></b> | <b>Padres <math>P_{ii.}</math></b> | <b><math>\sum C_{i..} + (2 \times P_{ii.})</math></b> |
|----------------|-----------|-----------|-----------|------------------------------------|------------------------------------|-------------------------------------------------------|
| <b>1</b>       | $Y_{12.}$ | $Y_{13.}$ | $Y_{14.}$ | $Y_{12.} + Y_{13.} + Y_{14.}$      | $Y_{11.}$                          | $(Y_{12.} + Y_{13.} + Y_{14.}) + (2Y_{11.})$          |
| <b>2</b>       |           | $Y_{23.}$ | $Y_{24.}$ | $Y_{12.} + Y_{23.} + Y_{24.}$      | $Y_{22.}$                          | $(Y_{12.} + Y_{23.} + Y_{24.}) + (2Y_{22.})$          |
| <b>3</b>       |           |           | $Y_{34.}$ | $Y_{13.} + Y_{23.} + Y_{34.}$      | $Y_{33.}$                          | $(Y_{13.} + Y_{23.} + Y_{34.}) + (2Y_{33.})$          |
| <b>4</b>       |           |           |           | $Y_{14.} + Y_{24.} + Y_{34.}$      | $Y_{44.}$                          | $(Y_{14.} + Y_{24.} + Y_{34.}) + (2Y_{44.})$          |
| <b>Totales</b> |           |           |           | <b><math>\sum C_{ij.}</math></b>   | <b><math>\sum P_{ii.}</math></b>   | <b><math>C_{ii} + (2 \times P_{...})</math></b>       |

En el cuadro anterior se observa la sumatoria de los totales de todas las cruzas con un padre en común, como se presentan en la columna  **$C_{i..}$** . A continuación, se observa el total de la variable evaluada en los padres per se a través de las repeticiones ( **$P_{ii.}$** ). Luego se muestra, en la última columna, la sumatoria para cada uno de los padres de la variable de todas sus cruzas con un padre en común, más dos veces el rendimiento del padre per se [ $\sum C_{i..} + (2 \times P_{ii.})$ ].

### Heterosis para cada una de las Cruzas

$$H_{ij} = Y_{12.} - \left[ \frac{(Y_{11.} + Y_{22.})}{2} \right]$$

Ejemplo: heterosis de la craza 1x2

$$H_{ij} = Y_{12.} - \left[ \frac{(P_{ii.} + P_{jj.})}{2} \right]$$

### SC de Variedades (SCv)

$$SCv = \frac{\left[ \frac{\sum (C_{i..} + (2 \times P_{ii.}))^2}{r} - \frac{4 \times (T_{...})^2}{(r \times p)} \right]}{(p + 2)}$$

$$= \frac{\frac{[(Y_{12.} + Y_{13.} + Y_{14.}) + (2Y_{11.})]^2 + \dots + [(Y_{14.} + Y_{24.} + Y_{34.}) + (2Y_{44.})]^2}{r} - \frac{4 \times (T_{...})^2}{(r \times p)}}{(p + 2)}$$

Donde:

$$T_{...} = \left( \frac{\sum C_{ij.}}{2} \right) + \sum P_{ii.}$$

### SC de Heterosis (SCH)

$$SCH = \left[ \frac{\sum \sum Y_{ij.}^2}{r} \right] - \left[ \frac{\sum (C_{i..} + (2 \times P_{ii.}))^2}{r \times (p + 2)} \right] + \left[ \frac{2 \times (T_{...})^2}{r \times (p + 1) \times (p + 2)} \right]$$

Donde:

$$\sum \sum Y_{ij.}^2 = (Y_{12.})^2 + \dots + (Y_{34.})^2$$

$$\sum (C_{i..} + (2 \times P_{ii.}))^2 = [(Y_{12.} + Y_{13.} + Y_{14.}) + (2Y_{11.})]^2 + \dots + [(Y_{14.} + Y_{24.} + Y_{34.}) + (2Y_{44.})]^2$$

### SC de Heterosis Promedia (SCHm)

$$SCHm = \left[ \frac{(\sum P_{ii.})^2}{p \times r} \right] + \left[ \frac{(\sum C_{ij.}/2)^2}{r \times p \times (p - 1)/2} \right] + \left[ \frac{(T_{...})^2}{r \times p \times (p + 1)/2} \right]$$

Donde:  $\sum P_{ii.}$  = total de padres,  $\sum C_{ij.}/2$  = total de Cruzas ( $\sum C_{ij.}$  dividido entre dos, porque en la suma total cada craza participa en dos sumas).

### SC Heterosis Varietal (SCHv)

$$SCHv = \left[ \frac{\sum (C_{i..})^2}{r \times (p - 2)} \right] - \left[ \frac{4 \times \left( \frac{\sum C_{ij.}}{2} \right)^2}{r \times p \times (p - 2)} \right] + \left[ \frac{\sum (P_{ii.})^2}{r} \right] - \left[ \frac{(\sum P_{ii.})^2}{r \times p} \right] - SCv$$

Donde:

$$\sum (C_{i..})^2 = (Y_{12.} + Y_{13.} + Y_{14.})^2 + \dots + (Y_{14.} + Y_{24.} + Y_{34.})^2$$

$$\sum (P_{ii.})^2 = (Y_{11.})^2 + \dots + (Y_{44.})^2$$

### SC Heterosis Específica (SCHe)

$$SCHe = \frac{\left( \sum (H_{ij.})^2 - \left[ \frac{\sum (H_{i..})^2}{(p-2)} \right] + \left[ \frac{2 \times (\sum H_{i.}/2)^2}{(p-1) \times (p-2)} \right] \right)}{r}$$

El esquema del ANDEVA para el método de análisis II de Gardner y Eberhart se presenta en la Tabla 5.11. Este análisis no es ortogonal, por lo tanto, la partición de una SC debida a genotipos puede dar una sumatoria de la SC de sus componentes diferente del 100%.

### Estimación de Efectos Varietales

$$v_i = \left( \frac{P_{ii.}}{r} \right) - \left[ \frac{\sum P_{ii.}}{r \times p} \right]; \quad \sum v_i = 0$$

Ejemplo:

$$v_1 = \left( \frac{Y_{11.}}{r} \right) - \left[ \frac{\sum P_{ii.}}{r \times p} \right]$$

.

$$v_4 = \left( \frac{Y_{44.}}{r} \right) - \left[ \frac{\sum P_{ii.}}{r \times p} \right]$$

$$\sum v_i = v_1 + \dots + v_4 = 0$$

**Tabla 5.11**

ANDEVA Correspondiente al Análisis II de Gardner y Eberhart, que Incluye Cruzas Directas y P Progenitores.

| <b>FV</b>                         | <b>GL</b>            | <b>SC</b> | <b>®</b>  | <b>Fc</b> |
|-----------------------------------|----------------------|-----------|-----------|-----------|
| Repeticiones (r)                  | r-1                  | SCr       | SCr/GLr   |           |
| Genotipos (g)                     | [p(p-1)/2]-1         | SCg       | SCg/GLg   | CMp/CMe   |
| Variedades (Vj)                   | p-1                  | SCv       | SCv/GLv   | CMv/CMe   |
| Heterosis (Hij)                   | p(p-1)/2             | SCH       | SCH/GLH   | CMH/CMe   |
| Heterosis promedio ( $\bar{h}$ )  | 1                    | SCHm      | SCHm/1    | CMHm/CMe  |
| Heterosis varietal ( $h_{i.}$ )   | p-1                  | SCHv      | SCHv/GLHv | CMHv/CMe  |
| Heterosis específica ( $h_{ij}$ ) | p(p-3)/2             | SCHe      | SCHe/GLHe | CMHe/CMe  |
| Error                             | (r-1) ([p(p-1)/2]-1) |           | SCe/GLe   |           |

### Heterosis Promedio ( $\bar{h}$ )

$$\bar{h} = \left[ \frac{\sum C_{ij.}}{r \times p \times (p-1)} \right] - \left[ \frac{\sum P_{ii.}}{r \times p} \right]$$

### Heterosis Varietal ( $h_i$ )

$$h_i = \left[ \frac{C_{i..}}{r \times (p-1)} \right] - \left[ \frac{\Sigma C_{ij.}}{r \times p \times (p-1)} \right] \times \frac{(p-1)}{(p-2)} - \frac{v_i}{2}; \quad \Sigma h_i = 0$$

Ejemplo: desviación del promedio de todos los híbridos derivados de un padre con respecto a la media de todos los híbridos

$$h_1 = \left[ \frac{(Y_{12.} + Y_{13.} + Y_{14.})}{r \times (p-1)} \right] - \left[ \frac{\Sigma C_{ij.}}{r \times p \times (p-1)} \right] \times \frac{(p-1)}{(p-2)} - \frac{v_1}{2}$$

.

.

$$h_4 = \left[ \frac{(Y_{14.} + Y_{24.} + Y_{34.})}{r \times (p-1)} \right] - \left[ \frac{\Sigma C_{ij.}}{r \times p \times (p-1)} \right] \times \frac{(p-1)}{(p-2)} - \frac{v_4}{2}$$

$$\Sigma h_i = h_1 + \dots + h_4 = 0$$

### Heterosis específica ( $h_{ij}$ )

$$h_{ij} = \left[ \frac{C_{ij.}}{r} \right] + \left[ \frac{\Sigma C_{ij.}}{r \times p \times (p-1)} \right] \times \frac{p}{(p-2)} - (h_i + h_j) \times \frac{(p-1)}{(p-2)}$$

$$\Sigma h_{ij} = 0 \text{ (dentro de un padre } i \text{)}$$

Ejemplo:

$$h_{12} = \left[ \frac{Y_{12.}}{r} \right] + \left[ \frac{\Sigma C_{ij.}}{r \times p \times (p-1)} \right] \times \frac{p}{(p-2)} - \left( \frac{Y_{11.}}{r \times c_1} + \frac{Y_{22.}}{r \times c_2} h_{j.} \right) \times \frac{(p-1)}{(p-2)}$$

Donde:  $r$  = número de repeticiones,  $c_1, c_2$  = número de cruza en las que participan los padres uno y dos, respectivamente.

Se puede comprobar que dentro un padre en particular la  $\Sigma h_{ij} = 0$ , así:  
 $\Sigma h_{1j} = h_{12} + h_{13} + h_{14} = 0$

Consecutivamente, de esta forma se hacen los cálculos para los demás.

Es importante destacar que la heterosis de una cruza se fracciona en sus componentes así:

$$\frac{H_{ij}}{r} = \bar{h} + h_i + h_j + h_{ij}$$

Por ejemplo, para el cruzamiento entre 1x2, la heterosis expresada está dada por:

$$\frac{H_{12}}{r} = \bar{h} + h_{1.} + h_{2.} + h_{12}$$

Existen coincidencias entre las SC de variedades y de heterosis del método de Gardner y Eberhart (1966, 1967) con las SC de ACG y ACE del método 2 de Griffing, en su orden. Entonces:

$$g_i = \left(\frac{1}{2}\right) v_i + h_i.$$

Donde:  $g_i$  = efecto de ACG para el padre  $i$  según estimación del método 4 de Griffing, pero no del método 2.

### Hallauer y Miranda (1981)

*Modelo (Fijo o Aleatorio):*

$$Y_{ijkl} = \mu + b_k + g_i + g_j + S_{ij} + R_{ij} + \left(\frac{1}{rn}\right) e_{ijkl}; \quad \Sigma g_i = 0, \quad \Sigma S_{i.} = 0$$

Donde:  $\mu$  = media poblacional de todos los cruzamientos,  $g_i, g_j$  = efecto de ACG de los progenitores  $i$  y  $j$ -ésimo, respectivamente,  $S_{ij}$  = efecto de ACE de la cruce de los parentales  $i$  x  $j$ ,  $R_{ij}$  = efecto de las cruces recíprocas entre los parentales  $i$  x  $j$ ,  $e_{ijkl}$  = error ambiental asociado con la observación  $Y_{ijkl}$ ,  $r$  = número de bloques,  $n$  = plantas dentro de parcela experimental (si se toman datos de plantas individuales).

**Tabla 5.12**

ANDEVA Para el Método Propuesto por Hallauer & Miranda (1988), que Incluye Padres, Cruzas Directas y Recíprocas.

| <b>ANDEVA para una localidad</b>      |                           |                   |                                       |                                                                                                            |
|---------------------------------------|---------------------------|-------------------|---------------------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| <b>FV</b>                             | <b>GL</b>                 | <b>CM</b>         | <b>Fc</b>                             | <b>CME</b>                                                                                                 |
| Bloques (b)                           | b-1                       | CM <sub>1</sub>   |                                       |                                                                                                            |
| Genotipos (G)                         | p2-1                      | CM <sub>2</sub>   |                                       | $\sigma_e^2 + b\sigma_G^2$                                                                                 |
| Padres (P)                            | p-1                       |                   |                                       |                                                                                                            |
| C®as vs P                             | 1                         |                   |                                       |                                                                                                            |
| Cruzadas (c)                          | p(p-1)-1                  |                   |                                       |                                                                                                            |
| Directas (d)                          | [p(p-1)/2]-1              | CM <sub>3</sub>   |                                       | $\sigma_e^2 + 2b\sigma_d^2$                                                                                |
| ACG (g)                               | p-1                       | CM <sub>3.1</sub> | CM <sub>3.1</sub> / CM <sub>4.1</sub> | $\sigma_e^2 + 2b\sigma_s^2 + 2b(p-2)\sigma_g^2$                                                            |
| ACE (s)                               | [p(p-3)/2]                | CM <sub>4.1</sub> | CM <sub>4.1</sub> / CM <sub>6.1</sub> | ®                                                                                                          |
| Recíprocos (R)                        | p(p-1)/2                  | CM <sub>5.1</sub> | CM <sub>5.1</sub> / CM <sub>6.1</sub> | ® + 2bσ <sub>R</sub> <sup>2</sup>                                                                          |
| Error (e)                             | (p2-1)(r-1)               | CM <sub>6.1</sub> |                                       | $\sigma_e^2$                                                                                               |
| <b>ANDEVA a través de localidades</b> |                           |                   |                                       |                                                                                                            |
| <b>FV</b>                             | <b>GL</b>                 | <b>CM</b>         | <b>Fc</b>                             | <b>CME</b>                                                                                                 |
| Localidad (l)                         | l-1                       | CM <sub>1</sub>   | CM <sub>1</sub> / CM <sub>2</sub>     |                                                                                                            |
| Bloques/l                             | l(b-1)                    | CM <sub>2</sub>   |                                       |                                                                                                            |
| Genotipos (G)                         | p <sup>2</sup> -1         | CM <sub>3</sub>   | CM <sub>3</sub> / CM <sub>11</sub>    | $\sigma_e^2 + b\sigma_{G \times l}^2 + bl\sigma_G^2$                                                       |
| Padres (P)                            | p-1                       | CM <sub>4</sub>   | CM <sub>4</sub> / CM <sub>12</sub>    |                                                                                                            |
| Cruz®vs P                             | 1                         | CM <sub>5</sub>   | CM <sub>5</sub> / CM <sub>13</sub>    |                                                                                                            |
| Cruzadas (c)                          | p(p-1)-1                  | CM <sub>6</sub>   | CM <sub>6</sub> / CM <sub>14</sub>    |                                                                                                            |
| Directas (d)                          | [p(p-1)/2]-1              | CM <sub>7</sub>   | CM <sub>7</sub> / CM <sub>15</sub>    | $\sigma_e^2 + 2b\sigma_d^2$                                                                                |
| ACG (g)                               | p-1                       | CM <sub>8</sub>   | F <sub>ACG</sub> <sup>1</sup>         | $\sigma_e^2 + 2b\sigma_{s \times l}^2 + 2b(p-2)\sigma_{g \times l}^2 + 2bl\sigma_s^2 + 2bl(p-2)\sigma_g^2$ |
| ACE (s)                               | [p(p-3)/2]                | CM <sub>9</sub>   | CM <sub>9</sub> / CM <sub>17</sub>    | $\sigma_e^2 + 2b\sigma_{®l}^2 + 2bl\sigma_s^2$                                                             |
| Recíprocos (R)                        | p(p-1)/2                  | CM <sub>10</sub>  | CM <sub>10</sub> / CM <sub>18</sub>   | $\sigma_e^2 + 2b\sigma_{R \times l}^2 + 2bl\sigma_R^2$                                                     |
| G x l                                 | (l-1)GL <sub>G</sub>      | CM <sub>11</sub>  | CM <sub>11</sub> / CM <sub>19</sub>   | $\sigma_e^2 + b\sigma_{G \times l}^2$                                                                      |
| P x l                                 | (p-1)(l-1)                | CM <sub>12</sub>  | CM <sub>12</sub> / CM <sub>19</sub>   |                                                                                                            |
| c vs P x l                            | 1(l-1)                    | CM <sub>13</sub>  | CM <sub>13</sub> / CM <sub>19</sub>   |                                                                                                            |
| c x l                                 | GL <sub>c</sub> (l-1)     | CM <sub>14</sub>  | CM <sub>14</sub> / CM <sub>19</sub>   |                                                                                                            |
| d x l                                 | GL <sub>d</sub> (l-1)     | CM <sub>15</sub>  | CM <sub>15</sub> / CM <sub>19</sub>   | $\sigma_e^2 + 2b\sigma_{d \times l}^2$                                                                     |
| ACG x l                               | (p-1)(l-1)                | CM <sub>16</sub>  | CM <sub>16</sub> / CM <sub>17</sub>   | $\sigma_e^2 + 2b\sigma_{s \times l}^2 + 2b(p-2)\sigma_{g \times l}^2$                                      |
| ACE x l                               | GL <sub>ACE</sub> (l-1)   | CM <sub>17</sub>  | CM <sub>17</sub> / CM <sub>19</sub>   | $\sigma_e^2 + 2b\sigma_{s \times l}^2$                                                                     |
| R x l                                 | GL <sub>R</sub> (l-1)     | CM <sub>18</sub>  | CM <sub>18</sub> /® <sub>19</sub>     | $\sigma_e^2 + 2b\sigma_{R \times l}^2$                                                                     |
| Error (e)                             | l(p <sup>2</sup> -1)(b-1) | CM <sub>19</sub>  |                                       | $\sigma_e^2$                                                                                               |

$$F_{C_{ACG}^1} = \frac{CM_8}{CM_9 + CM_{16} - CM_{17}}$$

$$GL_{d_{ACG}^1} = \frac{[CM_9 + CM_{16} - CM_{17}]^2}{\left[ \frac{CM_9^2}{p(p-3)/2} \right] + \left[ \frac{CM_{16}^2}{(p-1)(l-1)} \right] + \left[ \frac{CM_{17}^2}{\left(\frac{p(p-3)}{2}\right)(l-1)} \right]}$$

**Suma de Cuadrados de Genotipos ( $SC_g$ )**

$$SC_g = \frac{\sum (Y_{ij.})^2}{r} - FC; \quad FC = \text{factor de corrección}$$

**Suma de Cuadrados de Padres Versu®ruzas ( $SC_{PvsC}$ )**

$$® = \frac{(P_{...})^2}{rp} + \frac{(C_{...})^2}{rp(p-1)} - FC; \quad (P: i = i; C: i \neq j)$$

**Suma de Cuadrados de Padres ( $SC_P$ )**

$$SC_P = \frac{\sum (P_{ii.})^2}{r} - \frac{(P_{...})^2}{rp}; \quad (i = i)$$

**Suma de Cuadrados de Padres ( $SC_C$ )**

$$SC_C = \frac{\sum (C_{ij.})^2}{r} - \frac{(C_{...})^2}{rp(p-1)}; \quad (i \neq j)$$

Equivale a SC genotipos en Griffing-método 3

**Suma de Cuadrados de F1s ( $SC_{F1s}$ )**

$$SC_{F1s} = \frac{(\sum C_{ij.} + C_{ji.})^2}{2r} - \frac{(C_{...})^2}{rp(p-1)}$$

**Sumas de Cuadrado (SC) de ACG para una Localidad**

$$SC_{ACG} = \frac{\left[ \frac{\sum (C_{i..})^2}{2(p-2)} - \frac{4(C_{...})^2}{2p(p-2)} \right]}{r}$$

Esto es similar que en Griffing-método 3.

**Sumas de Cuadrado (SC) de ACE para una Localidad**

$$SC_{ACE} = \frac{\left[ \frac{(C_{ij.} + C_{ji.})^2}{2} - \frac{\sum (C_{i..})^2}{2(p-2)} + \frac{(C_{...})^2}{(p-1)(p-2)} \right]}{r}$$

Similar a Griffing-método 3.

### Sumas de Cuadrado de Recíprocos (SCR) para una Localidad

$$SC_R = \left[ \frac{\sum (C_{ij.} + C_{ji.})^2}{2r} \right]$$

Es lo mismo que en Griffing-método 3.

### Varianzas para una Localidad (Modelo Aleatorio)

$$\sigma_g^2 = \frac{(CM_{3.1} - CM_{4.1})}{2b(p-2)}; \text{ donde } \sigma_g^2 = \sigma_{ACG}^2$$

$$\sigma_s^2 = \frac{(CM_{4.1} - CM_{6.1})}{2b}; \text{ donde } \sigma_s^2 = \sigma_{ACE}^2$$

$$\sigma_R^2 = \frac{(CM_{5.1} - CM_{6.1})}{2b}$$

$$\sigma_e^2 = CM_{6.1}$$

### Varianzas Genéticas a través de Localidades

$$\sigma_g^2 = \frac{CM_8 - CM_9 - CM_{16} + CM_{17}}{2[bl(p-2)]}; \text{ donde } \sigma_g^2 = \sigma_{ACG}^2$$

$$\sigma_s^2 = \frac{CM_9 - CM_{17}}{2bl}; \text{ donde } \sigma_s^2 = \sigma_{ACE}^2$$

$$\sigma_R^2 = \frac{CM_{10} - CM_{18}}{2bl}$$

$$\sigma_{g \times l}^2 = \frac{CM_{16} - CM_{17}}{2b(p-2)}; \text{ donde } \sigma_{g \times l}^2 = \sigma_{ACG \times l}^2$$

$$\sigma_{s \times l}^2 = \frac{CM_{17} - CM_{19}}{2b}; \text{ donde } \sigma_{s \times l}^2 = \sigma_{ACE \times l}^2$$

$$\sigma_{R \times l}^2 = \frac{CM_{18} - CM_{19}}{2b}$$

El método de Hallauer & Miranda (1981) presenta ciertas semejanzas con el de Gardner & Eberhart (1966, 1967), de hecho, adopta las ventajas de este método con las de Griffing (1956). A continuación, se contrastan los GL y SC de los dos métodos:



| <i>Hallauer &amp; Miranda (1981)</i> |                |                   | <i>Análisis II, Gardner &amp; Eberhart (1966, 1967)</i> |                |           |
|--------------------------------------|----------------|-------------------|---------------------------------------------------------|----------------|-----------|
| <i>FV</i>                            | <i>GL</i>      | <i>SC</i>         | <i>FV</i>                                               | <i>GL</i>      | <i>SC</i> |
| Genotipos                            | $[p(p-1)/2]-1$ | SCG               | Genotipos                                               | $[p(p-1)/2]-1$ | SCG       |
| Padres (P)                           | $p-1$          | SCp               | Variedades                                              | $p-1$          | SCv       |
| P vs                                 | ®              | SC <sub>PVC</sub> | Heterosis ( $H_{ij}$ )                                  | $p(p-1)/2$     | SCH       |
| Cruzas (C)                           | $p(p-1)/2$     | SC <sub>C</sub>   | Heterosis promedio ( $\bar{h}$ )                        | 1              | SCHm      |
| ACG                                  | $p-1$          | SC <sub>ACG</sub> | Heterosis varietal ( $h_{i.}$ )                         | $p-1$          | SCHv      |
| ACE                                  | $p(p-3)/2$     | SC <sub>ACG</sub> | Heterosis específica ( $h_{ij}$ )                       | $p(p-3)/2$     | SCHe      |

Las correspondencias entre los dos métodos son:

$$SC_{PVC} = SCHm$$

$$(SCp + SC_{ACG}) = (SCv + SCHv)$$

### Método Carolina del Norte, Diseño I (Comstock & Robinson, 1948)

En el diseño I propuesto por Comstock & Robinson (1948), se cruzan  $m$  machos x  $h$  hembras para formar  $mh$  progenies que pueden tomarse al azar u organizarse en  $g$  grupos de progenies. Se forman  $mh$  progenies de hermanos completos y  $m$  progenies de medios hermanos. En Tabla 5.13 se muestra el ANDEVA para este diseño.

**Tabla 5.13**

ANDEVA Para el Método Carolina del Norte, Diseño I Propuesto por Comstock & Robinson (1948).

| <i>Una localidad (progenies al azar)</i> |            |            |                                                           |
|------------------------------------------|------------|------------|-----------------------------------------------------------|
| <i>FV</i>                                | <i>GL</i>  | <i>CM</i>  | <i>CME</i>                                                |
| PM ( $m$ )                               | $m-1$      | $CM_m$     | $\sigma_e^2 + k\sigma_b^2 + bk\sigma_h^2 + hbk\sigma_m^2$ |
| PH ( $h$ )/ $m$                          | $m(h-1)$   | $CM_{h/m}$ | $\sigma_e^2 + k\sigma_b^2 + bk\sigma_h^2$                 |
| Bloques ( $b$ )/ $h/m$                   | $mb(b-1)$  | $CM_1$     | $\sigma_e^2 + k\sigma_b^2$                                |
| Error                                    | $mhb(k-1)$ | $CM_e$     | $\sigma_e^2$                                              |

Nota. K = número de plantas por parcela experimental; PM = progenie o familias de medios hermanos de machos, PH = progenie o familias de medios hermanos de hembras.

$$\sigma_m^2 = \frac{CM_m - CM_{h/m}}{bkh}; \text{ donde } \sigma_m^2 = \text{varianza de los efectos de macho}$$

$$\sigma_m^2 = \frac{\sigma_A^2}{4}; \text{ donde } \sigma_A^2 = \text{varianza aditiva} \Rightarrow \sigma_A^2 = 4\sigma_m^2$$

$$\sigma_h^2 = \frac{CM_{h/m} - CM_e}{bk}; \text{ donde } \sigma_h^2 = \text{varianza de hembras dentro de machos}$$

$$\sigma_h^2 = 1/4\sigma_A^2 + 1/4\sigma_D^2$$

$$\sigma_D^2 = \frac{\sigma_h^2 - \sigma_m^2}{4}; \text{ donde } \sigma_D^2 = \text{varianza de dominancia}$$

**Tabla 5.13.1**

ANDEVA Para el Método Carolina del Norte, Diseño I Anidado Para Una Localidad (Comstock & Robinson, 1948).

| <b>ANDEVA una localidad (anidado)</b> |              |                   |                                               |
|---------------------------------------|--------------|-------------------|-----------------------------------------------|
| <b>FV</b>                             | <b>GL</b>    | <b>CM</b>         | <b>CME</b>                                    |
| Bloques (b)                           | b-1          | CM <sub>1</sub>   |                                               |
| Grupos (g)                            | g-1          | CM <sub>2</sub>   |                                               |
| g x b                                 | (g-1)(b-1)   | CM <sub>3</sub>   |                                               |
| PM/g                                  | g(m-1)       | CM <sub>4.1</sub> | $\sigma_e^2 + b\sigma_{h/m}^2 + bh\sigma_m^2$ |
| PH/PM/g                               | gm(h-1)      | CM <sub>5.1</sub> | $\sigma_e^2 + b\sigma_{h/m}^2$                |
| Error                                 | g(mh-1)(b-1) | CM <sub>e.1</sub> | $\sigma_e^2$                                  |

$$\sigma_m^2 = \frac{CM_{4.1} - CM_{5.1}}{bh}; \quad \sigma_A^2 = 4\sigma_m^2$$

$$\sigma_{h/m}^2 = \frac{CM_{5.1} - CM_{e.1}}{b}; \quad \sigma_D^2 = 4(\sigma_{h/m}^2 - \sigma_m^2)$$

$$\sigma_F^2 = (\sigma_e^2/b) + 4\sigma_{h/m}^2 + 4\sigma_m^2; \text{ donde } \sigma_F^2 = \text{varianza fenotípica}$$

**Tabla 5.13.2**

ANDEVA Para el Método Carolina del Norte, Diseño I Anidado Para Más de una Localidad (Comstock & Robinson, 1948).

| <b>ANDEVA a través de localidades (anidado)</b> |               |                   |                                                                                                            |
|-------------------------------------------------|---------------|-------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| <b>FV</b>                                       | <b>GL</b>     | <b>CM</b>         | <b>CME</b>                                                                                                 |
| Ambientes (l)                                   | l-1           |                   |                                                                                                            |
| Bloques (b)/l                                   | l(b-1)        |                   |                                                                                                            |
| Grupos (g)/b/l                                  | bl(g-1)       |                   |                                                                                                            |
| PM/g                                            | g(m-1)        | CM <sub>1</sub>   | $\sigma_e^2 + b\sigma_{(h/m) \times l}^2 + bl\sigma_{(m/g) \times l}^2 + bl\sigma_{h/m}^2 + blh\sigma_m^2$ |
| PH/PM/g                                         | g(h-1)        | CM <sub>2</sub>   | $\sigma_e^2 + b\sigma_{(h/m) \times l}^2 + bl\sigma_{h/m}^2$                                               |
| (PM/g) x l                                      | g(m-1)(l-1)   | CM <sub>3</sub>   | $\sigma_e^2 + b\sigma_{(h/m) \times l}^2 + bl\sigma_{(m/g) \times l}^2$                                    |
| (PH/PM/g) x l                                   | gm(h-1)(l-1)  | CM <sub>4</sub>   | $\sigma_e^2 + b\sigma_{(h/m) \times l}^2$                                                                  |
| Error                                           | lg(mh-1)(b-1) | CM <sub>e.2</sub> | $\sigma_e^2$                                                                                               |

$$\sigma_m^2 = \frac{CM_1 - CM_2 - CM_4 + CM_{e.2}}{blh}$$

$$\sigma_{h/m}^2 = \frac{CM_2 - CM_4}{b}$$

$$\sigma_F^2 = (\sigma_e^2/b) + 4\sigma_{h/m}^2 + 4\sigma_m^2$$

## Método Carolina del Norte, Diseño II (Comstock & Robinson, 1948)

Es parecido al diseño I. Los machos se cruzan con todas las hembras formando grupos de medios hermanos de hembras y grupos de medios hermanos de machos.

Entonces,  $m$  machos x  $h$  hembras forman  $mh$  progenies que pueden organizarse en  $g$  grupos de progenies. El ANDEVA para este método se presenta en las Tablas 5.14 y 5.14.1.

**Tabla 5.14**

ANDEVA Para el Método Carolina del Norte, Diseño II Propuesto por Comstock & Robinson (1948).

| ANDEVA para una localidad (factorial) |              |                     |                                                      |
|---------------------------------------|--------------|---------------------|------------------------------------------------------|
| FV                                    | GL           | CM                  | CME                                                  |
| Bloques (b)                           | b-1          |                     |                                                      |
| Grupos (g)                            | g-1          |                     |                                                      |
| b x g                                 | (b-1)(g-1)   |                     |                                                      |
| PM (m)/g                              | g(m-1)       | CM <sub>m</sub>     | $\sigma_e^2 + b\sigma_{m \times h}^2 + bh\sigma_m^2$ |
| PH (h)/g                              | g(h-1)       | CM <sub>h</sub>     | $\sigma_e^2 + b\sigma_{m \times h}^2 + bm\sigma_h^2$ |
| PM x PH                               | g(m-1)(h-1)  | CM <sub>m x h</sub> | $\sigma_e^2 + b\sigma_{m \times h}^2$                |
| Error                                 | g(b-1)(mh-1) | CM <sub>e3</sub>    | $\sigma_e^2$                                         |

Nota. K = número de plantas por parcela experimental; PM = progenie o familias de medios hermanos de machos, PH = progenie o familias de medios hermanos de hembras

$$\sigma_m^2 = \frac{CM_m - CM_{m \times h}}{bh}; \sigma_h^2 = \frac{CM_h - CM_{m \times h}}{bm}$$

$$\sigma_m^2 = \frac{1}{4} \sigma_{Am}^2 (F = 0); \sigma_m^2 = \frac{1}{2} \sigma_{Am}^2 (F = 1); \text{ donde } \sigma_{Am}^2 = \text{varianza aditiva de PM}$$

$$\sigma_h^2 = \frac{1}{4} \sigma_{Ah}^2 (F = 0); \sigma_h^2 = \frac{1}{2} \sigma_{Ah}^2 (F = 1); \text{ donde } \sigma_{Ah}^2 = \text{varianza aditiva de PH}$$

$$\sigma_{m \times h}^2 = \frac{CM_{m \times h} - CM_{e.3}}{b}$$

$$\sigma_{m \times h}^2 = \frac{1}{4} \sigma_D^2 (F = 0); \sigma_{m \times h}^2 = \sigma_D^2 (F = 1); \text{ donde } \sigma_D^2 = \text{varianza de dominancia}$$

**Tabla 5.14.1**

ANDEVA Para el Método Carolina del Norte, Diseño II a Través de localidades (Comstock & Robinson, 1948).

| <b>ANDEVA a través de localidades (factorial)</b> |                  |                   |                                                                                                                    |
|---------------------------------------------------|------------------|-------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| <b>FV</b>                                         | <b>GL</b>        | <b>CM</b>         | <b>CME</b>                                                                                                         |
| Ambientes (l)                                     | l-1              |                   |                                                                                                                    |
| Bloques (b)/l                                     | l(b-1)           |                   |                                                                                                                    |
| Grupos (g)                                        | g-1              |                   |                                                                                                                    |
| g/b/l                                             | l(b-1)(g-1)      |                   |                                                                                                                    |
| PM/g                                              | g(m-1)           | CM <sub>1</sub>   | $\sigma_e^2 + b\sigma_{m \times h \times l}^2 + bh\sigma_{m \times l}^2 + bl\sigma_{m \times h}^2 + blh\sigma_m^2$ |
| PH/g                                              | g(h-1)           | CM <sub>2</sub>   | $\sigma_e^2 + b\sigma_{m \times h \times l}^2 + bm\sigma_{h \times l}^2 + bl\sigma_{m \times h}^2 + blm\sigma_h^2$ |
| (m x h)/g                                         | g(m-1)(h-1)      | CM <sub>3</sub>   | $\sigma_e^2 + b\sigma_{m \times h \times l}^2 + bl\sigma_{m \times h}^2$                                           |
| (PM/g) x l                                        | g(m-1)(l-1)      | CM <sub>4</sub>   | $\sigma_e^2 + b\sigma_{m \times h \times l}^2 + bh\sigma_{m \times l}^2$                                           |
| (PH/g) x l                                        | g(h-1)(l-1)      | CM <sub>5</sub>   | $\sigma_e^2 + b\sigma_{m \times h \times l}^2 + bm\sigma_{h \times l}^2$                                           |
| [(m x h)/g] x l                                   | g(m-1)(h-1)(l-1) | CM <sub>6</sub>   | $\sigma_e^2 + b\sigma_{m \times h \times l}^2$                                                                     |
| Error                                             | lg(mh-1)(b-1)    | CM <sub>e.4</sub> | $\sigma_e^2$                                                                                                       |

$$\sigma_m^2 = \frac{CM_1 - CM_3 - CM_4 + CM_6}{blh}$$

$$\sigma_h^2 = \frac{CM_2 - CM_3 - CM_4 + CM_6}{blh}$$

$$\sigma_A^2 = 4\sigma_m^2 = 4\sigma_h^2 \quad (F = 0); \quad \sigma_A^2 = 2\sigma_m^2 = 2\sigma_h^2 \quad (F = 1)$$

$$\sigma_{m \times h}^2 = \frac{CM_2 - CM_6}{bl}; \quad \sigma_F^2 = (\sigma_e^2/b) + 4\sigma_{h/m}^2 + 4\sigma_m^2$$

$$\sigma_D^2 = 4\sigma_{m \times h}^2 \quad (F = 0); \quad \sigma_D^2 = \sigma_{m \times h}^2 \quad (F = 1)$$

### **Método de Hayman (1954)**

No permite la estimación de ACG y ACE. Permite estimar otros parámetros genéticos complementarios a las otras metodologías. Según Hayman (1954 a y b), los supuestos para el análisis de cruzamientos dialélicos, son:

1. Los progenitores deben ser homocigotos (poblaciones autógamias).
2. Deben presentar segregación diploide.
3. No deben existir diferencias entre híbridos F1 y sus recíprocos.
4. No deben presentar ligamiento.

5. No deben presentar alelismo múltiple.
6. No hay interacción alélica o epistasis (se observa herencia simple en cada locus).
7. Se da una distribución independiente de genes.

Las tres primeras son usuales y se cumplen. Con respecto al numeral cuarto: no hay carácter cuantitativo que no presente ligamiento. Es una restricción difícil de cumplir en la práctica. Acerca de la condición cinco diremos que es posible restringir un sistema génico a dos alelos por locus, sin perjuicio de los análisis. La sexta restricción es comprobada por la metodología de Hayman (1958).

**Modelo:**

$$Y_{rs} = \mu + J_r + J_s + l + l_r + l_s + l_{rs} + k_r + k_s + k_{rs} \quad (r \neq s)$$

$$Y_r = \mu + 2J_r - (p - 1)l - (p - 2)l_r \quad (r = s)$$

Donde:  $Y_{rs}$  = es la entrada en la r-ésima fila (parentales hembra) y la s-ésima columna (parentales macho),  $\mu$  = gran media del dialelo,  $J_r$  = es la desviación media de la gran media debido a la r-ésimo padre,  $l$  = desviación de dominancia media,  $l_r$  = desviación de dominancia adicional debido al r-ésimo padre,  $l_{rs}$  = discrepancia restante en la primera rs-ésima suma recíproca,  $k_r$  = efecto maternal promedio de cada línea,  $k_{rs}$  = variación en las rs-ésimas diferencias recíprocas (Hayman, 1954a). Los parámetros en el modelo miden diferentes fuentes de variación mediante las cuales  $J_r$  = a (variación debida a genes aditivos),  $l$  =  $b_1$  (desviación de dominancia media),  $l_r$  =  $b_2$  (mayor desviación de dominancia debido a la r-ésima línea parental),  $l_{rs}$  =  $b_3$  (variación de dominancia residual),  $k_r$  = c (efectos maternos promedio de cada línea parental),  $k_{rs}$  = d (variación en las diferencias recíprocas no debidas a c) (Hayman, 1954a).

Este método posibilita analizar los datos en tres formas básicas:

1. ANDEVA a través de las medias de los tratamientos (interacción genotipo x bloque).

Estimación de componentes genéticos d

2. e varianza y de parámetros genéticos a partir de:

a) Grado medio de dominancia

- b) Frecuencia de alelos dominantes y recesivos
  - c) Número de genes génicos que exhiben dominancia en las líneas parentales
  - d) Heredabilidad en sentido amplio y estricto
3. determinación de las constituciones génicas relativas de los cultivares, por medio de análisis gráfico y límites de selección de genotipos dominantes y recesivos.

Se parte de un cruzamiento dialélico, con los datos de los padres y F1's directos, donde  $Y_{ij} = Y_{ji}$ , tal como se muestra en la siguiente tabla dialélica:

| <b>Padres</b> | <b>P1</b>  | <b>P2</b>  | <b>P3</b>  | <b>P4</b>  | <b>P5</b>  | <b><math>\sum X_{i.}</math></b> | <b>Mc/p</b> |
|---------------|------------|------------|------------|------------|------------|---------------------------------|-------------|
| P1            | $Y_{11}$   | $Y_{12}$   | $Y_{13}$   | $Y_{14}$   | $Y_{15}$   | $Y_{1.}$                        | $Y_{1./p}$  |
| P2            | $Y_{21}$   | $Y_{22}$   | $Y_{23}$   | $Y_{24}$   | $Y_{25}$   | $Y_{2.}$                        | $Y_{2./p}$  |
| P3            | $Y_{31}$   | $Y_{32}$   | $Y_{33}$   | $Y_{34}$   | $Y_{35}$   | $Y_{3.}$                        | $Y_{3./p}$  |
| P4            | $Y_{41}$   | $Y_{42}$   | $Y_{43}$   | $Y_{44}$   | $Y_{45}$   | $Y_{4.}$                        | $Y_{4./p}$  |
| P5            | $Y_{51}$   | $Y_{52}$   | $Y_{53}$   | $Y_{54}$   | $Y_{55}$   | $Y_{5.}$                        | $Y_{5./p}$  |
| $\sum X_{.i}$ | $Y_{.1}$   | $Y_{.2}$   | $Y_{.3}$   | $Y_{.4}$   | $Y_{.5}$   | $\sum Y_{i.} = \sum Y_{.i}$     |             |
| Mc/p          | $Y_{.1/p}$ | $Y_{.2/p}$ | $Y_{.3/p}$ | $Y_{.4/p}$ | $Y_{.5/p}$ |                                 |             |

Nota. Mc/p = media de los hijos de cada padre.

A través de la tabla dialélica, se pueden hacer las siguientes estimaciones:

- 1) Varianzas y covarianzas
- 2) Componentes de varianza genética
- 3) Parámetros genéticos
- 4) Análisis gráfico mediante el modelo de regresión lineal simple

Con base en estas estimaciones se pueden clasificar a los padres de acuerdo con la cantidad de genes dominantes y recesivos, y definir el límite de la selección.

Ahora se detallan las estimaciones estadísticas del método:

*Varianzas de Padres o de la Diagonal (VoLo)*

$$VoLo = \frac{\sum Y_{ii}^2 - \frac{(\sum Y_{ii})^2}{p}}{p - 1}$$

*Varianza de la Progenie de cada Padre (Vri)*

$$Vr_i = \frac{\sum Y_{ij}^2 - \frac{(\sum Y_{ij})^2}{p}}{p - 1}$$

*Media de las Varianzas de la Progenie de cada Padre (ViLi)*

$$ViLi = \frac{\sum Vr_i}{p}$$

*Covarianza entre las Medias de la Progenie de un Padre en Común y el Padre No Común o No Recurrente (Wr)*

$$Wr = \frac{\sum Y_{ii}Y_{ij} - \frac{(\sum Y_{ii}\sum Y_{ij})}{p}}{p - 1}$$

*Medias de las Covarianzas (WoLoi)*

$$WoLoi = \frac{\sum Wr}{p}$$

*Varianza de las Medias del Progenitor i (Voli)*

$$VoLi = \frac{\sum \bar{Y}_i^2 - \frac{(\sum \bar{Y}_i)^2}{p}}{p - 1}$$

*Diferencia Entre las Medias de los Progenitores y la de sus Progenies -<sup>2</sup>*

$$(\bar{Y}_{ii} - \bar{Y}_i)^2 = \frac{\left[ \sum Y_{ii} - \frac{\sum \bar{Y}_i}{p} \right]^2}{p}$$

Ahora se deben seguir los siguientes pasos:

- 1) Verificar si los datos de campo se ajustan al modelo aditivo-dominante (ausencia de epistasis). Se realiza el ANDEVA:

$$H_0: \bar{g}_1 = \bar{g}_2 = \dots = \bar{g}_n$$

ANDEVA con  $p = 4$  y  $b = 4$

| <i>FV</i>           | <i>GL</i>           | <i>CM</i> | <i>Fc</i> |
|---------------------|---------------------|-----------|-----------|
| Genotipo            | $p^2-1=15$          | **        |           |
| Bloques             | $b-1=3$             |           |           |
| Genotipo por bloque | $(p^2-1)(b-1)=45$   |           |           |
| Total               | $p^2 \times b-1=63$ |           |           |

### *Regla de Decisión*

Si  $F_c < F_t$  se acepta la  $H_0$ , y hasta aquí llega este trabajo. Si  $F_c > F_t$  se rechaza la  $H_0$ , y se continua con el análisis.

2) Realizar la prueba de homogeneidad para la diferencia de varianzas-covarianzas (Wr-Vri). Se realiza el ANDEVA para Wr-Vri:

| <i>FV</i>               | <i>GL</i>         | <i>CM</i> | <i>Fc</i> |
|-------------------------|-------------------|-----------|-----------|
| Genotipo (Wr-Vri)       | $p-1=3$           | ns        |           |
| Bloques                 | $b-1=3$           |           |           |
| Genotipo por bloque (e) | $(p-1)(b-1)=9$    |           |           |
| Total                   | $p \times b-1=15$ |           |           |

### *Regla de Decisión*

- Si  $F_c < F_t$  se acepta la  $H_0$  de homogeneidad de varianzas se prosigue con el análisis.
- Si  $F_c > F_t$  se rechaza  $H_0$ , no hay homogeneidad, entonces el carácter está controlado por un modelo epistático. No se continúa con el análisis.
- Si en genotipos (Wr-Vri) es ns, el modelo es aditivo-dominante.

### *Análisis gráfico*

El modelo del análisis de regresión de Wr en función de Vri está dado por:

$$Wr = a + bVr_i$$

La construcción de la parábola limitante está definida por:

$$Wr^2 = VoLo \times Vr_i$$



La función de la parábola (Figura 5.3), es igual a:

$$Wr = \sqrt{VoLo \times Vri}$$

Los estimadores pueden tomar estos valores:

- El intercepto **a** puede ser positivo o negativo.
- La pendiente **b** puede estar entre  $-1 \leq 0 \leq 1$ . Lo ideal es que sea 1. Si **b** = 1, entonces el modelo es aditivo-dominante.

La forma como se distribuyen los progenitores a lo largo de la recta de regresión indica la distribución de los genes dominantes y recesivos en los parentales. Los parentales ubicados cerca del origen tienen valores menores de  $Wr$  y  $Vri$  y poseen la mayor proporción de genes dominantes. Los parentales ubicados lejos del origen tienen valores mayores de  $Wr$  y  $Vri$ , y los que están cerca de la intercepción de la línea regresión con la parábola poseen el mayor número de genes recesivos.

Sentido de Acción de los Genes Dominantes®e calcula la correlación (**r**) entre el grado de dominancia de cada progenitor ( $Wr + Vri$ ) y su comportamiento promedio. Si  $r \approx 1$  y significativo, se procederá a estimar los límites de la selección, sustituyendo los valores máximos y mínimos de  $Wr$  y  $Vri$  en la ecuación:

$$Y_i = a + b(Wr + Vri)$$

Obtenidos de la siguiente manera:  $Wr = a + bVri$ , por lo tanto:

$$Vri = \frac{(Wr - a)}{b} \quad (1)$$

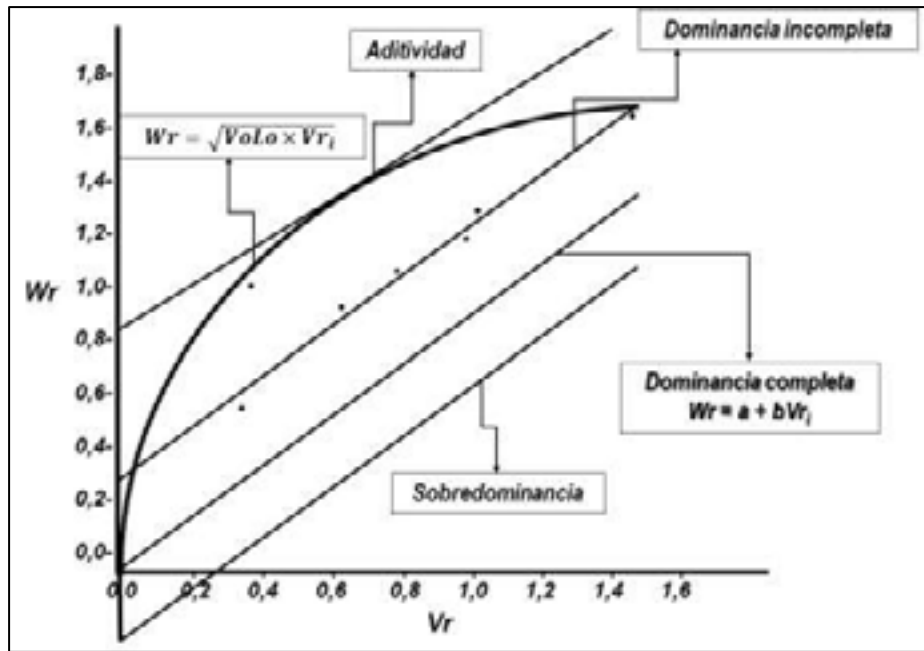


**Figura 5.3.** Gráfico  $Wr/Vr$  Para una Variable y Evaluada en un Diseño Dialélico Bajo el Método de Hayman (1954).

Como  $Wr^2 = VoLo \times Vr_i$ , entonces:

$$Wr = \pm \left[ \sqrt{VoLo \times \frac{Wr - a}{b}} \right]$$

Con esta ecuación se obtendrán los valores máximos de  $Wr$  y mínimo ( $Wr''$ ), los cuales se sustituyen en (1), y se obtienen los valores máximo y mínimo para  $Vr_i$ , así:

$$Y_i = a + b(Wr \text{ máx} + Vr_i \text{ máx})$$

$$Y_i = a + b(Wr'' \text{ mín} + Vr_i \text{ mín})$$

Entre menor valor de varianzas-covarianzas ( $Wr-Vr_i$ ) se tenga, se va a tener mayor número de genes favorables. La gráfica de  $Y_i$  en función de  $Wr+Vr_i$  (Figura 5.4) se puede hacer si se obtiene una correlación ( $r$ ) alta y significativa, y a la vez se puede estimar el límite de la selección. El valor de  $r$  es -1 o 1. En la figura, el P3 es de mayor valor promedio.

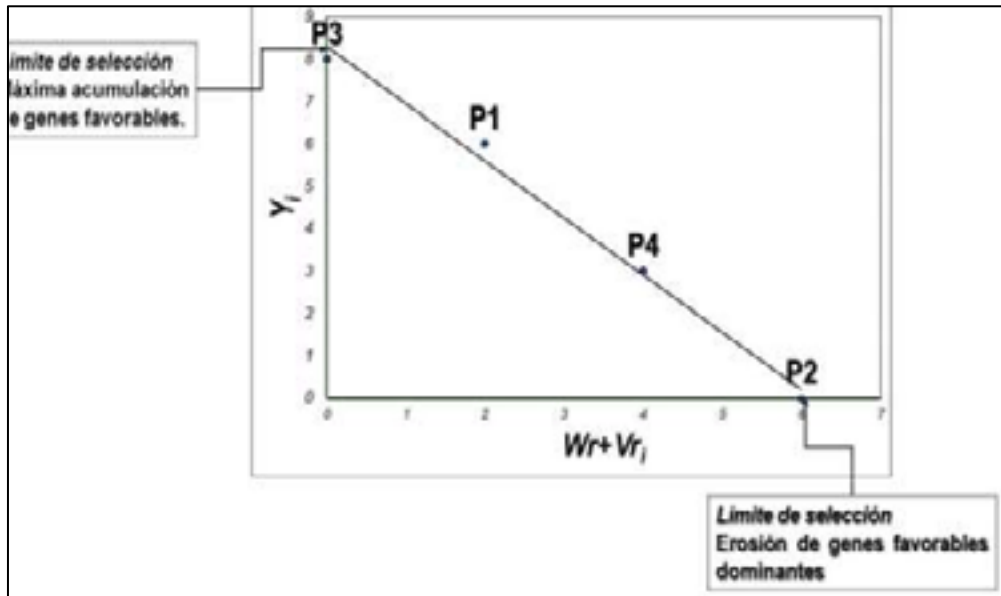


**Figura 5.4.** Gráfico  $W_r/V_r$  Para una Variable y Evaluada en un Diseño Dialélico Bajo el Método de Hayman (1954).

### Componentes de Variación Genética

#### Componentes de Varianza Debido a Efectos Aditivos ( $D$ )

$D = VoLo - E$ , donde  $E = CMe$  (error experimental)

#### Componentes de Varianza Debido a Efectos Positivos de Dominancia ( $H_1$ )

$$H_1 = VoLo - 4WoLo_i - 4V_iL_i - \frac{[(3p - 2) \times E]}{p}$$

Si  $(D-H_1) = +$ , entonces es prevalente una acción génica aditiva.

Si  $(D-H_1) = -$  entonces es prevalente una acción génica sobredominante.

#### Componentes de Varianza Debido a Efectos Negativos de Dominancia ( $H_2$ )

$$H_2 = 4V_iL_i - 4VoLo_i - 2E$$

#### Frecuencias Relativas de Genes Dominantes y Recesivos en Parentales ( $F$ )

$$F = 2VoLo - 4WoLo_i - \frac{[2 \times (p - 2) \times E]}{p}$$

Si los alelos dominantes son más frecuentes que los recesivos,  $F$  será positivo.

### *Frecuencia Relativa de Genes Dominantes y Recesivos en Cada Parental (Fr)*

$$F = 2(VoLo - WoLo_i + V_iL_i - Wr - Vr_i) - \frac{[2 \times (p - 2) \times E]}{p}$$

### *Componente Genético Debido a la Acción Dominante ( $h^2$ )*

$$h^2 = (\bar{Y}_{ii} - \bar{Y}_{i.})^2 - \frac{[4 \times (p - 1) \times E]}{p^2}$$

### *Estimación de Parámetros Genéticos*

#### *Grado Medio de Dominancia (gmd)*

$$gmd = \sqrt{\frac{H_1}{D}}$$

### *Relación entre Alelos con Efectos Positivos y Negativos en Loci con Dominancia*

$$+/- = \frac{H_2}{4H_1}$$

Si +/- = 0,25, es ideal. Hay equilibrio, donde los genes con efectos positivos son de la misma magnitud de los efectos negativos.

### *Relación entre Número de Alelos Dominantes y Recesivos (d/r)*

$$\frac{d}{r} = \frac{\sqrt{4DH_1} + F}{\sqrt{4DH_1} - F}$$

Si  $d/r \approx 1$ , la distribución de genes dominantes y recesivos en los progenitores es uniforme.

### *Número de Genes (bloques génicos) que Exhiben Dominancia en los Padres (Ng)*

$$Ng = \frac{h^2}{H_2}$$

### *Heredabilidad en Sentido Estricto ( $h_e^2$ )*

$$h_e^2 = \frac{(D - F + H_1 - H_2)}{(D - F + H_1 - \left(\frac{1}{2}\right)H_2 + 2E)} = \frac{\left(\frac{1}{2}D + \frac{1}{2}H_1 - \frac{1}{2}H_2 - \frac{1}{2}F\right)}{\left(\frac{1}{2}D + \frac{1}{2}H_1 - \frac{1}{4}H_2 - \frac{1}{2}F\right) + E}$$

### Heredabilidad en Sentido Amplio ( $h_a^2$ )

$$h_a^2 = \frac{(D - F + H_1 - \left(\frac{1}{2}\right)H_2)}{(D - F + H_1 - \left(\frac{1}{2}\right)H_2 + 2E)} = \frac{\left(\frac{1}{2}D + \frac{1}{2}H_1 - \frac{1}{4}H_2 - \frac{1}{2}F\right)}{\left(\frac{1}{2}D + \frac{1}{2}H_1 - \frac{1}{4}H_2 - \frac{1}{2}F\right) + E}$$

### Sintaxis SAS

Seguidamente, se proporcionan algunas de las declaraciones de la sintaxis SAS para el método de Hayman (1954) según lo planteado por Makumbi et al. (2018):

```
%let dir = D:\ /* especificar la ubicación del archivo con los datos a ser
analizado */;
%let FileName = LULODIALLEL /* nombre del archivo de datos a analizar */;
PROC IMPORT datafile=" &dir\&FileName.csv" /* para importar el archivo de
datos */
out=DIALLEL dbms=csv replace;
getnames=yes;
RUN;
Data DIALLEL;
set DIALLEL;
dsid=open('DIALLEL');
if varnum (dsid, 'Env') =0 then Env=1;
rc=close(dsid);
drop dsid rc;
RUN ;
%global Y Parent1 Parent2 replication genotype Env ;
%macro testVAR(var) ;
%let dsidvar=%sysfunc(open(&var)) ;
%let nvars=%sysfunc (attrn (&dsidvar, nvars)) ;
%mend testVAR;
%mend listsVAR;
Data DIALLEL;
set DIALLEL (rename=(&varsvar));
Genotype=compress (Parent1||"x"||Parent2); /*make a
list of genotypes*/
RUN;
PROC SORT data=DIALLEL; /*sort data in the file*/
by Env Parent1 Parent2 Replication;
PROC MEANS data = DIALLEL mean noprint;
/*calculate trait means*/
by Parent1 Parent2;
var Response;
output out = tmp1 (drop = _type_ _freq_) mean=
Response;
*-----*
*ANDEVA general para la variable de respuesta*
```

```

*-----*
* Las siguientes declaraciones son para la ejecución deL ANDEVA para el
rasgo de
interés según lo especificado por el usuario. *
*-----*,
PROC MIXED data=DIALLEL method=type3 noinfo
noprnt;
class Env REP Parent1 Parent2 Genotype;
Model Response = Env Genotype Genotype*Env;
random REP(Env);
ods output type3=allc;
ods output ClassLevels=niv /*(keep = class level values) */;
ods listing exclude FitStatistics ClassLevels type3 tests3
covparms;
RUN;
*-----*
*ANDEVA de acuerdo con el método de Hayman*
*-----*
* Las siguientes declaraciones son para la ejecución de ANOVA para el rasgo
de
interés entre los F1s de acuerdo con Hayman (1954b) *
*-----*,
PROC GLM data=diallel outstat=temp2 noprnt;
class Env replication Parent1 Parent2;
Model Response = Replication (Env) Replication Parent1
Parent2 Parent1*Parent2 Env Env*Parent1 Env*Parent1
Env*Parent1*Parent2/ss3;
RUN;
*-----*
* Creación de un conjunto de datos para cada padre*
*-----*
* El siguiente conjunto de macros se utiliza para crear un conjunto de datos
para cada
padre en el dialélico. *
*-----*,
%macro matrix;
%do i=1 %to &P;
data C&i;
set MY;
if P1=&i OR P2=&i;
rename MY=C&i;
drop P1 P2;
%if &i=2 %then %do;
data all;
merge C1 C2;
%end;
%if &i>2 %then %do;
data all;
merge all C&i;

```

```

%end;
%end;
*-----*
* Varianza de la media de matrices (V0L1) *
*-----*
* El siguiente conjunto de declaraciones calcula la varianza de la media de
matrices *
*-----*,
meanX=sumX/&Pro1;
v0l1=(ssq(meanX) - ((sum(meanX)##2)/&Pro1))/
(&Pro1-1);
*-----*
* Covarianza entre padres y sus progenies (Wr) *
*-----*
* El siguiente conjunto de declaraciones calcula la covarianza entre padres e
hijos *
*-----*,
Wr=j(&Pro1,1,0);
diag=diag [,+];
do i=1 to &Pro1;
Pi=X[,i];
W=Pi # diag;
Wr[i]=(sum(W) - (sumX[i] # sumDIAG/&Pro1))/
(&Pro1-1);
end;
diff = Wr - Vr;
sum = Wr + Vr;
*-----*
* Prueba de significancia de b igual a cero (0) – Ho: b = 0*
* Prueba de significancia de b igual a uno (1) – Ho: b =1*
*-----*
* El siguiente conjunto de afirmaciones se utiliza para probar la significancia de
la
pendiente igual a 0 y 1.*
*-----*,
b0=b/se;
b1=(1-b)/se;
free VWr VVr CVrWr;
*-----*
*Gráfico Wr – Vr*
*-----*
* El siguiente conjunto de afirmaciones es para el análisis gráfico del dialelo
usando
covarianza entre familias y varianza entre familias. *
*-----*,
Wri= (Vr # v0l0) ## (1/2);
MeanWr=sum (Wr)/&Pro1;
MeanVr=sum (Vr)/&Pro1;
Wrei=MeanWr-(B#MeanVr) +(B#Vr);

```

```

Wreiprime=MeanWr-(1#MeanVr) +(1#Vr);
vfcf = j(&Pro1,1,1);
Wriqrt=quartile (Wri);
Vrqrt=quartile (Vr);
Intercept=MeanWr-(B#MeanVr);
free MeanWr MeanVr;
Graph=Wr? /? / Vr? /? / Wri? /? /Wrei? /? /Wreiprime;
qrt=Wriqrt? /? /Vrqrt;
*-----*
*Estimación de componentes de varianza genética*
*-----*
* El siguiente conjunto de declaraciones son para estimar D, F, H1, H2, and E*
*-----*;
E=ems;
D=v0I0-E;
if D < 0 then D=0;
F=(2#v0I0) -(4#w0I01) -(2#(&Pro1-2) #E/&Pro1);
if F < 0 then F=0;
H1=v0I0-(4#w0I01) +(4#v1I1) -((3#&Pro1-2) #E/&Pro1);
if H1 < 0 then H1=0;
H2=(4#v1I1) -(4#v0I1) -(2#E);
if H2 < 0 then H2=0;
SH2=(4#DPP) -(4#(&Pro1-1) #E/(&Pro1##2));
if SH2 < 0 then SH2=0;
S2= (1/2) #(1/(&Pro1-1)) # ((ssq (Wr-Vr)) -((sum (Wr-Vr) ##2)/&Pro1));
if S2 < 0 then S2=0;
N1=&Pro1;
N2=&Pro1##2;
N3=&Pro1##3;
N4=&Pro1##4;
N5=&Pro1##5;
%mend first;
%first;
RUN;

```



## Dialelo Parcial Circulante (Comstock & Robinson, 1948)

Si el número de parentales es muy grande, el número de cruzamientos que deben hacerse es demasiado alto. Si se consideran 10 parentales para cruzarse entre sí resultarían en  $10 \times 9 = 90$  cruzamientos, si se tienen 20 se tendrían  $20 \times 19 = 380$  cruzamientos, y así consecutivamente. Kempthorne & Curnow (1961) propusieron el dialelo parcial circulante (DPC) para permitir la evaluación de un mayor número de parentales y reducir el número de cruzamientos, tal como se muestra en la Tabla 5.15, donde se ve claramente que el número de cruzamientos de un DPC con  $p$  parentales, cada uno de ellos involucrado en tres cruzamientos, es mucho menor al número de cruzamientos que se deben hacer con los métodos de Griffing (1956).

De acuerdo con este procedimiento, cada uno de los  $p$  parentales se cruza con otros padres del mismo conjunto. Cada parental participa en  $s$  cruzamientos. El número de cruzamientos aleatorios que se obtienen corresponden a  $p(s/2)$ , donde  $s \geq 2$  y  $p$  y  $s$  no pueden ser ambos impares. A continuación, se describe el procedimiento con base en lo descrito por Singh & Chaudhary (1985).

El muestreo de cruza aleatorias se basa en una constante  $k$ , que es igual a:

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

$k$  debe ser un número entero. Los  $p$  parentales son numerados al azar, y se cruzan siguiendo el siguiente orden:

$1 \times (k+1), 1 \times (k+2), \dots, 1 \times (k+s)$   
 $2 \times (k+2), 2 \times (k+3), \dots, 2 \times (k+1+s)$   
 $3 \times (k+3), 3 \times (k+4), \dots, 3 \times (k+3-1+s)$   
 $4 \times (k+4), 4 \times (k+5), \dots, 4 \times (k+4-1+s)$   
 $\vdots$   
 $i \times (k+i), i \times (k+i+1), \dots, i \times (k+i-1+s)$   
 $\vdots$   
 $\vdots$   
 $p \times (k+p), p \times (k+p+1), \dots, p \times (k+p-1+s)$

**Tabla 5.15**

Número de Cruzamientos Involucrados en los Métodos de Griffing (1956) con  $p$  Parentales y un DPC con  $p \times (3/2)$  Cruzamientos.

| $p$ | Métodos de Griffing (1956) |                     |                 |                     | DPC<br>$p(3/2)$ |
|-----|----------------------------|---------------------|-----------------|---------------------|-----------------|
|     | I<br>$p^2$                 | II<br>$(1/2)p(p+1)$ | III<br>$p(p-1)$ | IV<br>$(1/2)p(p-1)$ |                 |
| 8   | 64                         | 36                  | 56              | 28                  | 12              |
| 10  | 100                        | 55                  | 90              | 45                  | 15              |
| 16  | 256                        | 136                 | 240             | 120                 | 24              |
| 20  | 400                        | 210                 | 380             | 190                 | 30              |
| 24  | 576                        | 300                 | 552             | 276                 | 36              |
| 48  | 2304                       | 1176                | 2256            | 1128                | 72              |
| 50  | 2500                       | 1275                | 2450            | 1225                | 75              |
| 100 | 10000                      | 5050                | 9900            | 4950                | 150             |

**Modelo:**

$$Y_{ijk} = \mu + b_k + g_i + g_j + S_{ij} + e_{ij}$$

Donde:  $\mu$  = media general del experimento,  $b_k$  = efecto de la repetición  $k$ -ésima,  $g_i, g_j$  = efectos de ACG de los parentales  $i$ -ésimo y  $j$ -ésimo,  $S_{ij}$  = es el efecto del ACE de padre  $i$ -ésimo x padre  $j$ -ésimo,  $e_{ij}$  = error experimental.

En el DPC de 48 parentales de *Solanum betaceum* (Cav.) (ver anexo 3.3), se tiene que  $p = 48$ , el tamaño de muestra  $s = 3$  significa que cada parental se cruzó en forma aleatoria con tres parentales de los 48. El total de cruza realizadas fueron  $p(3/2) = 48(3/2) = 72$ . La constante  $k$ , fue:

$$k = \frac{(p+1-s)}{2} = \frac{(48+1-3)}{2} = 23$$

Los cruzamientos aleatorios realizados entre  $p$  progenitores se muestran a continuación:

| $p_i$ | $p_j$ | $p_i$ | $p_k$ | $p$ | $p_l$ | $p_i$ | $p_j$ | $p_i$ | $p_k$ | $p$ | $p_l$ |
|-------|-------|-------|-------|-----|-------|-------|-------|-------|-------|-----|-------|
| 1     | x     | 24    | 1     | x   | 25    | 1     | x     | 26    | 13    | x   | 36    |
| 2     | x     | 25    | 2     | x   | 26    | 2     | x     | 27    | 14    | x   | 37    |
| 3     | x     | 26    | 3     | x   | 27    | 3     | x     | 28    | 15    | x   | 38    |
| 4     | x     | 27    | 4     | x   | 28    | 4     | x     | 29    | 16    | x   | 39    |
| 5     | x     | 28    | 5     | x   | 29    | 5     | x     | 30    | 17    | x   | 40    |
| 6     | x     | 29    | 6     | x   | 30    | 6     | x     | 31    | 18    | x   | 41    |
| 7     | x     | 30    | 7     | x   | 31    | 7     | x     | 32    | 19    | x   | 42    |
| 8     | x     | 31    | 8     | x   | 32    | 8     | x     | 33    | 20    | x   | 43    |
| 9     | x     | 32    | 9     | x   | 33    | 9     | x     | 34    | 21    | x   | 44    |
| 10    | x     | 33    | 10    | x   | 34    | 10    | x     | 35    | 22    | x   | 45    |
| 11    | x     | 34    | 11    | x   | 35    | 11    | x     | 36    | 23    | x   | 46    |
| 12    | x     | 35    | 12    | x   | 36    | 12    | x     | 37    | 24    | x   | 47    |
|       |       |       |       |     |       |       |       |       | 25    | x   | 48    |

$$p_j = (k+i), p_k = (k+i+1), p_l = (k+i-1+s)$$

Como puede verse, cada parental participa en tres cruzamientos. El parental ( $p_i$ ) 24 se cruzó con los parentales 1, 47 y 48, el  $p_i$  25 con los  $p_i$  1, 2, y 48.

Estos 72 híbridos junto con 9 genotipos formaron 81 tratamientos, los cuales se evaluaron en cuatro localidades del departamento de Nariño, bajo un diseño látice 9x9. Para esta parte del tema se tomaron los datos del rendimiento (RTO) de la localidad de Pasto. La sintaxis SAS del ANDEVA del experimento se muestra en el Anexo 5.1. El desarrollo y la teoría sobre el diseño látice se puede consultar en Lagos & Criollo (2019).

Según el ANDEVA (Tabla 5.16) hay diferencias significativas entre los genotipos, por lo tanto, se procede a realizar el análisis genético para determinar el potencial genético de los 48 parentales a través de la ACG y ACE.



| <b>Método 1</b>                                                                                           | <b>Método 2</b>                                                                          |
|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------|
| $FC_1 = \frac{2 \times \sum \bar{Y}_i}{p \times s} = \frac{2 \times 643,35}{48 \times 3} = \mathbf{8,94}$ | $FC_2 = \frac{2 \times \sum \bar{Y}_i}{p} = \frac{2 \times 643,35}{48} = \mathbf{26,81}$ |

$$\bar{Y}_{C_i} = \bar{Y}_i - FC_1$$

Ejemplos:

Para el híbrido 1x24:  $\bar{Y}_{c_i} = \bar{Y}_i - FC = 8,20 - 8,94 = -0,74$

Para el híbrido 1x25:  $\bar{Y}_{c_i} = \bar{Y}_i - FC = 8,95 - 8,94 = 0,014$

De esta forma, se calculan las medias corregidas para los 70 híbridos restantes.

Ahora se calculan los  $Q_i$  mediante el uso del  $FC_1 = 8,94$  o del  $FC_2 = 26,81$ . Las medias corregidas de todos los cruzamientos, en los cuales participa un padre en particular, se agrupan para obtener valores de  $Q_i$ .

Los  $Q_i$  para cada parental se observan en la Tabla 5.18. Estos se calculan así:

Por el método 1:  $Q_1 = \bar{Y}_{c_{1x2}} + \bar{Y}_{c_{1x3}} + \dots + \bar{Y}_{c_{1xi}}$

Para el padre uno (1),  $Q_1 = (-0,74) + (0,01) + (2,46) = 1,74$

Por el método 2:  $Q_1 = (\bar{Y}_{1x2} + \bar{Y}_{1x3} + \dots + \bar{Y}_{1xi}) - FC_2$

Para el padre uno (1),  $Q_1 = (8,20) + (8,95) + (11,40) = 1,74$

De esta manera, se calculan los  $Q_i$  para los 47 parentales restantes. La sumatoria de los  $Q_i$  es igual a cero (0).

**Tabla 5.17**

Medias sin Corregir ( $\bar{Y}_i$ ) y las Medias Corregidas ( $\bar{Y}_{c_i}$ ) del Rendimiento (t/ha) de 72 Híbridos de *Solanum betaceum* (Cav.) Evaluados en una Localidad del Municipio de Pasto, Departamento de Nariño.

| <i>H</i> | $\bar{Y}_i$ | $\bar{Y}_{c_i}$ | <i>H</i> | $\bar{Y}_i$ | $\bar{Y}_{c_i}$ | <i>H</i> | $\bar{Y}_i$ | $\bar{Y}_{c_i}$ | <i>H</i> | $\bar{Y}_i$ | $\bar{Y}_{c_i}$ |
|----------|-------------|-----------------|----------|-------------|-----------------|----------|-------------|-----------------|----------|-------------|-----------------|
| 1x24     | 8,20        | -0,74           | 7x30     | 9,75        | 0,81            | 13x36    | 9,60        | 0,66            | 19x42    | 7,40        | -1,54           |
| 1x25     | 8,95        | 0,01            | 7x31     | 10,85       | 1,91            | 13x37    | 6,45        | -2,49           | 19x43    | 7,40        | -1,54           |
| 1x26     | 11,40       | 2,46            | 7x32     | 7,45        | -1,49           | 13x38    | 6,10        | -2,84           | 19x44    | 8,70        | -0,24           |
| 2x25     | 9,85        | 0,91            | 8x31     | 7,35        | -1,59           | 14x37    | 8,15        | -0,79           | 20x43    | 10,10       | 1,16            |
| 2x26     | 13,10       | 4,16            | 8x32     | 4,15        | -4,79           | 14x38    | 10,45       | 1,51            | 20x44    | 9,85        | 0,91            |
| 2x27     | 5,35        | -3,59           | 8x33     | 9,45        | 0,51            | 14x39    | 5,50        | -3,44           | 20x45    | 6,90        | -2,04           |
| 3x26     | 6,90        | -2,04           | 9x32     | 6,95        | -1,99           | 15x38    | 8,75        | -0,19           | 21x44    | 10,05       | 1,11            |
| 3x27     | 4,90        | -4,04           | 9x33     | 6,30        | -2,64           | 15x39    | 9,70        | 0,76            | 21x45    | 5,70        | -3,24           |
| 3x28     | 12,50       | 3,56            | 9x34     | 7,60        | -1,34           | 15x40    | 8,05        | -0,89           | 21x46    | 11,30       | 2,36            |
| 4x27     | 4,70        | -4,24           | 10x33    | 11,35       | 2,41            | 16x39    | 9,30        | 0,36            | 22x45    | 7,65        | -1,29           |
| 4x28     | 14,70       | 5,76            | 10x34    | 6,95        | -1,99           | 16x40    | 8,15        | -0,79           | 22x46    | 9,15        | 0,21            |
| 4x29     | 7,70        | -1,24           | 10x35    | 9,65        | 0,71            | 16x41    | 6,60        | -2,34           | 22x47    | 9,30        | 0,36            |
| 5x28     | 13,15       | 4,21            | 11x34    | 8,80        | -0,14           | 17x40    | 9,90        | 0,96            | 23x46    | 9,70        | 0,76            |
| 5x29     | 13,00       | 4,06            | 11x35    | 12,30       | 3,36            | 17x41    | 5,50        | -3,44           | 23x47    | 10,65       | 1,71            |
| 5x30     | 8,30        | -0,64           | 11x36    | 10,70       | 1,76            | 17x42    | 8,65        | -0,29           | 23x48    | 10,95       | 2,01            |
| 6x29     | 6,65        | -2,29           | 12x35    | 14,35       | 5,41            | 18x41    | 12,15       | 3,21            | 24x47    | 10,00       | 1,06            |
| 6x30     | 7,50        | -1,44           | 12x36    | 9,55        | 0,61            | 18x42    | 9,30        | 0,36            | 24x48    | 9,95        | 1,01            |
| 6x31     | 10,40       | 1,46            | 12x37    | 6,55        | -2,39           | 18x43    | 8,90        | -0,04           | 25x48    | 10,10       | 1,16            |

Nota. H = híbrido,  $\Sigma \bar{Y}_i = 643,35$

### Efectos de Aptitud Combinatoria General ( $g_i$ )

Estimar los efectos de ACG ( $g_i$ ) para cada parental se resuelve mediante operaciones matriciales, como sigue:

$$AG = Q$$

Donde: **A** = matriz circulante simétrica **A**, **G** = vector columna a estimar de los efectos de ACG ( $g_i$ ), **Q** = vector columna de las medias corregidas de todos los cruzamientos en que participa un padre en particular ( $Q_i$ ).

De la anterior ecuación se despeja **G**, para obtener los efectos de ACG de cada parental ( $g_i$ ) (Tabla 5.18). Entonces:

$$G = A^{-1}Q$$

Donde:  $A^{-1}$  = inversa de la matriz circulante simétrica **A** (Anexo 5.2), obtenida mediante la función de Excel =MINVERSA () y Crt+Shift+enter.

Una vez se obtiene el vector **G** de efectos de ACG, es necesario tener en cuenta que  $\sum g_i = 0$ .

**Tabla 5.18**

Valores de  $Q_i$  y Aptitud Combinatoria General ( $g_i$ ) Para Cada Uno de los 48 Parentales de *Solanum betaceum* (Cav.) Evaluados en una Localidad del Municipio de Pasto, Departamento de Nariño.

| <i>p</i> | <i>Cruza con</i> | <i>Q<sub>i</sub></i> | <i>g<sub>i</sub></i> | <i>g<sub>i</sub> Q<sub>i</sub></i> | <i>p</i> | <i>Cruza con</i> | <i>Q<sub>i</sub></i> | <i>g<sub>i</sub></i> | <i>g<sub>i</sub> Q<sub>i</sub></i> |
|----------|------------------|----------------------|----------------------|------------------------------------|----------|------------------|----------------------|----------------------|------------------------------------|
| 1        | (24-25-26)       | 1,74                 | <b>-4,12</b>         | -7,19                              | 25       | (48-1-2)         | 2,09                 | <b>4,10</b>          | 8,59                               |
| 2        | (25-26-27)       | 1,49                 | <b>-3,45</b>         | -5,15                              | 26       | (1-2-3)          | 4,59                 | <b>6,33</b>          | 29,08                              |
| 3        | (26-27-28)       | -2,51                | <b>-6,83</b>         | 17,11                              | 27       | (2-3-4)          | -11,86               | <b>1,40</b>          | -16,57                             |
| 4        | (27-28-29)       | 0,29                 | <b>-5,78</b>         | -1,70                              | 28       | (3-4-5)          | 13,54                | <b>10,25</b>         | 138,81                             |
| 5        | (28-29-30)       | 7,64                 | <b>-4,60</b>         | -35,17                             | 29       | (4-5-6)          | 0,54                 | <b>5,97</b>          | 3,25                               |
| 6        | (29-30-31)       | -2,26                | <b>-7,00</b>         | 15,80                              | 30       | (5-6-7)          | -1,26                | <b>5,22</b>          | -6,56                              |
| 7        | (30-31-32)       | 1,24                 | <b>-5,33</b>         | -6,62                              | 31       | (6-7-8)          | 1,79                 | <b>7,55</b>          | 13,54                              |
| 8        | (31-32-33)       | -5,86                | <b>-8,53</b>         | 49,93                              | 32       | (7-8-9)          | -8,26                | <b>4,45</b>          | -36,73                             |
| 9        | (32-33-34)       | -5,96                | <b>-7,75</b>         | 46,17                              | 33       | (8-9-10)         | 0,29                 | <b>7,72</b>          | 2,27                               |
| 10       | (33-34-35)       | 1,14                 | <b>-6,60</b>         | -7,55                              | 34       | (9-10-11)        | -3,46                | <b>5,12</b>          | -17,71                             |
| 11       | (34-35-36)       | 4,99                 | <b>-4,48</b>         | -22,37                             | 35       | (10-11-12)       | 9,49                 | <b>8,10</b>          | 76,86                              |
| 12       | (35-36-37)       | 3,64                 | <b>-3,72</b>         | -13,54                             | 36       | (11-12-13)       | 3,04                 | <b>5,21</b>          | 15,85                              |
| 13       | (36-37-38)       | -4,66                | <b>-4,39</b>         | 20,43                              | 37       | (12-13-14)       | -5,66                | <b>1,49</b>          | -8,41                              |
| 14       | (37-38-39)       | -2,71                | <b>-2,01</b>         | 5,44                               | 38       | (13-14-15)       | -1,51                | <b>1,81</b>          | -2,73                              |
| 15       | (38-39-40)       | -0,31                | <b>-0,55</b>         | 0,17                               | 39       | (14-15-16)       | -2,31                | <b>0,03</b>          | -0,07                              |
| 16       | (39-40-41)       | -2,76                | <b>0,17</b>          | -0,46                              | 40       | (15-16-17)       | -0,71                | <b>-0,51</b>         | 0,36                               |
| 17       | (40-41-42)       | -2,76                | <b>1,20</b>          | -3,31                              | 41       | (16-17-18)       | -2,56                | <b>-2,77</b>         | 7,09                               |
| 18       | (41-42-43)       | 3,54                 | <b>4,40</b>          | 15,58                              | 42       | (17-18-19)       | -1,46                | <b>-3,08</b>         | 4,48                               |
| 19       | (42-43-44)       | -3,31                | <b>2,18</b>          | -7,22                              | 43       | (18-19-20)       | -0,41                | <b>-3,79</b>         | 1,54                               |
| 20       | (43-44-45)       | 0,04                 | <b>4,38</b>          | 0,19                               | 44       | (19-20-21)       | 1,79                 | <b>-2,99</b>         | -5,36                              |
| 21       | (44-45-46)       | 0,24                 | <b>4,20</b>          | 1,02                               | 45       | (20-21-22)       | -6,56                | <b>-6,33</b>         | 41,50                              |
| 22       | (45-46-47)       | -0,71                | <b>3,85</b>          | -2,72                              | 46       | (21-22-23)       | 3,34                 | <b>-3,02</b>         | -10,10                             |
| 23       | (46-47-48)       | 4,49                 | <b>4,36</b>          | 19,59                              | 47       | (22-23-24)       | 3,14                 | <b>-2,92</b>         | -9,16                              |
| 24       | (47-48-1)        | 1,34                 | <b>3,68</b>          | 4,94                               | 48       | (23-24-25)       | 4,19                 | <b>-2,65</b>         | -11,11                             |



### Sumas de Cuadrado (SC) para los Híbridos

Los 80 grados de libertad (GL) y las SC de los tratamientos de la Tabla 5.16 se pueden fraccionar de la siguiente manera:

| <i>FV</i>             | <i>GL</i>                      | <i>SC</i>          |
|-----------------------|--------------------------------|--------------------|
| Genotipos (g)         | 80                             | SC <sub>g</sub>    |
| Genotipos vs Testigos | 1                              | SC <sub>gvst</sub> |
| Testigos (t)          | t-1 = 9-1=8                    | SC <sub>t</sub>    |
| Híbridos (h)          | (ps/2) - 1 = (48x3)/2 - 1 = 71 | SC <sub>h</sub>    |

Se puede verificar que  $GL_{gvst} + GL_t + GL_h = 1 + 8 + 71 = 80 = GL_g$ .  
Ahora se calculan las SC de los híbridos (SC<sub>h</sub>):

$$SC_h = \frac{\sum Y_i^2}{r} - FCh$$

Donde:  $\sum Y_i$  = sumatoria de los totales de genotipo i-ésimo a través de *r* repeticiones (ver Anexo 3.3), **FCh** = factor de corrección de la media de los 72 híbridos, que corresponde a:

$$FCh = \frac{(\sum \sum Y_{ij})^2}{p \times r} = \frac{(1286,7)^2}{48 \times 3} = \mathbf{11497,20}$$

Donde:  $\sum \sum Y_{ij}$  = total del experimento para los 72 híbridos del Anexo 3.3.

Luego:

$$SC_h = \frac{\sum Y_i^2}{r} - FCh = \frac{(16,4)^2 + (17,9)^2 + \dots + (20,2)^2}{2} - 11497,20 = \mathbf{748,40}$$

### Efectos de ACG y ACE

Para el ANDEVA del dialélico, ahora se calculan los efectos de la ACG y ACE, dado que la hipótesis nula (H<sub>0</sub>) para la fuente de variación (FV) genotipos bajo los modelos tipo I y tipo II fueron rechazadas (Tabla 5.19).

Las H<sub>0</sub> probadas para los genotipos para estos modelos, fueron:

$$H_{01}: \bar{Y}_1 + \bar{Y}_2 + \dots + \bar{Y}_{48} \text{ (modelo tipo I o fijo)}$$

$$H_{02}: \sigma_g^2 = 0 \text{ (modelo tipo II o aleatorio)}$$

Los Fc (1,86) para genotipos bajo los modelos tipo I (FcMI) y tipo II (FcMII), se obtuvieron dividiendo el cuadrado medio de genotipos sobre el cuadrado medio del error.

**Tabla 5.19**

ANDEVA Para los Efectos de Aptitud Combinatoria del Dialelo Parcial Circulante en 48 Parentales de *Solanum betaceum* (Cav.) Evaluados en una Localidad del Municipio de Pasto, Departamento de Nariño.

| <i>FV</i> | <i>GL</i> | <i>SC</i> | <i>CM</i>          | <i>FcMI</i> | <i>FcMII</i> | <i>Ft</i> ( $\alpha=0,05$ ) |
|-----------|-----------|-----------|--------------------|-------------|--------------|-----------------------------|
| Híbridos  | 71        | 748,40    | 10,54*             | 1,86        | 1,86         | 1,50                        |
| ACG       | 47        | 604,18    | 12,85*             | 2,26        | 2,14         | 1,56                        |
| ACE       | 24        | 144,22    | 6,01 <sup>ns</sup> | 1,06        | 1,06         | 1,69                        |
| Error     | 64        | 363,31    | 5,68               |             |              |                             |

Nota. \*=diferencias estadísticas significativas, ns= diferencias no significativas.

### Reglas de Decisión para Genotipos

El Fc (1,86) > Ft (1,50) a un  $\alpha=0,05$ , se rechaza la hipótesis nula ( $H_{01}$ ) y se concluye que alguna media de los genotipos es diferente.

El Fc (2,14) > Ft (1,50) a un  $\alpha=0,05$ , se rechaza la hipótesis nula ( $H_{02}$ ) y se concluye que la varianza entre los genotipos es diferente de cero.

Como se rechazó la  $H_0$  para los genotipos se puede continuar con el análisis, de lo contrario el trabajo llegaría a este punto y se concluiría que no existe suficiente variabilidad entre el material genético evaluado que permita establecer su potencial genético. Las hipótesis para los efectos de ACG ( $g_i$ ) y ACE ( $S_{ij}$ ) son las siguientes:

$H_{01}: g_1 + g_2 + \dots + g_{48}$  (modelo tipo I o fijo)

$H_{02}: \sigma_g^2 = 0$  (modelo tipo II o aleatorio)

$H_{03}: S_{1 \times 24} + g_{1 \times 25} + \dots + g_{48 \times 25}$  (modelo tipo I o fijo)

$H_{04}: S_{ij}^2 = 0$  (modelo tipo II o aleatorio)

### Grados de Libertad de Híbridos (GLh)

$$GLh = (ps/2) - 1 = \left[ \frac{48 \times 3}{2} \right] - 1 = 72 - 1 = 71$$

### Grados de Libertad de ACG (GL<sub>gi</sub>)

$$GLg_i = p - 1 = 48 - 1 = 47$$

### Grados de Libertad de ACE (GL<sub>Sij</sub>)

$$GLS_{ij} = p[s/2 - 1] = 48 \times (3/2 - 1) = 48 \times 0,5 = 24$$

Se puede corroborar que:  $GLg_i + GLS_{ij} = 47 + 24 = 71 = GLh$

### SC de ACG (SC<sub>gi</sub>)

$$SCg_i = r \times \sum g_i Q_i$$

$\sum g_i Q_i$  se obtiene de la suma de la columna  $g_i Q_i$  de la Tabla 5.18

$$SCg_i = 2 \times [(-7,19) + (-5,15) + \dots + (-9,16) + (-5,15)] = 2 \times 302,09 = \mathbf{604,18}$$

### SC de ACE (SC<sub>Sij</sub>)

$$SC_{S_{ij}} = SCh - SCg_i = 748 - 604,18 = \mathbf{144,22}$$

El ANDEVA de la Tabla 5.16 puede ampliarse y tomar la siguiente estructura:

| <i>FV</i>          | <i>GL</i> | <i>SC</i> | <i>CM</i>          | <i>FcMI</i> | <i>FcMII</i> | <i>FtMI</i> ( $\alpha=0,05$ ) | <i>FtMII</i> ( $\alpha=0,05$ ) |
|--------------------|-----------|-----------|--------------------|-------------|--------------|-------------------------------|--------------------------------|
| Repeticiones (r)   | 1         | 3056,23   | 3056,23            | 538,38      |              |                               |                                |
| Bloques/ r (Aj.)   | 16        | 268,43    | 16,78              | 2,96        |              |                               |                                |
| Genotipos (Sin aj) | 80        | 855,63    | 10,70*             | 1,88        | 1,88         | 1,49                          |                                |
| Híbridos           | 71        | 748,40    | 10,54*             | 1,86        | 1,86         | 1,50                          |                                |
| ACG                | 47        | 604,18    | 12,85*             | 2,26        | 2,14         | 1,56                          | 1,87                           |
| ACE                | 24        | 144,22    | 6,01 <sup>ns</sup> | 1,06        | 1,06         | 1,69                          | 1,69                           |
| Error intrabloque  | 64        | 363,31    | 5,68               |             |              |                               |                                |
| Total              | 161       | 4543,60   | 28,22              |             |              |                               |                                |

Nota: \*=diferencias estadísticas significativas (se rechaza  $H_0: \bar{g}_1 = \dots = \bar{g}_{80}$ ).

### F Calculado bajo el Modelo Fijo (FcMI) para ACG

$$FcMI = \frac{CM_{ACG}}{CMe} = \frac{12,85}{5,68} = 2,26$$

**Regla de Decisión:** como el FcMI (2,26) es mayor que el Ft (1,56) a un  $\alpha = 0,05$  con 47/64 GL, se rechaza la  $H_{01}$  y se concluye que algún efecto de ACG del progenitor  $i$ -ésimo es diferente.

**F calculado bajo el Modelo Aleatorio (FcMII) para ACG**

$$FcMII = \frac{CM_{ACG}}{CM_{ACE}} = \frac{12,85}{6,01} = 2,14$$

**Regla de Decisión:** como el FcMI (2,26) es mayor que el Ft (1,87) a un  $\alpha = 0,05$  con 47/24 GL, se rechaza la Ho<sub>2</sub>, y se concluye que  $\sigma_{g_i}^2 \neq 0$ .

**F calculado bajo el Modelo Fijo (FcMI) para ACE**

$$FcMI = \frac{CM_{ACE}}{CMe} = \frac{6,01}{5,68} = 1,06$$

**Regla de Decisión:** como el FcMI (1,06) es menor que el Ft (1,56) a un  $\alpha = 0,05$  y con 24/64 GL, se rechaza la Ho<sub>3</sub> y se concluye que no existen diferencias estadísticas entre los efectos de ACE de cada una de las 72 cruzas de *Solanum betaceum*.

**F Calculado bajo el Modelo Aleatorio (FcMII) para ACE**

$$FcMII = \frac{CM_{ACE}}{CMe} = \frac{6,01}{5,68} = 1,06$$

**Regla de Decisión:** como el FcMI (1,06) es menor que el Ft (1,26) a un  $\alpha = 0,05$  con 24/64 GL, se acepta la Ho<sub>4</sub> y se concluye que  $\sigma_{S_{ixj}}^2 = 0$ .

En el caso de los efectos de ACE, se pudo comprobar que los efectos de ACE para cada una de las 72 cruzas estadísticamente no son significativos, por lo que no es procedente calcular y analizar la ACE para cada craza.

Si existieran efectos de ACE ( $S_{ij}$ ) significativos, estos se estiman de la siguiente manera:

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

Donde:  $\bar{Y}_{ij}$  = media de la craza entre el progenitor i-ésimo por el progenitor j-ésimo,  $\bar{Y}_{ij.}$  = media general de los 72 híbridos,  $g_i, g_j$  = efectos de la ACG de los progenitores i-ésimo y j-ésimo, respectivamente.

Ejemplo: con base en las Tablas 5.17 y 5.18, el efecto de ACE para la craza 1x24 se obtiene así:

$$S_{1 \times 24} = \bar{Y}_{1 \times 24} - \bar{Y}_{ij.} - g_1 - g_{24} = 8,20 - 8,94 - (-4,12) - (3,68) = -0,29$$

### Estimación de Componente de Varianza

#### Cuadrados Medios Esperados para ACG

$$CM_{ACG} = \sigma_e^2 + r\sigma_S^2 + \left[ \frac{rs(p-2)}{(p-1)} \right] \sigma_g^2$$

$$\sigma_g^2 = \frac{(CM_{ACG} - CM_{ACE})}{\left[ \frac{rs(p-2)}{(p-1)} \right]} = \frac{(12,85 - 6,01)}{\left[ \frac{2 \times 3 \times (48-2)}{(48-1)} \right]} = 1,17$$

#### Cuadrados Medios Esperados para ACE

$$CM_{ACE} = \sigma_e^2 + r\sigma_S^2 = 5,68 + 2 \times \sigma_S^2$$

$$\sigma_S^2 = \frac{(CM_{ACE} - CMe)}{e} = \frac{(6,01 - 5,68)}{2} = 0,17$$

#### Cuadrados Medios Esperados del Error

$$CMe = \sigma_e^2 = 5,68$$

#### Varianzas Aditivas ( $\sigma_A^2$ ) y de Dominancia ( $\sigma_D^2$ )

Como los padres no son endocriados ( $F=0$ ), se tiene que  $\sigma_A^2 = 4\sigma_g^2 = 4 \times 1,17 = 4,66$  y  $\sigma_D^2 = 4\sigma_S^2 = 4 \times 0,17 = 0,67$

#### Errores Estándar

Si se considera solo el promedio de la varianza sobre las  $p(p-1)/2$  comparaciones posibles de ACG, la varianza promedio (Kempthorne & Kurnow, 1961) es:

$$\begin{aligned} \sigma_{(g_i-g_j)}^2 &= 2 \left[ \frac{pd}{(p-1)} - \frac{1}{2s(p-1)} \right] (\sigma_S^2 + \sigma_e^2/r) \\ &= 2 \left[ \frac{48 \times 3,14}{(48-1)} - \frac{1}{2 \times 3 \times (48-1)} \right] \left( 0,17 + \frac{5,68}{2} \right) = 19,28 \end{aligned}$$

Donde: d = es el elemento de la diagonal de la matriz inversa A-1 (Anexo 5.2) es 3,14.

$$\sigma_{\sigma_{(g_i-g_j)}} = \sqrt{\sigma_{(g_i-g_j)}^2} = \sqrt{19,28} = 4,39$$

Con  $s/2$  probadores comunes, la varianza de todas las comparaciones será:

$$\sigma_{(g_i - g_j)}^2 = \frac{4}{s \left[ \sigma_{S(t)}^2 + \left( \frac{\sigma_e^2}{r} \right) \right]}$$

Si se hacen suposiciones relacionadas con que la ACG de cada parental con probadores (t) comunes es de la misma magnitud de cada parental con todas las demás parentales, y que  $\sigma_{S(t)}^2 = \sigma_S^2$ , la eficiencia (E) promedio de los cruzamientos dialélicos parciales respecto a probadores comunes en la estimación de ACG es:

$$E = \frac{4(p-1)}{(2psd-1)}$$

### Heredabilidad

La heredabilidad con base en las medias de las cruzas, sería:

$$h^2 = \frac{\sigma_g^2}{\frac{\sigma_e^2}{r} + \sigma_g^2} = \frac{1,17}{\frac{5,68}{2} + 1,17} = \mathbf{0,29}$$

La heredabilidad en sentido estricto ( $h_e^2$ ):

$$h^2 = \frac{\sigma_A^2}{\frac{\sigma_e^2}{r} + \sigma_A^2 + \sigma_D^2} = \frac{4,66}{\frac{5,68}{2} + 4,66 + 0,67} = \mathbf{0,50}$$

Si las cruzas se evalúan en diferentes ambientes (a), la heredabilidad con base en las medias de las cruzas será:

$$h^2 = \frac{\sigma_g^2}{\frac{\sigma_e^2}{ra} + \frac{\sigma_{ga}^2}{a} + \sigma_g^2}$$

### Selección

Si se seleccionan aquellos parentales que obtuvieron un  $g_i \geq \bar{g}_i + \sigma \bar{g}_i$  ( $g_i \geq 0,0 + 4,93 = \mathbf{4,93}$ ), se tienen los siguientes genotipos:

| <b>No.</b>      | <b>Padre</b> | <b>Cruza con</b> | <b>Media (<math>\bar{Y}_{is}</math>)</b> | <b><math>g_i</math></b> |
|-----------------|--------------|------------------|------------------------------------------|-------------------------|
| 1               | 26           | (1-2-3)          | 9,12                                     | <b>6,33</b>             |
| 2               | 28           | (3-4-5)          | 13,45                                    | <b>10,25</b>            |
| 3               | 29           | (4-5-6)          | 9,12                                     | <b>5,97</b>             |
| 4               | 30           | (5-6-7)          | 9,07                                     | <b>5,22</b>             |
| 5               | 31           | (6-7-8)          | 9,53                                     | <b>7,55</b>             |
| 6               | 33           | (8-9-10)         | 9,03                                     | <b>7,72</b>             |
| 7               | 34           | (9-10-11)        | 7,78                                     | <b>5,12</b>             |
| 8               | 35           | (10-11-12)       | 12,10                                    | <b>8,10</b>             |
| 9               | 36           | (11-12-13)       | 9,95                                     | <b>5,21</b>             |
| <b>Promedio</b> |              |                  | <b>9,91</b>                              | <b>6,83</b>             |

El diferencial de selección (DS) con base en los parentales es igual a:

$$DS = \bar{Y}_{is} - \bar{Y}_{i..} = 9,91 - 9,00 = \mathbf{0,91t/ha}$$

Donde:  $\bar{Y}_{is}$  = promedio del rendimiento (t/ha) de cada uno de los nueve parentales seleccionados por su alto valor de ACG. Este promedio se obtiene a través de las cruza donde participa cada uno de ellos; ejemplo: el padre 36 se cruzó con los parentales 11, 12, 13 con promedios de 10,70, 9,55 y 9,60t/ha, en su orden. El promedio de p36 es igual a  $[(10,70 + 9,55 + 9,60)/3 = 9,95t/ha]$ ,  $\bar{Y}_{i..}$  = promedio del rendimiento (t/ha) de cada uno de los 48 parentales a través de las tres cruza en las que participaron (9,00t/ha se obtiene de Tabla 5.17).

Los parentales seleccionados se destacaron por tener los valores más altos de ACG entre 5,21 y 10,25 y RTOs entre 5,21 y 10,25t/ha. La ACG y el RTO en los nueve parentales seleccionados presentaron una correlación alta, positiva y significativa de 0,82, lo cual indica que tiende a incrementar el RTO si se tienen valores altos de ACG.

Dentro de los parentales seleccionados, se destacan el 28 y el 35 dado que presentaron los RTOs y las ACGs más altas. A partir de estos, podrán originarse variedades mejoradas, que incrementarán el RTO de este cultivo en el departamento de Nariño.

El incremento genético ( $\Delta G$ ) debido a la selección de los nueve parentales es igual a:

### Método 1

$$\Delta G = kc \left( \sqrt{\sigma_F^2} \right) h^2 = 0,927 \times (1/4) \times \left( \sqrt{\left( \frac{5,68}{2} + 1,17 \right)} \right) \times 0,29 = \mathbf{0,37t/ha}$$

$$\Delta G = kc \left( \sqrt{\left( \frac{\sigma_e^2}{r} + \sigma_A^2 + \sigma_D^2 \right)} \right) h_e^2$$

$$= 0,927 \times (1/4) \times \left( \sqrt{\frac{5,68}{2} + 4,66 + 0,67} \right) \times 0,50 = \mathbf{0,33t/ha}$$

Donde:  $c = 1/4$  ( $1/2$  debido a no control de polen por  $1/2$  por la selección entre FMH) y  $k$  (Tabla 2.18) por interpolación es 0,927 dado que se seleccionaron 9 de los 48 parentales de *S. betaceum*, lo que corresponde a una presión de selección del  $18,75 \approx 19\%$ .

### Método 2

$$\Delta G = kc(DS)h^2 = 0,927 \times (1/4) \times 0,91 \times 0,29 = \mathbf{0,061t/ha}$$

$$\Delta G = kc(DS)h_e^2 = 0,927 \times (1/4) \times 0,91 \times 0,50 = \mathbf{0,11t/ha}$$

### Método 3

$$\Delta G = kc \left( \frac{\sigma_g^2}{\sqrt{\sigma_F^2}} \right) = kc \left( \frac{\sigma_g^2}{\sqrt{\frac{\sigma_e^2}{r} + \sigma_g^2}} \right) = 0,927 \times (1/4) \times \left( \frac{1,17}{\sqrt{\frac{5,68}{2} + 1,17}} \right)$$

$$= \mathbf{0,135t/ha}$$

$$\Delta G = kc \left( \frac{\sigma_A^2}{\sqrt{\sigma_F^2}} \right) = kc \left( \frac{\sigma_A^2}{\sqrt{\frac{\sigma_e^2}{r} + \sigma_A^2 + \sigma_D^2}} \right)$$

$$= 0,927 \times (1/4) \times \left( \frac{4,66}{\sqrt{\frac{5,68}{2} + 4,66 + 0,67}} \right) = \mathbf{0,39t/ha}$$

La heredabilidad realizada está dada por:

$$h_r^2 = \frac{\Delta G}{DS} = \frac{0,11}{0,91} = \mathbf{0,12} \text{ (método 2)}$$

Si el progreso genético se expresa como porcentaje de la media ( $\% \Delta G$ ), se tendrá:



$$\% \Delta G = \frac{\Delta G}{\bar{Y}_{i..}} \times 100 = \frac{0,11}{9,00} \times 100 = 1,22\%$$

La media esperada de la descendencia de los parentales de *S. betaceum* seleccionados ( $\bar{Y}_m$ ) rendirá un 1,22% más que la población original, y se puede calcular de las siguientes formas:

$$\bar{Y}_m = \bar{Y}_o + \frac{\% \Delta G \times \bar{Y}_o}{100} = 9,0 + \left( \frac{1,22 \times 9,0}{100} \right) = 9,11t/ha$$

Donde:  $\bar{Y}_o$  = media de los 48 parentales (población original)

$$\begin{aligned} \bar{Y}_m &= \bar{Y}_o + \Delta g = \bar{Y}_o + kc \left( \sqrt{\frac{\sigma_e^2}{r} + \sigma_A^2 + \sigma_D^2} \right) \times h_e^2 \\ &= 9,0 + \left( 0,927 \times (1/4) \times \left( \sqrt{\frac{5,68}{2} + 4,66 + 0,67} \right) \times 0,50 \right) = 9,33t/ha \end{aligned}$$

Entonces, el progreso teórico de la selección es  $\Delta G = 0,33t/ha = (11,59\%) \sqrt{\sigma_F^2}$ . La media teórica del 19% de los parentales con más alto valor de ACG ( $\bar{Y}_{ts}$ ) es igual a:

$$\begin{aligned} \bar{Y}_{ts} &= \bar{Y}_o + kc \left( \sqrt{\frac{\sigma_e^2}{r} + \sigma_A^2 + \sigma_D^2} \right) \\ &= 9,0 + 0,927 \times (1/4) \times \left( \sqrt{\frac{5,68}{2} + 4,66 + 0,67} \right) = 9,66t/ha \end{aligned}$$

No todo el valor del DS (0,91t/ha) es heredado por la siguiente generación. De este solo se hereda el 36,24% (0,33t/ha).

## Conclusiones

Existen diversas metodologías que ofrecen alternativas para establecer el potencial genético de una colección de trabajo para producir variedades o híbridos mejorados. En líneas doble haploides (LDH) de *Physalis peruviana* L., el método IV de Griffing (1956) permitió establecer que, a través de cuatro localidades del departamento de Nariño, solo los efectos de ACG para el rendimiento en t/ha (RTO) fueron significativos. Los efectos aditivos definieron la expresión del RTO. Los efectos de ACE no fueron significativos. Los efectos aditivos fueron más importantes que los efectos de dominancia en la expresión del RTO. Las LDH uno, seis, cinco y siete obtuvieron los valores más altos de ACG.

En el RTO de la localidad de Gualmatán se alcanzaron efectos de ACG y ACE significativos. Tanto los efectos aditivos como no aditivos (dominancia) fueron importantes en la expresión del carácter. Los LDH siete, seis y cuatro fueron los que presentaron los mayores valores de ACG. Las LDH seis y siete se destacaron por tener valores altos de ACG a través de las cuatro localidades evaluadas. Las cruzas de las LDH (5x7) y (6x8) fueron las que presentaron los valores más altos de ACE. Estas cruzas involucran a las LDH seis y siete de más alto valor de ACG.

El dialelo parcial circulante de 48 parentales de tomate de árbol (*Solanum betaceum* Cav.) evaluado en la localidad de Pasto, permitió establecer que solo los efectos de ACG fueron significativos para el RTO (t/ha). Se seleccionaron nueve parentales que se destacaron por tener los valores más altos de ACG y RTO. La ACG y el RTO en los nueve parentales seleccionados presentaron una correlación alta, positiva y significativa.

## Bibliografía del capítulo 5

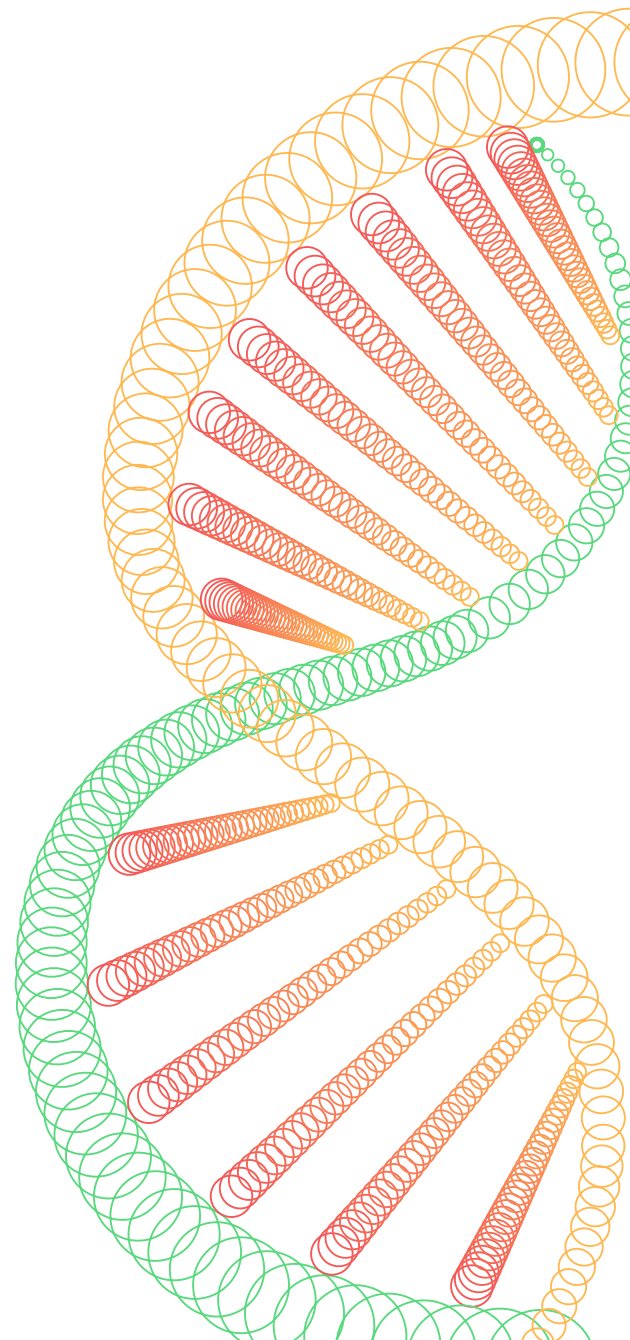
- Allison, J.C.S. & Curnow, R. N. (1966). On the choice of tester parent for the breeding of synthetic varieties of maize (*Zea mays* L.). Crop Science, 6(6), 541-544. doi:10.2135/cropsci1966.0011183x000600060012x
- Antuna Grijalva, O., Rincón Sánchez, F., Gutiérrez del Río, E., Ruiz Torres, N. A. & Bustamante García, L. (2003). Componentes genéticos de caracteres agronómicos y de calidad fisiológica de semillas en líneas de maíz. Revista Fitotecnia Mexicana, 26(1), 11 – 17.
- Araméndiz-Tatis, H., Cardona-Ayala, C. & Correa-Álvarez, E. (2014). Parámetros genéticos en berenjena (*Solanum melongena* L.). Revista UDCA Actualidad y Divulgación Científica, 17(2), 361-369.
- Ceballos, H. (1997). Principios básicos de genética cuantitativa. Universidad Nacional de Colombia, Notas de clase del Capítulo V, Diseños genéticos.
- Comstock, R.E. & Robinson, H. F. (1948). The components of genetic variance in populations of biparental progenies and their use in estimating the average degree of dominance. Biometrics, 4(4), 254–266. doi:10.2307/3001412
- De La Rosa Loerab, A., de León Castillo, H., Rincón Sánchez, F. & Martínez Zambrano, G. (2006). Efectos genéticos, heterosis y diversidad genética entre híbridos comerciales de maíz adaptados al bajío mexicano. Revista Fitotecnia Mexicana, 9(3), 247-254.
- Duarte-Alvarado, D., Lagos-Burbano, T. C., Lagos-Santander, L. K. & Benavides-Cardona, C. (2021). General and specific combining abilities in a lulo diallel cross (*Solanum quitoense* Lam.). Revista Colombiana de Ciencias Hortícolas, 15(1), e11976. doi: <https://doi.org/10.17584/rcch.2021v15i1.11976>
- Gardner, C.O. & Eberhart, S.A. (1966). Analysis and Interpretation of the Variety Cross Diallel and Related Populations. Biometrics, 22(3), 439-352. doi:10.2307/2528181
- Gardner, C.O. & Eberhart, S. A. (1967). Simplified methods for estimating constants and computing sums of squares for a diallel cross analysis. Fitotecnia Latinoamericana, 4, 1-12.
- Griffing, B. (1956). Concept of General and Specific Combining Ability in Relation to Diallel Crossing Systems. Australian Journal of Biological Sciences, 9(4), 463-493. Doi: <https://doi.org/10.1071/BI9560463>
- Guerrero-Guerrero, C., Espinoza-Banda, A., Palomo-Gil, A., Gutiérrez-del Río, E., Zermeño-González, H. & González Castillo, M. P. (2011). Aptitud combinatoria del rendimiento y sus componentes en dos grupos de líneas de maíz. Agronomía Mesoamericana, 22(2), 257-267.

- Hallauer, A.R. & Miranda Filho, J.B. (1981). Quantitative genetics in maize breeding. Iowa State University Press.
- Hallauer Arnel R., Carena Marcelo J. & Miranda Filho, J.B. (1988). Quantitative genetics in plant breeding. (2a ed.). Springer.
- Hayman, B.I. (1954a). The theory and analysis of diallel crosses. *Genetics*, 39(6), 789–809.
- Hayman, B.I. (1954b). The analysis of variance of diallel tables. *Biometrics*, 10(2), 235–244. doi:10.2307/3001877
- Hayman, B. I. 1958. The theory and analysis of diallel crosses. II. *Genetics*, 43, 63-85.
- Holland James B., Nyquist Wyman E. & Cervantes-Martínez, C. T. (2010). Estimating and interpreting heritability for plant breeding: an update. En J. Janick (Ed.). *Plant Breeding Reviews* Vol. 22 (pp. 9-112). John Wiley y Sons. doi: 10.1002/9780470650202.ch2
- Jenkins Merle T. & Brunson Arthur M. (1932). Methods of testing inbred lines of maize in crossbred combinations. *Agronomy Journal*, 24(7), 523-530. doi:10.2134/agronj1932.00021962002400070004x
- Kempthorne, O. & Curnow, R. N. (1961). The Partial Diallel Cross. *Biometrics*, 17(2), 229-250. doi:10.2307/2527989
- Knapp, S. J., Stroup, W. W. & Ross, W. M. (1985). Exact confidence intervals for heritability on a progeny mean basis. *Crop Science*, 25, 192–194.
- Knapp, S. J. (1986). Confidence intervals for heritability for two-factor mating design single environment linear models. *Theoretical and Applied Genetics*, 72(5), 587–591. doi:10.1007/bf00288995
- Lagos-Burbano, T. C. & Criollo-Escobar, H. (2019). *Herramientas estadísticas para la investigación en ciencias agrarias*. Editorial Universidad de Nariño.
- Malécot, G. (1969). *The mathematics of heredity*. W.H. Freeman and Company. <https://wellcomecollection.org/works/msfaxgkw/items?canvas=5>
- McIntosh, M.S. (1983). Analysis of combined experiments. *Agronomy Journal*, 75, 153–155.
- Makumbi, D., Alvarado, G., Crossa, J. & Burgueño, J. (2018). SASHAYDIAL: A SAS Program for Hayman's Diallel Analysis. *Crop Science*, 58(4), 1605-1615. doi:10.2135/cropsci2018.01.0047
- Mead, R. (1997). Design of plant breeding trials. En R. A. Kempton, P. N. Fox, M. Cerezo (Eds.). *Statistical methods for plant variety evaluation* (pp 40-67) Chapman y Hall.

- Miranda Filho, J. B. & Gorgulho, E. P. (2001). Cruzamentos com testadores e dialelos. En L. Nass Luciano, C. C. Valois Afonso, I. S. Melo, M. C. Valadares-Inglis. (Eds.) Recursos genéticos y mejoramiento: plantas (pp. 649-671). Fundação MT.
- Ramírez, J. L., Ron, J., Sánchez, J. & Carcía Abraham, M. J. (1998). Aptitud combinatoria general y correlaciones fenotípicas entre líneas y mestizos de maíz. *Agronomía Mesoamericana*, 9(2), 69-76.
- Rawlings, J. O., & Thompson, D. L. (1962). Performance level as criterion for the choice of maize testers. *Crop Science*, 2(3), 217-220. doi:10.2135/cropsci1962.0011183x0
- Robinson, H. F., Comstock, R. E. & Harvey, P. H. (1949). Estimates of heritability and the degree of dominance in corn. *Agronomy Journal*, 41(8), 353-359. doi:10.2134/agronj1949.00021962004100080005x
- Sánchez-Sánchez, H., González-Hernández, V. A., Cruz-Pérez, A. B., Pérez –Grajales, M., Gutiérrez-Espinosa, M. A., Gardea-Béjar, A. A. & Gómez-Lim, M. Á. (2010). Herencia de capsaicinoides en chile Manzano (*Capsicum pubescens* R. y P.). *Agrociencia*, 44(6), 655-665.
- Searle, S.R. (1971). Topics in variance components estimation. *Biometrics*, 27(1), 1-76. doi: <http://dx.doi.org/10.2307/2528928>
- Singh, R. K. & Chaudary, B. D. (1985). Biometrical methods in quantitative genetic analysis. Kalyani publishers.
- Smith, J. D. & Kinman, M. L. 1965. The use of parent-offspring regression as an estimator of heritability. *Crop Science*, 5(6), 595-596. doi:10.2135/cropsci1965.0011183x000500060035x
- Sprague, G. F. & Tatum, L. A. (1942). General vs. Specific Combining Ability in single crosses of corn. *Agronomy Journal*, 34(10), 923-932. doi:10.2134/agronj1942.00021962003400100008x
- Steel, R. G. D. & Torrie, J. H. 1985. Bioestadística: principios y procedimientos. (2a ed.). (Ricardo Martínez, Trad.). McGraw-Hill.
- Xu, S. (2003). Advanced statistical methods for estimating genetic variances in plants. En J. Janick (Ed.). *Plant Breeding Reviews* vol. 22 (pp. 113–163). John Wiley y Sons, Inc. doi: 10.1002/9780470650202.ch3
- Zhang Y. & Kang M. S. (2003). DIALLEL-SAS: a program for Griffing's diallel methods. En M. S. Kang (Ed.). *Handbook of formulas and software for plant geneticists and breeders* (pp. 1-19). Food Products Press, the Haworth Reference Press.

# **CAPÍTULO 6**

Interacción genotipo por  
ambiente, adaptabilidad y  
estabilidad



## Resumen

La función productiva de los cultivos está dada por el fenotipo (F), que depende del genotipo (G) más el ambiente (A) y la interacción genotipo por ambiente (*IGA*). Establecer el grado en que el ambiente interviene en el comportamiento de poblaciones mejoradas, es una labor continua, laboriosa y costosa en el mejoramiento genético de una especie; por lo tanto, la estabilidad es un factor que define la selección de un cultivar para una región o ambiente. Existen muchas metodologías que permiten evaluar estos fenómenos en un programa de mejora genética. El objetivo de este trabajo fue desarrollar los principios estadísticos de algunas metodologías para evaluar la *IGA* y determinar la estabilidad fenotípica de diez materiales genéticos (MG) de lulo (*Solanum quitoense* Lam.). Los MG se sembraron en cuatro localidades del departamento de Nariño. En cada localidad se utilizó el diseño de bloques completos al azar con cuatro repeticiones. Los datos del rendimiento de fruta en t/ha se sometieron al análisis de varianza combinado para probar la no significancia de la *IGA*. Como la *IGA* fue significativa, se procedió a realizar los análisis de estabilidad. Los métodos señalados en este capítulo se diferencian en la forma de establecer la estabilidad, pero todos con sus complejidades y potencialidades permitieron determinar que las familias de medios hermanos de lulo FMH1, FMH4, FMH7 y FM46 fueron estables, con alto rendimiento en y a través de las cuatro localidades donde fueron evaluados. Las metodologías coincidieron en establecer la significancia y la interacción genotipo por ambiente.

**Palabras clave:** material genético, *Solanum quitoense*, ambiente, función productiva, regresión y desviación, AMMI.

## Abstract

The productive function of the crops is given by the phenotype (F), which depends on the genotype (G) plus the environment (E) and the genotype-by-environment interaction (*GE*). Establishing the degree to which the environment intervenes in the behavior of improved populations is a continuous, laborious and expensive task in the genetic improvement of a species; therefore, stability is a defining factor in the selection of a cultivar for a region or environment. There are many methodologies that allow evaluating these phenomena in a genetic improvement program. The objective of this work was to develop the statistical principles of some



methodologies to evaluate the *GE* and determine the phenotypic stability of ten genetic materials (GM) of lulo (*Solanum quitoense* Lam.). The GM were planted in four locations in the department of Nariño. In each location, the Random Complete Blocks design was used with four repetitions. The fruit yield data in t/ha were subjected to the Combined Analysis of Variance to test the non-significance of the *GE*. As the *GE* was significant, the stability analyses were carried out. The methods indicated in this chapter differ in the way of establishing stability, but all with their complexities and potentialities allowed determining that the families of half-siblings of lulo FMH1, FMH4, FMH7 and FM46 were stable, with high performance in and across the four locations where they were evaluated. The methodologies agreed to establish the significance and genotype-by-environment interaction.

**Keywords:** genetic material, *Solanum quitoense*, environment, productive function, regression and deviation, AMMI.

## Introducción

La interacción genotipo por ambiente (*IGA*) es de mayor importancia para el desarrollo de variedades mejoradas. Cuando las variedades se comparan o prueban sobre una serie de ambientes, usualmente su orden de mérito relativo difiere entre ambientes y se presentan cambios en la magnitud de las varianzas genéticas, ambientales y fenotípicas entre ambientes (Bowman, 1972). Esto dificulta la demostración de la superioridad significativa de cualquier material genético de cultivo (Crossa *et al.*, 1990). La interacción se presenta usualmente en variedades, líneas puras, cruzas simples, cruzas dobles, topcrosses, líneas S1 o cualquier otro material con el cual se esté trabajando (Lozano-del Río *et al.*, 2009; Sánchez Aspeyti *et al.*, 2015; Lozano-Ramírez *et al.*, 2015; Tirado *et al.*, 2018).

Uno de los propósitos en los programas de mejora genética vegetal es encontrar genotipos que expresen el mejor comportamiento en la variable evaluada; sin embargo, la mayoría de los caracteres de importancia agronómica tienen variación continua, son de herencia cuantitativa y están muy influenciados por el ambiente (Chaves, 2001). Por lo tanto, la *IGA* hace que los genotipos respondan de manera diferente a la variación de los ambientes (Rueda & Cotes, 2009). Una de las estrategias para reducir la *IGA* es la estratificación de los ambientes. La estratificación ambiental



consiste en agrupar los ambientes ecológicamente similares en subregiones dentro de las cuales la *IGA* es no significativa. Esta agrupación viene dada por las diferencias macro-ambientales, donde las variaciones impredecibles (precipitación, temperaturas, humedad relativa, entre otras) no se toman en cuenta; por lo tanto, la estratificación consigue minimizar la varianza de la *IGA* de la correlación genética de la parte compleja (Acevedo *et al.*, 2020). Pero, aún bajo condiciones de estratificación, la *IGA* es de gran magnitud. Otra estrategia para entender la *IGA* es evaluar los materiales genéticos en un amplio número de localidades y años y seleccionar aquellos que se adaptan mejor al rango ambiental deseado (Kang, 2002; Ochoa-Cadavid *et al.*, 2019).

Debido a los pequeños progresos que se han alcanzado en la reducción de la *IGA* con la estratificación de ambientes se han investigado otros métodos, como la selección de genotipos estables que interactúen en un menor grado con los ambientes en donde crecen. La estabilidad del comportamiento o la aptitud para mostrar una interacción mínima con el ambiente es una característica genética de genotipos estables. El fitomejorador puede escoger los genotipos más estables, los cuales pueden seleccionarse por su alto rendimiento (Kang *et al.*, 2002).

Cuando se estudia *IGA*, se pueden encontrar muchas relaciones entre el genotipo y el ambiente; por ejemplo, a un genotipo le puede ir mejor que otro en cada ambiente, o es superior en un ambiente e inferior en otro, o puede suceder que el ambiente afecte a los dos genotipos en direcciones opuestas. Así, se pueden encontrar muchas posibilidades de *IGA* (Allard & Bradshaw, 1964), las cuales se pueden resumir en tres clases, descritas en la Figura 6.1.

En la Figura 6.1A, se observa que la *IGA* no existe o no es estadísticamente significativa. La Figura 6.1B muestra una *IGA* estadísticamente significativa, pero que no resulta en cambios de orden de mérito de los genotipos de un ambiente a otro. En este tipo de interacción, los efectos son de escala, cuantitativos o no cruzados (*non-crossover en inglés*). En la Figura 6.1C, la interacción  $G \times A$  es tan significativa que resulta en cambios de orden de mérito de los genotipos en los distintos ambientes. Este tipo de interacción se llama cualitativa o cruzada (*crossover en inglés*). En el mejoramiento de cultivos, la *IGA* cruzada es más importante que la *IGA* no cruzada (Baker, 1990; Crossa *et al.*, 2004). La *IGA* introduce inconsistencias en la calificación relativa de genotipos en

todos los ambientes y juega un papel clave en la formulación estrategias para el mejoramiento de cultivos. Dado que la IGA cruzada tiene un fuerte efecto para la adaptación específica, es importante evaluar la frecuencia de este tipo de interacción (Singh *et al.*, 1999).

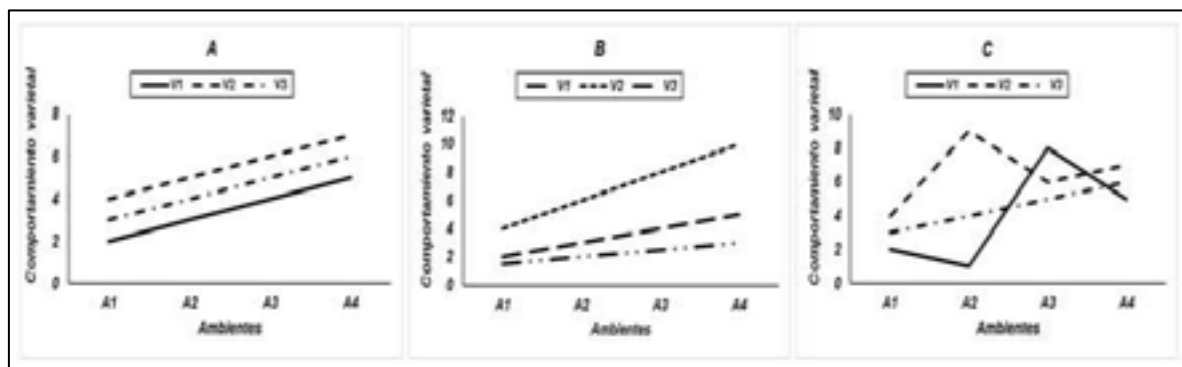


**Figura 6.1.** Clases de IGA. (A) IGA No Significativa, (B) IGA de Escala o Cuantitativa, (C) IGA Cruzada o Cualitativa.

Las interacciones no cruzadas, o cuantitativas, son menos importantes para el fitomejorador que las cualitativas, debido a que estas últimas complican mucho más el trabajo de seleccionar e identificar genotipos superiores y pueden obligar a liberar dos o más variedades o híbridos adaptados específicamente a los diferentes ambientes (Ceballos, 1997; Romagosa & Fox, 1993). En los casos A y B, el fitomejorador no tiene complicaciones, pues la variedad dos (V2) fue mejor en todos los ambientes. Ahora bien, teniendo en cuenta los ambientes, en el ambiente uno (A1), la variedad que superó a las demás fue la dos (V2).

La principal preocupación del fitomejorador, un criador, es desarrollar genotipos estables que den el máximo rendimiento económico por unidad área y un rendimiento constante en todos los ambientes (Singh *et al.*, 2014). La estabilidad de una variable como el rendimiento es una característica importante de considerar al momento de juzgar el valor de un sistema de cultivo en relación con los demás. En el contexto de la investigación agrícola, el análisis de la estabilidad del rendimiento se ha limitado en gran medida a ensayos de cultivos en múltiples ambientes multientorno de cultivos, aunque los métodos para comparar la estabilidad de los cultivos también se pueden utilizar para comparar diferentes tratamientos agronómicos en general, de los cuales los cultivos no son más que un caso especial (Piepho, 1998).

Los términos estabilidad y adaptabilidad han sido usados como sinónimos o bien asociados a dos conceptos diferentes. El término estabilidad, para describir un comportamiento uniforme y predecible a través del tiempo (años) o prácticas agronómicas de un determinado genotipo en una determinada localidad. La adaptabilidad se refiere a un comportamiento uniforme y predecible de un determinado genotipo a través de distintas localidades. Otros investigadores utilizan los términos de estabilidad y adaptabilidad como sinónimos. Existe también diferencias respecto al uso de conceptos como sitio, localidad, experimento y ambiente. En general, sitio y localidad se refieren a la ubicación geográfica de un determinado experimento. Ambiente es considerado por algunos como sinónimo de localidad, y por otros, como equivalente a experimento (Ceballos, 1997).

Romagosa & Fox (1993) consideran el sitio y la localidad como sinónimos. Ambos indican variación espacial y ubicación geográfica de un determinado experimento. Ambiente es un término general que define las condiciones bajo las cuales crece la planta y puede involucrar sitios, años, prácticas de manejo de cultivo o la combinación de estos factores. Comúnmente, cada sitio dentro de un año es considerado un ambiente único (separado de otros). En este caso, se utilizarán los términos adaptabilidad y estabilidad como sinónimos y ambiente para referirse a cualquier experimento ejecutado bajo ciertas condiciones de campo o invernadero y en cualquier localidad durante cualquier semestre o año agrícola. El experimento se define como un proceso aleatorio que se realiza de acuerdo a un conjunto bien definido de reglas, susceptibles de repetirse bajo las mismas condiciones, cuyos resultados particulares dependen de la casualidad, y por lo tanto, no se pueden predecir. El ensayo es una sola ejecución de un experimento aleatorio (Baena y Ceballos, 1994).

En el caso particular de estabilidad, el ensayo o experimento indica un grupo de genotipos que crecen en uno o más ambientes y como un fenómeno biológico; los resultados son impredecibles debido a la complejidad de las causas que lo originan. Bajo estos conceptos, Finlay & Wilkinson (1963) establecen que la variedad ideal es aquella que, teniendo una adaptabilidad general, presenta un potencial de máximo rendimiento en el ambiente más favorable, y máxima estabilidad fenotípica. Eberhart & Russell (1996) indican que la estabilidad es la aptitud de un genotipo para mostrar una interacción mínima con el ambiente.

Becker (1981) planteó dos conceptos básicos de estabilidad fenotípica: (i) un genotipo estable debe tener un mínimo de varianza bajo diferentes condiciones ambientales ("concepto biológico"), o (ii) un genotipo estable debe mostrar interacciones mínimas con el ambiente medidas por la ecovalencia ("concepto agronómico") (Figura 6.2). La estabilidad biológica se presenta cuando un genotipo mantiene un rendimiento constante a través de los ambientes (Figura 2, variedad V2). Estadísticamente, la estabilidad se evalúa por la variación del genotipo a través de los diferentes ambientes. Sin embargo, la estabilidad homeostática es indeseable en la agricultura moderna, debido a que los genotipos deben responder a condiciones mejoradas y adaptarse a condiciones de variabilidad climática.

La necesidad de seleccionar un genotipo que responda a ambientes favorables lleva al concepto de estabilidad agronómica, donde un genotipo es considerado estable si presenta un buen comportamiento relativo acorde con el potencial productivo de los ambientes donde se prueba (Figura 6.2, variedad V1). Si se demuestra la estabilidad agronómica para una amplia gama de ambientes, entonces un genotipo presenta una adaptabilidad amplia o general. Al contrario, si la estabilidad agronómica se manifiesta sobre un rango limitado de ambientes, un genotipo tiene una adaptabilidad específica o estrecha. Entonces, la estabilidad agronómica es una medida de la capacidad de un determinado genotipo para responder positivamente a condiciones favorables como un buen manejo agronómico, riego y fertilidad adecuada, temperatura óptima, ausencia de malezas, plagas, enfermedades y de igual manera, responder adecuadamente ante un estrés abiótico (Ceballos, 1997).

Hay varios métodos para medir la estabilidad fenotípica con el fin de modelar la IGA (Lin et al., 1986; Huehn, 1990a, b; Aduana & Labuschagne, 2003; Ferreira et al., 2006; Liu et al., 2011). Estos incluyen:

- Métodos paramétricos univariados que incluyen regresión lineal simple y bisegmentada, componentes de varianza con modelos mixtos, estadística descriptiva y modelos no lineales de regresión.
- Métodos no paramétricos, incluida la varianza de valores de rango de los genotipos.
- Métodos multivariados que incluyen AMMI (interacción de efectos aditivos principales e interacciones multiplicativas).

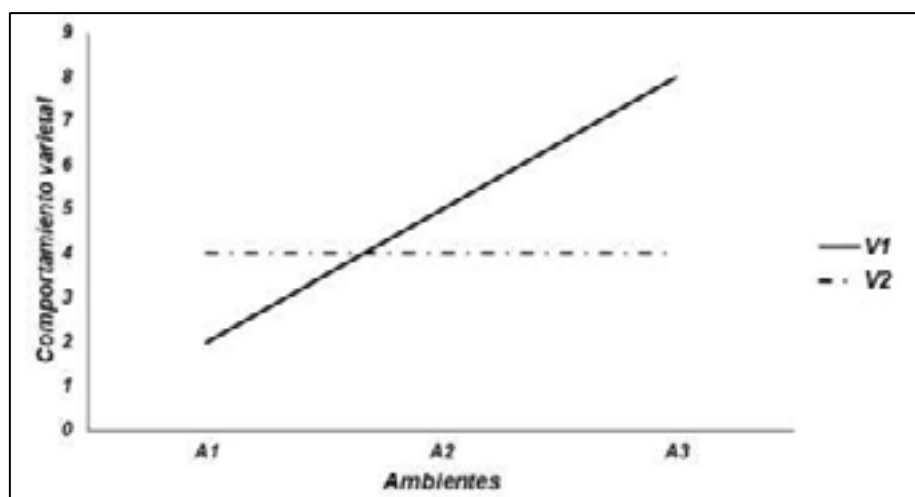


**Figura 6.2.** Estabilidad Biológica u Homeostática (V2) y Agronómica (V1) (Becker, 1981).

Dentro de los modelos de estabilidad paramétrica están las siguientes metodologías del coeficiente de variabilidad de Francis & Kannenberg (1978), la ecovalencia de Wricke (Cruz *et al.*, 2012; Dia *et al.*, 2017), las varianzas estables de Shukla (1972), el coeficiente de regresión de Finlay & Wilkinson (1963), la desviación y coeficiente de la regresión de Eberhart & Russell (1966). Las medidas paramétricas de estabilidad fenotípica son principalmente componentes de varianza o estadísticas relacionadas. Estas estimaciones de estabilidad tienen buenas propiedades bajo ciertos supuestos estadísticos, como la distribución normal de errores y efectos de interacción.

Las modelos de estabilidad fenotípica no paramétricas agrupan a los materiales genéticos con base en la similitud de su respuesta a una variedad de ambientes (Lin *et al.*, 1986). Los enfoques no paramétricos se basan en rangos de genotipos y proporcionan una alternativa importante a las medidas paramétricas. Dentro de estas medidas de estabilidad se destacan las metodologías de diferencias, varianza y desviación media absoluta de rangos propuestas por Huehn (1990a), el índice de confianza de Annicchiarico (1992), la distancia entre la media de un cultivar y la respuesta máxima obtenida en un ambiente de Lin & Binns (1988), y la metodología de Carneiro & Toler descritas en Cruz *et al.* (2014).

El objetivo de este capítulo es describir el análisis estadístico de diferentes modelos de estabilidad con base en el rendimiento (RTO) de nueve genotipos elite de lulo *Solanum quitoense* Lam. más un testigo

comercial, evaluados bajo condiciones de la región natural Andina del departamento de Nariño.

## **Materiales y métodos**

Las localidades empleadas en la prueba evaluación agronómica corresponden a los municipios de Arboleda, San Pedro de Cartago, Tangua y La Unión, departamento de Nariño, sur de Colombia, las cuales se describen a continuación:

### *Arboleda*

El municipio de Arboleda se encuentra situado en la subregión montañosa del norte del departamento de Nariño a 2.100 msnm, con una temperatura media de 19°C. El lote experimental se ubicó en la vereda Berruecos, con coordenadas 01°30'45,0"LN y 77°08'42,0"LO y una altura de 2.219 msnm.

### *San Pedro de Cartago*

Se encuentra ubicado al noroccidente del departamento de Nariño a una altitud de 2.100 msnm y temperatura media de 18°C. El lote experimental se ubicó en la vereda El Arenal, coordenadas 01°32'24,8"LN y 77°08'07,7"LO y una altura de 2.396 msnm.

### *Tangua*

El municipio de Tangua se encuentra a 28 km al suroccidente de la capital del departamento de Nariño, cuenta con un área de 239 km<sup>2</sup>. Ubicado sobre las montañas de los Andes, a una altitud de 2.403 msnm con una temperatura media de 16°C. El lote experimental se ubicó en la vereda El Obraje, con coordenadas 01°3'44,74"LN y 77°25'12,26"LO, a una altura de 2.420 msnm.

### *La Unión*

Municipio localizado al nororiente del departamento de Nariño, a una temperatura promedio de 19°C y una altitud de 1.650 msnm. El lote experimental se ubicó en la vereda Betulia; coordenadas 01°29'3,7"LN y 77°13'47,3"LO, a una altura de 1.405 msnm.

## Material Genético

Las principales características de los materiales genéticos evaluados se observan en la Tabla 6.1. Estos provienen de dos etapas de selección a partir de 50 familias de medios hermanos (FMH), evaluadas en regiones del departamento de Nariño localizadas entre los 1.700 y 2.100 msnm.

## Diseño Experimental

En cada localidad se estableció un ensayo bajo el diseño de bloques completos al azar con los 10 materiales genéticos de la Tabla 6.1 como tratamientos, y con cuatro repeticiones. La parcela experimental estuvo conformada por un surco de seis plantas sembradas a distancias de siembra de 2,5m x 3m.

**Tabla 6.1**

*Rendimiento (Rto), Eje Polar del Fruto (EP), Eje Ecuatorial del Fruto (EE), Peso de Fruto (PF), Sólidos Solubles Totales (SST), Pérdida por Neoleucinodes elegantalis (PNEO) de Diez Materiales Genéticos (MG) de Lulo (Solanum quitoense Lam.).*

| MG            | CODIGO | Rto<br>(t.ha <sup>-1</sup> ) | EP<br>(mm) | EE<br>(mm) | PF (g) | SST<br>(Brix°) | PNEO<br>% |
|---------------|--------|------------------------------|------------|------------|--------|----------------|-----------|
| UDENARY1113   | FMH1   | 10,21                        | 46,6       | 50,8       | 77,61  | 9,84           | 12,98     |
| UDENARY1442   | FMH4   | 5,87                         | 43,4       | 48,2       | 63,4   | 10,22          | 19,13     |
| UDENARY2221   | FMH7   | 6,54                         | 52,1       | 58,5       | 72,19  | 10,04          | 18,17     |
| UDENARY8111   | FMH22  | 5,69                         | 45,0       | 49,0       | 68,99  | 10,72          | 24,98     |
| UDENARY8523   | FMH25  | 7,04                         | 46,9       | 51,0       | 78,87  | 9,83           | 24,04     |
| UDENARY10122  | FMH28  | 7,01                         | 46,6       | 50,9       | 75,56  | 10,48          | 21,58     |
| UDENARY(1)517 | FMH36  | 6,14                         | 45,1       | 50,1       | 74,56  | 10,58          | 21,52     |
| UDENARY(2)31  | FMH46  | 6,07                         | 53,4       | 58,5       | 66,53  | 9,41           | 21,58     |
| UDENARY(2)22  | FMH45  | 5,08                         | 44,7       | 48,8       | 68,32  | 10,25          | 24,89     |
| Testigo       |        | 13,60                        | 29-72      | 32-78      | 73,00  | 7,30           | 70,00     |

## Área Experimental

El área experimental fue de 2.160m<sup>2</sup>. El tamaño de la unidad experimental fue de 45m<sup>2</sup>. La parcela útil correspondió a un surco de la unidad experimental descartando sus plantas extremas, de tal manera que el área de la parcela útil fue de 30m<sup>2</sup>. Al considerar que en la siembra de surcos contiguos no hay efecto de borde, salvo en el primer y último surco de cada bloque, los bloques fueron bordeados con la siembra de un surco adicional con una variedad comercial.



### Análisis de la información

Los datos obtenidos de la evaluación del rendimiento (RTO) de fruta en t/ha (Tabla 6.2) obtenido en la parcela útil se sometieron al análisis de varianza combinado (ANDEVA) para probar la hipótesis nula de no significancia de la *IGA*. Como la *IGA* fue significativa se procedió a realizar los análisis de estabilidad bajo los modelos propuestos por Finlay & Wilkinson (1963), Eberhart & Russell (1966) (ER1966), Perkins & Jinks (1968), Huenh (1990 a y b), Annicchiarico (1992) y el método de efectos aditivos principales e interacciones multiplicativas AMMI (Mandel, 1971; Gauch, 1988; Gauch & Zobel, 1996, 1997).

**Tabla 6.2**

*Rendimiento (RTO) en t/ha de Lulo (Solanum quitonense Lam.) Obtenido en Cuatro Localidades (Ambientes) del Departamento de Nariño Bajo el Diseño de Bloques Completos al Azar con Cuatro Repeticiones.*

| <i>MG</i>    | <i>Loc</i> | <i>RI</i>     | <i>RII</i>    | <i>RIII</i>   | <i>RIV</i>   | <i>Total</i>  |
|--------------|------------|---------------|---------------|---------------|--------------|---------------|
| FMH1         | Arboleda   | 9,58          | 10,33         | 9,66          | 10,71        | 40,28         |
| FMH4         | Arboleda   | 11,17         | 12,56         | 10,67         | 10,9         | 45,3          |
| FMH7         | Arboleda   | 10,49         | 11,7          | 10,93         | 10,59        | 43,71         |
| FMH22        | Arboleda   | 11,15         | 11,5          | 10,4          | 10,72        | 43,77         |
| FMH25        | Arboleda   | 13,74         | 13,24         | 14,03         | 10,76        | 51,77         |
| FMH28        | Arboleda   | 13,91         | 12,83         | 11,14         | 11,03        | 48,91         |
| FMH36        | Arboleda   | 10,87         | 13,17         | 12,72         | 12,11        | 48,87         |
| FMH45        | Arboleda   | 8,68          | 9,52          | 8,06          | 6,82         | 33,08         |
| FMH46        | Arboleda   | 12,61         | 13,06         | 13,03         | 11,84        | 50,54         |
| T            | Arboleda   | 10,47         | 10,35         | 9,12          | 7,22         | 37,16         |
| <b>Total</b> |            | <b>112,67</b> | <b>118,26</b> | <b>109,76</b> | <b>102,7</b> | <b>443,39</b> |
| FMH1         | Cartago    | 10,12         | 10,84         | 9,94          | 8,63         | 39,53         |
| FMH4         | Cartago    | 9,43          | 9,97          | 10,15         | 8,8          | 38,35         |
| FMH7         | Cartago    | 9,82          | 8,87          | 8,68          | 8,98         | 36,35         |
| FMH22        | Cartago    | 9,27          | 9,33          | 8,51          | 9,32         | 36,43         |
| FMH25        | Cartago    | 9,88          | 8,04          | 9,74          | 8,57         | 36,23         |
| FMH28        | Cartago    | 6,06          | 9,56          | 10            | 7,67         | 33,29         |
| FMH36        | Cartago    | 7,55          | 8,86          | 6,63          | 7,35         | 30,39         |
| FMH45        | Cartago    | 7,16          | 6,94          | 6,38          | 6,39         | 26,87         |
| FMH46        | Cartago    | 9,21          | 8,7           | 6,63          | 6,83         | 31,37         |
| T            | Cartago    | 8,55          | 6,72          | 8,28          | 7,66         | 31,21         |
| <b>Total</b> |            | <b>87,05</b>  | <b>87,83</b>  | <b>84,94</b>  | <b>80,2</b>  | <b>340,02</b> |
| FMH1         | Tangua     | 12,05         | 9,51          | 14,6          | 10,19        | 46,35         |
| FMH4         | Tangua     | 12,56         | 9,17          | 14,69         | 11,99        | 48,41         |
| FMH7         | Tangua     | 16,06         | 10,2          | 11,04         | 12,68        | 49,98         |
| FMH22        | Tangua     | 7,3           | 9,38          | 6,67          | 6,23         | 29,58         |



|                   |          |               |               |               |               |                |
|-------------------|----------|---------------|---------------|---------------|---------------|----------------|
| FMH25             | Tangua   | 9,94          | 8             | 9,47          | 8,86          | 36,27          |
| FMH28             | Tangua   | 11,25         | 9,58          | 9,12          | 9,16          | 39,11          |
| FMH36             | Tangua   | 12,51         | 9,92          | 9,3           | 10,51         | 42,24          |
| FMH45             | Tangua   | 11,34         | 11,21         | 11,59         | 7,76          | 41,9           |
| FMH46             | Tangua   | 13,14         | 11,68         | 10,1          | 13,86         | 48,78          |
| T                 | Tangua   | 13,09         | 10,31         | 10,78         | 13,84         | 48,02          |
| <b>Total</b>      |          | <b>119,24</b> | <b>98,96</b>  | <b>107,36</b> | <b>105,08</b> | <b>430,64</b>  |
| FMH1              | La Unión | 4,08          | 4,41          | 3,4           | 5,13          | 17,02          |
| FMH4              | La Unión | 7,9           | 7,17          | 4,55          | 4,93          | 24,55          |
| FMH7              | La Unión | 7,51          | 3,77          | 5,46          | 4,01          | 20,75          |
| FMH22             | La Unión | 4,75          | 7,66          | 4,03          | 3,69          | 20,13          |
| FMH25             | La Unión | 7,00          | 7,53          | 4,60          | 5,06          | 24,19          |
| FMH28             | La Unión | 5,05          | 4,06          | 4,50          | 6,02          | 19,63          |
| FMH36             | La Unión | 3,41          | 4,24          | 4,75          | 4,06          | 16,46          |
| FMH45             | La Unión | 4,65          | 3,87          | 2,64          | 3,64          | 14,80          |
| FMH46             | La Unión | 5,21          | 6,95          | 3,46          | 4,18          | 19,80          |
| T                 | La Unión | 5,37          | 3,4           | 4,01          | 3,58          | 16,36          |
| <b>Total</b>      |          | <b>54,93</b>  | <b>53,06</b>  | <b>41,4</b>   | <b>44,3</b>   | <b>193,69</b>  |
| <b>Gran Total</b> |          | <b>373,89</b> | <b>358,11</b> | <b>343,46</b> | <b>332,28</b> | <b>1407,74</b> |

Nota. MG = material genético, Loc = localidad, R = repetición, T = testigo.

## Resultados y discusión

### Interacción genotipo por ambiente

Los componentes de la función productiva (Medina *et al.*, 2009) de los cultivos está dado por el Fenotipo (F), el cual depende del genotipo (G) más el ambiente (A) y la interacción genotipo por ambiente (GA). En la Tabla 6.3, se muestran los valores fenotípicos de la media del rendimiento (RTO) de *Solanum quitoense* obtenidos de la Tabla 6.2. Cuando se disponen de valores fenotípicos observados en varios ambientes es necesario recurrir a modelos estadísticos apropiados para estimar la IGA, debido a que, por un lado, la evaluación experimental incluye variaciones en el valor observado de naturaleza no controlada que imposibilitan una comparación aritmética de los datos y, por otro lado, porque el número de desigualdades a ser observadas torna impracticable el análisis de datos (Chaves, 2001).

El diseño experimental como el de bloques completos al azar bajo el cual fueron distribuidos los MG de lulo en cada una de las localidades permite estimar la variación residual en cada ambiente, la función productiva, cuyo modelo es:  $F = G + A + GA$ . Para el análisis de los datos de las Tablas 6.2 y 6.3 puede ser expresada como:

$$Y_{ijk} = \mu + A_j + b_k(A_j) + G_i + (G \times A)_{ij} + e_{ijk} \quad (1)$$

Donde:  $Y_{ij}$  = media de la variable de respuesta  $Y$  evaluada en la variedad  $i$ -ésima y ambiente  $j$ -ésimo con  $i = 1, 2, \dots, n$  variedades y  $j = 1, 2, \dots, l$  ambientes,  $\mu$  = media general del experimento combinado,  $A_j$  = efecto del ambiente  $j$ -ésimo,  $b_k(A_j)$  = efecto del bloque (repetición)  $k$ -ésimo dentro del ambiente  $j$ -ésimo con  $k=1, 2, \dots, r$ ,  $G_i$  = efecto del material genético  $i$ -ésimo,  $(G \times A)_{ij}$  = efecto de la interacción del material genético  $i$ -ésimo por ambiente  $j$ -ésimo y  $e_{ijk}$  = efecto del error experimental.

**Tabla 6.3.**

Valores Fenotipos de la Media del Rendimiento de Diez Materiales Genéticos (MG) de Lulo (*Solanum quitoense* Lam.), Evaluados en Cuatro Ambientes de la Región Natural Andina del Departamento de Nariño.

| MG                 | Localidades |         |        |          | Media               | $\hat{g}_i$         | $\Sigma \bar{Y}_i$ |
|--------------------|-------------|---------|--------|----------|---------------------|---------------------|--------------------|
|                    | Arboleda    | Cartago | Tangua | La Unión |                     |                     |                    |
| FMH1               | 10,07       | 9,88    | 11,59  | 4,26     | 8,95                | 0,15                | 35,80              |
| FMH4               | 11,33       | 9,59    | 12,10  | 6,14     | 9,79                | 0,99                | 39,15              |
| FMH7               | 10,93       | 9,09    | 12,50  | 5,19     | 9,42                | 0,63                | 37,70              |
| FMH22              | 10,94       | 9,11    | 7,40   | 5,03     | 8,12                | -0,68               | 32,48              |
| FMH25              | 12,94       | 9,06    | 9,07   | 6,05     | 9,28                | 0,48                | 37,12              |
| FMH28              | 12,23       | 8,32    | 9,78   | 4,91     | 8,81                | 0,01                | 35,24              |
| FMH36              | 12,22       | 7,60    | 10,56  | 4,12     | 8,62                | -0,18               | 34,49              |
| FMH45              | 8,27        | 6,72    | 10,48  | 3,70     | 7,29                | -1,51               | 29,16              |
| FMH46              | 12,64       | 7,84    | 12,20  | 4,95     | 9,41                | 0,61                | 37,62              |
| T                  | 9,29        | 7,80    | 12,01  | 4,09     | 8,30                | -0,50               | 33,19              |
| Media              | 11,08       | 8,50    | 10,77  | 4,84     | 8,80                | $\Sigma g_i = 0,00$ | 351,94             |
| $\hat{a}_j (I_j)$  | 2,286       | -0,30   | 1,97   | -3,96    | $\Sigma a_j = 0,00$ |                     |                    |
| $\Sigma \bar{Y}_j$ | 110,85      | 85,01   | 107,66 | 48,42    |                     |                     | 351,94             |

Este modelo (1) puede resumirse en el modelo mixto (2), en el cual los genotipos se asumen de efecto fijo y los ambientes de efecto aleatorio:

$$\bar{Y}_{ij} = \mu + g_i + a_j + (g \times a)_{ij} + e_{ij} \quad (2)$$

Donde:  $\bar{Y}_{ij}$  = media de la variable de respuesta  $Y$  evaluada en el material genético  $i$ -ésimo y ambiente  $j$ -ésimo con  $i=1, 2, \dots, n$  y  $j=1, 2, \dots, l$ ,  $\mu$  = media general del experimento combinado,  $g_i$  = efecto del material

genético  $i$ -ésimo,  $\alpha_j$  = efecto del ambiente  $j$ -ésimo, y  $e_{ijk}$  = efecto del error experimental asociado a la media  $Y_{ij}$ .

Con base en el modelo (2), la *IGA* es definida como el desvío del modelo que considera una expresión fenotípica como el resultado de la acción aditiva de los efectos genotípico y ambiental sobre la media general. Los componentes del ANDEVA de este modelo son fáciles de calcular, teniendo en cuenta las siguientes restricciones:

$$\sum_{i=1}^n g_i = 0 \text{ con } i = 1, 2, \dots, 10 \text{ } n \text{ genotipos}$$

$$\sum_{j=1}^p \alpha_j = 0 \text{ con } j = 1, 2, \dots, 10 \text{ } p \text{ ambientes}$$

$$\sum_{i=1}^p (ga)_{ij} = 0 \text{ para cada } j$$

Los efectos se obtienen así:

$$\hat{g}_i = \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{..}; \quad \hat{\alpha}_j = \bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..}; \quad (\hat{ga})_{ij} = \bar{Y}_{ij} - \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{.j} + \bar{Y}_{..}$$

Las hipótesis a probarse para los datos de la Tabla 6.3 a través del modelo (2), son:

$$H_{01}: \bar{Y}_{1.} = \bar{Y}_{2.} = \dots = \bar{Y}_{10.}$$

$H_{02}$ : *IGA no es significativa*

Los grados de libertad (GL), las sumas de cuadrado (SC) y cuadrados medios (CM) de los efectos principales e interacción para probar las hipótesis a través del ANDEVA (Tabla 6.4), corresponden a:

**GL total (GLT)**

$$GLT = nl - 1 = 10 \times 4 - 1 = 39$$

**GL de genotipos (GLg)**

$$GLg = n - 1 = 10 - 1 = 9$$

**GL de ambientes (GLa)**

$$GLa = l - 1 = 4 - 1 = 3$$

**GL de la interacción genotipo por ambiente (GL(ga))**

$$GL(ga) = (n - 1)(l - 1) = 9 \times 3 = 27$$

**SC total (SCT)**

$$\begin{aligned} SCT &= \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^l Y_{ij}^2 - nl\bar{Y}_{..}^2 = \sum_{i=1}^{10} \sum_{j=1}^4 Y_{ij}^2 - 10 \times 4 \times \bar{Y}_{..}^2 \\ &= [(10,07)^2 + (9,88)^2 + \dots + (4,09)^2] - [10 \times 4 \times (8,80)^2] = 308,59 \end{aligned}$$

**SC genotipos (SCg)**

$$\begin{aligned} SCg &= l \sum_{i=1}^n \bar{Y}_i^2 - nl\bar{Y}_{..}^2 = \left( 4 \sum_{i=1}^{10} \bar{Y}_i^2 \right) - [10 \times 4 \times \bar{Y}_{..}^2] \\ &= (4 \times [(8,95)^2 + (9,79)^2 + \dots + (8,30)^2]) - [10 \times 4 \times (8,80)^2] \\ &= 20,042 \end{aligned}$$

**SC ambientes (SCa)**

$$\begin{aligned} SCa &= n \sum_{j=1}^l \bar{Y}_j^2 - nl\bar{Y}_{..}^2 \\ &= \left( 10 \sum_{j=1}^4 \bar{Y}_j^2 \right) - [10 \times 4 \times (8,80)^2] \\ &= (10 \times [(11,08)^2 + (8,50)^2 + (10,77)^2 + (4,84)^2]) \\ &\quad - [10 \times 4 \times (8,80)^2] = 248,39 \end{aligned}$$

**SC interacción genotipo por ambiente (SC(ga))**

$$SC(ga) = SCT - SCg - SCa = 308,50 - 20,042 - 248,39 = 40,17$$

**CM genotipos (CMg)**

$$CMg = \frac{SCg}{GLg} = \frac{20,042}{9} = 2,23$$

**CM ambientes (CMa)**

$$CMa = \frac{SCa}{GLa} = \frac{248,39}{3} = 82,80$$

### CM interacción genotipo por ambiente (CM(ga))

$$CM(ga) = \frac{SC(ga)}{GL(ga)} = \frac{40,17}{27} = 1,49$$

Con estos cálculos se estructura el ANDEVA (Tabla 6.4). El cuadrado medio del error se calcula a través de la media de los cuadrados medios de cada experimento en cada una de las localidades, los GL del error (GLE) corresponden al producto de los CMe de cada localidad por las cuatro localidades, así:

### GLE de cada localidad en el experimento balanceado (con datos completos)

$$\begin{aligned} GLe_j &= GLT - GLg - GLa = (n \times r - 1) - (n - 1) - (l - 1) \\ &= (10 \times 4 - 1) - (10 - 1) - (4 - 1) = 39 - 9 - 3 = 27 \end{aligned}$$

Donde: r = bloques o repeticiones.

### GLE a través de las cuatro localidades

$$Gle = GLe_j \times l = 27 \times 4 = 108$$

Cuando los datos son desbalanceados cada cuadrado medio del error (CMe) debe ser ponderado por los GLs respectivos, lo que equivale a hacer la sumatoria de las SC, dividida por los GLT.

El CMe del ANDEVA del modelo (2) corresponde a:

$$\begin{aligned} CMe &= \frac{\frac{\sum \left( \bar{Y}_j \times \frac{CV_j}{100} \right)^2}{l}}{r} \\ &= \frac{\frac{\left( 11,08 \times \frac{7,60}{100} \right)^2 + \left( 8,50 \times \frac{11,05}{100} \right)^2 + \left( 10,77 \times \frac{15,32}{100} \right)^2 + \left( 4,84 \times \frac{23,81}{100} \right)^2}{4}}{4} \\ &= 0,35 \end{aligned}$$

Donde:  $CV_j$  = coeficiente de variación (%) calculado en cada una de las localidades  $CV = [(S_j / \bar{Y}_j) \times 100]$  tomados de los ANDEVA individuales realizados con los datos de la Tabla 6.2,  $S_j$  = desviación estándar de los CMe<sub>j</sub> en el ambiente j-ésimo  $\left( S_j = \sqrt{S_j^2} = \sqrt{CMe_j} \right)$ .

Para que el CMe del ANDEVA combinado tenga una estimación no sesgada de la varianza residual media, se exige homogeneidad de las varianzas o los  $CMe_j$ . Una de las pruebas que pueden ser útiles para probar la hipótesis nula ( $H_0$ ) de que todas las varianzas de un conjunto  $k$  son iguales, frente a la hipótesis alternativa de que al menos una sea diferente, es la prueba de Bartlett (Steel & Torrie, 1985). En este caso,  $k$  corresponde a los cuatro ambientes, que tienen un tamaño de  $n = 10$  materiales genéticos. El estadístico de chi cuadrado ( $X_c^2$ ) de Bartlett para probar la  $H_0$  de igualdad de varianzas residuales ( $CMe_j$ ), está dado por:

$$X_c^2 = \frac{(N - k) \ln(S_p^2) - \sum_{i=1}^k (n_j - 1) \ln(S_j^2)}{1 + \frac{1}{3(k-1)} \times \left( \left( \sum \frac{1}{(n_j - 1)} \right) - \frac{1}{(N - k)} \right)}$$

Donde:  $\ln$  = logaritmo natural,  $N = \sum_{j=1}^k n_j$ ,  $S_p^2 = \frac{\sum_{j=1}^k (n_j - 1) S_j^2}{(N - k)}$  = estimación de la varianza ponderada o combinada,  $n_j$  = número de genotipos evaluados en el ambiente  $j$ -ésimo (=10),  $k$  = número de grupos (ambientes = 4),  $S_j^2$  = cuadrado medio del error en cada uno de los ambientes ( $CMe_j$ ), tomados de los ANDEVA individuales por localidad, de los datos originales de la Tabla 6.2.

Entonces:

$$H_0: S_1^2 = S_2^2 = S_3^2 = S_4^2$$

$H_0$ : alguna  $S_j^2$  es diferente

Para hacer los cálculos de la prueba de Bartlett, se construye el siguiente cuadro:

| $k=a_j$      | $n_j$     | $n_j-1$ | $S_j^2=CMe_j$ | $(n_j - 1)S_j^2$ | $(n_j - 1)\ln(S_j^2)$ | $1/(n_j-1)$ |
|--------------|-----------|---------|---------------|------------------|-----------------------|-------------|
| Arboleda     | 10        | 9       | 0,71          | 6,39             | -3,08                 | 0,11        |
| Cartago      | 10        | 9       | 0,88          | 7,92             | -1,15                 | 0,11        |
| Tangua       | 10        | 9       | 2,72          | 24,48            | 9,01                  | 0,11        |
| L.Unión      | 10        | 9       | 1,33          | 11,97            | 2,57                  | 0,11        |
| <b>Total</b> | <b>40</b> |         |               | <b>50,76</b>     | <b>7,34</b>           | <b>0,44</b> |

$$N = \sum_{j=1}^k n_j = 10 + 10 + 10 + 10 = 40, k=4, N-k = 36$$

$$S_p^2 = \frac{\sum_{j=1}^k (n_j - 1) S_j^2}{(N - k)} = \frac{6,39 + 7,92 + 24,48 + 11,97}{36} = \frac{50,76}{36} = 1,41$$

$$\ln(S_p^2) = \ln(1,41) = \mathbf{0,34}$$

$$X_c^2 = \frac{(40 - 4) \times 0,34 - 7,34}{1 + \frac{1}{3(4 - 1)} \left( \frac{1}{0,44} - \frac{1}{(40 - 4)} \right)} = \frac{12,37 - 7,34}{1 + (0,11) * (0,44 - 0,028)} = \frac{5,03}{1,046} = \mathbf{4,80}$$

El valor de Chi teórico ( $X_t^2$ ) con  $k-1 = 4-1 = 3$  GL a un  $\alpha = 0,05$  se toma de las tablas que están en los libros de estadística como el de Steel Robert y Torrie (1985) o de la función de Excel =INV.CHICUAD.CD (nivel de significancia; grados de libertad), de aquí que: =INV.CHICUAD.CD (0,05;3) = 7,815.

### *Regla de decisión*

Como el  $X_c^2$  (4,80) fue menor que  $X_t^2$  (7,815) se acepta la  $H_0$  y se concluye que hay homogeneidad de varianzas, y se puede realizar el ANDEVA para el modelo (2). Si por el contrario se rechazara la  $H_0$ , se concluye que existe heterogeneidad de las varianzas o cuadrados medios residuales; Chaves (2001) indica que se pueden seguir dos alternativas:

- La primera sería descartar el experimento(s) con CMe muy elevados que provocan una baja precisión experimental.
- Una segunda opción sería hacer un ajuste de los grados de libertad de los CM de la IGA y del error del ANDEVA combinado para evitar pruebas de hipótesis inválidas, o hacer uso de transformación de datos sugeridas por Bartlett (1947).

### *F calculado para genotipos ( $F_{cg}$ ) bajo el modelo mixto*

$$F_{cg} = \frac{CM_g}{CM(ga)} = \frac{2,23}{1,69} = \mathbf{1,50}$$

### *F calculado para ambientes ( $F_{ca}$ ) bajo el modelo mixto*

$$F_{ca} = \frac{CM_a}{CM(ga)} = \frac{82,80}{1,69} = \mathbf{55,66}$$

### *F calculado para la interacciambientes ( $F_{c(ga)}$ ) bajo el modelo mixto*

$$F_{c(ga)} = \frac{CM(ga)}{CMe} = \frac{1,49}{0,35} = \mathbf{4,22}$$

**Tabla 6.4**

ANDEVA Para el Rendimiento (t/ha) de Materiales Genéticos de Lulo (*S. quitoense* Lam.) Evaluados en Cuatro Ambientes del Departamento de Nariño.

| <i>FV</i>     | <i>GL</i> | <i>SC</i> | <i>CM</i> | <i>Fc</i> | <i>Ft</i> ( $\alpha=0,05$ ) |
|---------------|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------------------------|
| Genotipos (g) | 9         | 20,04     | 2,23ns    | 1,50      | 2,25                        |
| Ambientes (a) | 3         | 248,39    | 82,80*    | 55,66     | 2,96                        |
| IGA (ga)      | 27        | 40,17     | 1,49*     | 4,22      | 1,59                        |
| Error medio   | 108       | -         | 0,35      |           |                             |

Nota. ns = diferencias no significativas, \* = diferencias significativas.

### Regla de decisión

En el caso de los genotipos, el  $F_c$  es mayor que el  $F_t$  ( $\alpha=0,05$ ). Por lo tanto, se rechaza la  $H_{01}$  y se concluye que a un nivel de confianza del 95% no existen diferencias entre las medias de rendimiento de los diez materiales genéticos de lulo a través de los cuatro ambientes donde fueron evaluados. Dado que para la IGA la  $F_c$  fue mayor que la  $F_t$  ( $\alpha=0,05$ ), se rechaza la  $H_{01}$  y se concluye que la IGA fue significativa a un nivel de confianza del 95%, por lo tanto, hay un comportamiento diferencial de los materiales genéticos de lulo en los ambientes donde se evaluaron.

### Efectos genéticos, ambientales y de IGA

En el ANDEVA combinado (Tabla 6.4) se observa que la magnitud del CM de los efectos de ambientes es mayor que el CM de los efectos genotípicos. Esto se debe a que los ambientes fueron contrastantes en cuanto a altitud, suelo y clima, entre otros. Por otro lado, los materiales genéticos son el resultado de una selección de las mejores familias de medios hermanos de lulo provenientes del primer ciclo de selección recurrente. Esto justifica el hecho de no encontrar diferencias entre ellos a través de los ambientes. Sin embargo, se observa que los genotipos que presentan los mayores RTOs como FMH4, FMH7 y FMH46 también presentan los mayores efectos ambientales ( $\hat{g}_i$ ). Es decir, estas FMH tienden a elevar el RTO a través de los cuatro ambientes, mientras que las FMH22, FMH36, FMH45 y el Testigo (Castilla) tienden a reducir el RTO.

En cuanto al ambiente, Allard & Bradshaw (1964, p505) indican que:

“Las variaciones en este factor se pueden dividir en dos tipos: predecibles e impredecibles. La primera categoría incluye todos los caracteres permanentes del ambiente, como las características generales de clima y tipo de suelo, así como las características del medio que fluctúan de manera sistemática, como el



largo del día. También incluye aquellos aspectos del ambiente que son determinados por el hombre y, por tanto, pueden ser controlados más o menos a voluntad, tales como fecha de siembra, densidad de siembra, métodos de cosecha y otras prácticas agronómicas. La segunda categoría incluye fluctuaciones en el clima, como cantidad y distribución de lluvia y temperatura, y otros factores, como la densidad de siembra del cultivo. Un ineficiente sistema agrícola también puede incluir variaciones en la práctica agronomica que en agriculturas más avanzadas podría mantenerse razonablemente constante. La distinción entre estas dos categorías no siempre está clara, y las características antes descritas variarán de un cultivo a otro. Sin embargo, las diversas calificaciones que se pueden aplicar no deben enmascarar la diferencia esencial entre las dos categorías. Esto se debe a que tienen impactos claramente diferentes, no solo en los procedimientos operativos en las etapas de selección de los programas de mejoramiento, sino también en las etapas de prueba”.

Los efectos ambientales ( $\hat{a}_j$ ) presentados en la Tabla 6.3 muestran que los mejores ambientes para producir lulo son Arboleda y Tangua, dado que tienen los mayores RTOs y efectos ambientales; en cambio, Cartago y La Unión tienen efectos negativos, con los RTOs más bajos.

Los efectos de *IGA* de la Tabla 6.5 se calculan así:

$$(\hat{g}\hat{a})_{ij} = \bar{Y}_{ij} - \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{.j} + \bar{Y}_{..}$$

O a través de:

$$(\hat{g}\hat{a})_{ij} = \bar{Y}_{ij} - \hat{g}_i - \hat{a}_j - \bar{Y}_{..}$$

Con base en la Tabla 6.3, se muestra cómo se obtiene el efecto de la *IGA* para la FMH1 en la localidad Arboleda ( $(\hat{g}\hat{a})_{11}$ ):

$$(\hat{g}\hat{a})_{11} = 10,07 - (8,95) - (11,08) + 8,80 = -1,17$$

$$(\hat{g}\hat{a})_{11} = 10,07 - (0,15) - (2,29) - 8,80 = -1,17$$

Los valores de los efectos de *IGA* ( $\hat{g}\hat{a}$ ) que son positivos y de gran magnitud indican una buena adaptación de la FMH i-ésima en el ambiente j-ésimo, por ejemplo, en Arboleda se destaca la FMH28, en Cartago las familias FMH1 y FMH22, en Tangua el Testigo, las familias FMH45 y FMH7 y en La Unión la FMH22.

**Tabla 6.5**

Estimaciones de los Efectos de IGA ( $(\widehat{g\alpha})_{ij}$ ) con Base en las Medias de Rendimiento (t/ha) de Lulo (*S. quitoense* Lam.) de la Tabla 6.3.

| Medias      | Arboleda | Cartago | Tangua | L.Unión | Suma        |
|-------------|----------|---------|--------|---------|-------------|
| FMH1        | -1,17    | 1,23    | 0,67   | -0,74   | 0,00        |
| FMH4        | -0,75    | 0,10    | 0,35   | 0,31    | 0,00        |
| FMH7        | -0,78    | -0,04   | 1,10   | -0,28   | 0,00        |
| FMH22       | 0,54     | 1,29    | -2,69  | 0,87    | 0,00        |
| FMH25       | 1,38     | 0,08    | -2,18  | 0,72    | 0,00        |
| FMH28       | 1,13     | -0,19   | -1,00  | 0,05    | 0,00        |
| FMH36       | 1,31     | -0,73   | -0,03  | -0,55   | 0,00        |
| FMH45       | -1,31    | -0,28   | 1,22   | 0,37    | 0,00        |
| FMH46       | 0,94     | -1,27   | 0,82   | -0,50   | 0,00        |
| T (Testigo) | -1,29    | -0,20   | 1,74   | -0,25   | 0,00        |
| <b>Suma</b> | 0,00     | 0,00    | 0,00   | 0,00    | <b>0,00</b> |

## Estabilidad del rendimiento de lulo (*Solanum quitoense* Lam.)

### Finlay & Wilkinson (1963) y Eberhart & Russell (1966)

La técnica más conocida para estimar la estabilidad de los genotipos se basa en los trabajos de Finlay & Wilkinson (1963) y Eberhart & Russell (1966). Para los primeros una variedad o material genético estable presenta un coeficiente de regresión del rendimiento sobre la base del índice ambiental ( $IA_j$ ) igual a uno. El índice ambiental ( $IA_j$ ) corresponde a la media de todas las variedades en un ambiente dado menos la media general del experimento combinado a través de todos los ambientes, y está dado por la siguiente ecuación:

$$IA_j = \left( \frac{\sum_{i=1}^n Y_{ij}}{n} \right) - \left( \frac{\sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^p Y_{ij}}{n \times l} \right)$$

$$\sum_{j=1}^p IA_j = 0; \text{ con } i = 1, 2, \dots, n; j = 1, 2, \dots, l.$$

Donde:  $\sum_{i=1}^n Y_{ij}$  = sumatoria del rendimiento en el ambiente j-ésimo con los materiales genéticos que van desde uno hasta n,  $\sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^l Y_{ij}$  = total del rendimiento a través de los genotipos que van desde uno hasta n, y de los ambientes que van desde uno hasta p, **n** = número de variedades o genotipos probados, **l** = número de ambientes.

Los  $IA_j$  ya fueron calculados y se muestran en la Tabla 6.3 como los efectos ambientales ( $\hat{a}_j$ ), cuya sumatoria es cero.

Después de la propuesta de Finlay y Wilkinson (1963), Eberhart y Russell (1966) introdujeron una ligera modificación a la metodología, incorporando las desviaciones ( $S_{ij}$ ) respecto a la línea de regresión, como un segundo parámetro de estabilidad. Para Eberhart y Russell una variedad estable es la que muestra un coeficiente de regresión ( $\beta$ ) cercano a uno y una sumatoria de las desviaciones mínimas (próximas a cero). Para desarrollar esta metodología, el experimento de lulo (Tabla 6.2) a través de cuatro localidades, se asume bajo un modelo mixto, donde los materiales genéticos son de efecto fijo y los ambientes de efecto aleatorio.

El modelo estadístico (1), define el ANDEVA (Tabla 6.7).

### *Pruebas de hipótesis*

Las hipótesis que se prueban a través del Análisis de Eberhart y Russell (1966), son:

#### *Para medias de materiales genéticos*

$$H_0: \bar{Y}_{1..} = \bar{Y}_{2..} = \dots = \bar{Y}_{10..}$$

$$H_a: \text{alguna } \bar{Y}_{i..} \text{ es diferente}$$

#### *Para la interacción genotipo por ambiente (IGA)*

$$H_0: \text{IGA no es significativa}$$

$$H_a: \text{IGA es significativa}$$

#### *Para coeficientes de regresión*

$$H_0: b_i = 1$$

$$H_a: b_i \neq 1$$

Para probar estas hipótesis se utiliza la prueba de t (Student), en donde el t calculado ( $t_c$ ) se obtiene de la siguiente manera:

$$t_c = \frac{b_i - 1,0}{Sb_i}; Sb_i = \frac{\sqrt{CM3}}{\sum I_j^2}; CM3 = CMdc \text{ (Tabla 6.9)}$$

El  $t$  tabulado ( $t_t$ ) se busca en una tabla de  $t$  en prueba de dos colas con un  $\alpha = 0,05$  y  $l - 2 = GL$ , donde  $l$  = número de ambientes.

*Para las desviaciones de la regresión*

$$H_0: Sd_{1j}^2 = Sd_{2j}^2 = \dots = Sd_{10j}^2 = 0$$

$$H_a: Sd_{1j}^2 \neq Sd_{2j}^2 \neq \dots \neq Sd_{10j}^2 \neq 0$$

En seguida, se explican detalladamente los cálculos para realizar el ANDEVA con base en la Tabla 6.2.

**Grados de libertad (GL)**

Ambientes:  $GL_a = l - 1 = 4 - 1 = 3$

Repetición dentro de ambiente:  $GL(r/a) = l(r - 1) = 4 \times (4 - 1) = 12$

Genotipos:  $GL_g = n - 1 = 10 - 1 = 9$

Interacción genotipo por ambiente:  $GL(ga) = (l - 1)(n - 1) = 3 \times 9 = 27$

Error:  $GL_e = l(r - 1)(n - 1) = 4 \times 3 \times 9 = 108$

Para facilitar los cálculos con el fin de obtener el factor de corrección (FC) y las sumas de cuadrado (SC), se construye la Tabla 6.6, que muestra los totales de la interacción de genotipos y ambientes a través de las cuatro repeticiones.

**Tabla 6.6**

*Totales de Rendimiento (t/ha) de Cada Una de los Materiales Genéticos (MG) de Lulo en Cada Una de las Localidades.*

| <b>MG</b>    | <b>Arboleda</b> | <b>Cartago</b> | <b>Tangua</b> | <b>La Unión</b> | <b>Total</b>   |
|--------------|-----------------|----------------|---------------|-----------------|----------------|
| FMH1         | 40,28           | 39,53          | 46,35         | 17,02           | 143,18         |
| FMH4         | 45,3            | 38,35          | 48,41         | 24,55           | 156,61         |
| FMH7         | 43,71           | 36,35          | 49,98         | 20,75           | 150,79         |
| FMH22        | 43,77           | 36,43          | 29,58         | 20,13           | 129,91         |
| FMH25        | 51,77           | 36,23          | 36,27         | 24,19           | 148,46         |
| FMH28        | 48,91           | 33,29          | 39,11         | 19,63           | 140,94         |
| FMH36        | 48,87           | 30,39          | 42,24         | 16,46           | 137,96         |
| FMH45        | 33,08           | 26,87          | 41,9          | 14,8            | 116,65         |
| FMH46        | 50,54           | 31,37          | 48,78         | 19,8            | 150,49         |
| T (Testigo)  | 37,16           | 31,21          | 48,02         | 16,36           | 132,75         |
| <b>Total</b> | <b>443,39</b>   | <b>340,02</b>  | <b>430,64</b> | <b>193,69</b>   | <b>1407,74</b> |

Entonces, con base en las Tablas 6.2 y 6.6, se hace el procesamiento de datos, así:

**Factor de corrección (FC)**

$$FC = \frac{(Y_{...})^2}{n \times l \times r} = \frac{(1407,74)^2}{10 \times 4 \times 4} = \mathbf{12385,82}$$

**Sumas de cuadrado (SC) de ambiente (SCa)**

$$SCa = \frac{\sum Y_{j.}^2}{n \times r} - FC = \frac{(443,39)^2 + (340,02)^2 + (430,64)^2 + (193,69)^2}{10 \times 4} - 12385,82 = \mathbf{993,55}$$

**SC de repetición dentro de ambientes (SC(r/a))**

$$SC(r/a) = \frac{\sum Y_{jk}^2}{n} - FC - SCa = \frac{(112,67)^2 + \dots + (44,30)^2}{10} - 12385,82 - 993,55 = \mathbf{50,78}$$

**SC de genotipos o materiales genéticos (SCg)**

$$SCg = \frac{\sum Y_{i..}^2}{l \times r} - FC = \frac{(143,18)^2 + \dots + (132,75)^2}{4 \times 4} - 12385,82 = \mathbf{80,17}$$

**SC de la interacción genotipo por ambiente (SC(ga))**

$$SC(ga) = \frac{\sum Y_{ij.}^2}{r} - FC - SCa - SCg = \frac{(40,28)^2 + \dots + (16,36)^2}{4} - 12385,82 - 993,55 - 80,17 = \mathbf{160,66}$$

**SC del total (SCT)**

$$SCT = \sum \sum \sum Y_{ijk}^2 - FC = [(9,58)^2 + (10,33)^2 + \dots + (4,01)^2 + (3,58)^2] - 12385,82 = \mathbf{1437,52}$$

**SC del error (SCe)**

$$SCe = SCT - [SCa + SC(r/a) + SCg + SC(ga)] = 1437,52 - 993,55 + 50,78 + 80,17 + 160,66 = \mathbf{152,36}$$

**Cuadrado medio de ambiente (CMa)**

$$CMa = \frac{SCa}{GLa} = \frac{993,55}{3} = \mathbf{331,18}$$

*CM de repetición dentro de ambientes (CM(r/a))*

$$CMa = \frac{SC(r/a)}{GL(r/a)} = \frac{50,78}{12} = 4,23$$

*CM de genotipos o materiales genéticos (CMg)*

$$CMg = \frac{SCg}{GLg} = \frac{80,17}{9} = 8,91$$

*CM de la interacción genotipo por ambiente (CM(ga))*

$$CM(ga) = \frac{SC(ga)}{GL(ga)} = \frac{160,66}{27} = 5,95$$

*CM del error (CMe)*

$$CMe = \frac{SCe}{GLE} = \frac{152,36}{108} = 1,41$$

**Pruebas de F (Fc)**

*Fc para ambientes (Fca)*

$$Fca = \frac{CMa}{CM(r/a)} = \frac{331,18}{4,23} = 78,27$$

*Fc para repetición dentro de ambientes (Fc(r/a))*

$$Fc(r/a) = \frac{CM(r/a)}{CMe} = \frac{4,23}{1,41} = 3,00$$

*Fc para genotipos o materiales genéticos (Fcg)*

$$Fcg = \frac{CMg}{CM(ga)} = \frac{8,91}{5,95} = 1,50$$

*Fc para la interacción genotipo por ambiente (Fc(ga))*

$$Fc(ga) = \frac{CM(ga)}{CMe} = \frac{5,95}{1,41} = 4,22$$

Según la Tabla 6.7, el Fc para ambientes es mayor que el Ft ( $\alpha=0,05$  y 3,12 GL), por lo tanto, se rechaza la Ho, y se concluye que existen diferencias entre las medias de RTO entre los ambientes.

En genotipos se acepta la  $H_0$ , ( $F_c < F_t$  ( $\alpha=0,05$  y 9/27 GL)), de ahí se concluye que no existen diferencias significativas entre los materiales genéticos de lulo a través de localidades.

La  $H_0$  para la IGA se rechaza debido a que el  $F_c > F_t$  ( $\alpha=0,05$  y 27, 108 GL), y se concluye que existe un efecto de IGA significativo, por tanto se puede continuar con los análisis para calcular los parámetros de estabilidad.

**Tabla 6.7**

*ANDEVA Combinado Para el Rendimiento (t/ha) de 10 Materiales Genéticos de Lulo (S. quitoense Lam.) Evaluadas en Cuatro Ambientes de la Región Natural Andina del Departamento de Nariño*

| <i>FV</i>    | <i>GL</i> | <i>SC</i> | <i>CM</i> | <i>F<sub>c</sub></i> | <i>F<sub>t</sub> (α=0,05)</i> |
|--------------|-----------|-----------|-----------|----------------------|-------------------------------|
| Ambiente (A) | 3         | 993,55    | 331,18*   | 78,27                | 3,49                          |
| Repetición/A | 12        | 50,78     | 4,23      | 3,00                 | 1,84                          |
| Genotipo (G) | 9         | 80,17     | 8,91ns    | 1,50                 | 2,25                          |
| IGA          | 27        | 160,66    | 5,95*     | 4,22                 | 1,59                          |
| Error (e)    | 108       | 152,36    | 1,41      |                      |                               |

Nota. ns = efectos no significativos al 95% de confiabilidad, \* = significancia o diferencias significativas al 95% de confiabilidad,  $R^2 = 0,89$  (coeficiente de determinación),  $CV = 13,50\%$  (coeficiente de variación),  $\bar{Y}_{...} = 8,80$  (media general del experimento).

### **Regla de Decisión**

Se hacen los ANDEVA individuales (Tabla 6.8) para probar la  $H_0: \bar{Y}_{1j.} = \bar{Y}_{10.}$ , con base en el modelo del diseño de bloques vómpletos al azar, cuyo proceso estadístico se puede consultar en Steel & Torrie (1985) y Lagos & Criollo (2019), entre otros.

**Tabla 6.8**

*Cuadrados Medios de los ANDEVA Para los Materiales Genéticos de Lulo (S. quitoense Lam.), Evaluadas en Cada Ambiente de la Región Natural Andina del Departamento de Nariño.*

| <i>FV</i>    | <i>GL</i> | <i>Arboleda</i> | <i>Cartago</i>     | <i>Tangua</i>      | <i>La Unión</i>    |
|--------------|-----------|-----------------|--------------------|--------------------|--------------------|
| Repeticiones | 3         | 4,19*           | 1,17 <sup>ns</sup> | 7,22 <sup>ns</sup> | 4,33*              |
| Genotipos    | 9         | 9,21*           | 4,03*              | 10,84*             | 2,69 <sup>ns</sup> |
| Error        | 27        | 0,71            | 0,88               | 2,72               | 1,33               |
| $R^2$        |           | 0,83            | 0,63               | 0,61               | 0,50               |
| CV (%)       |           | 7,61            | 11,05              | 15,32              | 23,81              |
| Media (t/ha) |           | 11,08           | 8,50               | 10,77              | 4,84               |

Nota. ns = efectos no significativos al 95% de confiabilidad, \* = significancia o diferencias significativas al 95% de confiabilidad,  $R^2$  = coeficiente de determinación, CV = coeficiente de variación.

### Regla de Decisión

La  $H_0$  es rechazada en los ambientes, excepto en la localidad de La Unión, donde se aceptó la  $H_0$ . Por consiguiente, existen diferencias significativas entre los materiales genético de lulo. En La Unión, se comportaron de forma similar.

### Modelo de Estabilidad de Eberhart & Russell (1966) (ER1966)

El modelo de estabilidad ER1966 considera, como estimados de estabilidad, la regresión de cada variedad en un experimento sobre un índice ambiental y la función de las desviaciones cuadradas de su regresión. Estos parámetros son definidos con el siguiente modelo:

$$\bar{Y}_{ij} = \mu_i + B_i I_j + S_{ij}$$

Donde:  $\bar{Y}_{ij}$  = media de la variedad  $i$ -ésima (MG de lulo) en el ambiente  $j$ -ésimo (ambientes del departamento de Nariño),  $\mu_i$  = media de la variedad  $i$ -ésima sobre todos los ambientes,  $B_i$  = coeficiente de regresión que mide la respuesta de la  $i$ -ésima variedad en diversos ambientes,  $I_j$  = índice ambiental obtenido como la media de todas las variedades a través de ambientes menos la media general,  $S_{ij}$  = desviación de la regresión de la  $i$ -ésima variedad en el  $j$ -ésimo ambiente.

Los cálculos de los parámetros de estabilidad son los siguientes:

#### Índice ambiental ( $I_j$ )

$$I_j = \frac{\sum_{i=1}^n Y_{.j}}{n \times r} - \frac{\sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^p Y_{ij}}{n \times l \times r} = \bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{...}; \quad \sum I_j = 0$$

Para el ambiente uno, Arboleda, el  $I_j$  es:

$$I_1 = \frac{443,39}{10 \times 4} - \frac{1407,74}{10 \times 4 \times 4} = 11,08 - 8,80 = 2,286$$

De esta manera, se calculan los demás  $I_j$ , las cuales aparecen en la Tabla 6.3.



### Primer Parámetro de Estabilidad ( $b_i$ )

$$b_i = \frac{\sum \bar{Y}_{ij} I_j}{\sum I_j^2}$$

$$\sum I_j^2 = I_1^2 + I_2^2 + \dots + I_p^2 = (2,286)^2 + (-0,30)^2 + (1,97)^2 + (-3,96)^2 = \mathbf{24,839}$$

Finlay & Wilkinson (1963) utilizaron este coeficiente de regresión como un parámetro de adaptabilidad.

Este parámetro puede obtenerse de manera matricial, así:  $[Y][I] = A$ ; donde:  $[Y]$  = matriz de las medias del genotipo  $i$ -ésimo en cada uno de los ambientes,  $[I]$  = matriz de índice ambiental,  $[A] = \sum Y_{ij} I_j$ .

Entonces, con la función =MMULT (B2:E11; G4:G7), se obtiene la matriz  $[A]$ , así:

$$\begin{bmatrix} 10,07 & 9,88 & 11,59 & 4,26 \\ 11,33 & 9,59 & 12,10 & 6,14 \\ 10,93 & 9,09 & 12,50 & 5,19 \\ 10,94 & 9,11 & 7,40 & 5,03 \\ 12,94 & 9,06 & 9,07 & 6,05 \\ 12,23 & 8,32 & 9,78 & 4,91 \\ 12,22 & 7,60 & 10,56 & 4,12 \\ 8,27 & 6,72 & 10,48 & 3,70 \\ 12,64 & 7,84 & 12,20 & 4,95 \\ 9,29 & 7,80 & 12,01 & 4,09 \end{bmatrix} \times \begin{bmatrix} 2,286 \\ -0,30 \\ 1,97 \\ -3,96 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 26,05 \\ 22,57 \\ 26,34 \\ 16,95 \\ 20,81 \\ 25,30 \\ 30,17 \\ 22,88 \\ 30,96 \\ 26,36 \end{bmatrix}$$

Para el material genético uno (FMH1), el valor de 26,05 de la matriz  $[A]$  se obtiene de la siguiente manera:

$$\begin{aligned} \sum \bar{Y}_{1j} I_j &= (10,07 \times 2,286) + (9,88 \times (-0,30)) + (11,59 \times 1,97) \\ &\quad + (4,26 \times (-3,96)) = \mathbf{26,05} \end{aligned}$$

Para FMH4:

$$\mathbf{22,57} = (11,33 \times 2,286) + (9,59 \times (-0,30)) + (12,10 \times 1,97) + (6,14 \times (-3,96))$$

En forma semejante se calculan las demás sumatorias de la matriz  $[A]$ . Ahora se calculan los  $b_i$  para cada MG de lulo.

Para FMH1:

$$b_1 = \frac{\sum \bar{Y}_{1j} I_j}{\sum I_j^2} = \frac{26,05}{24,839} = \mathbf{1,05}$$

Para FMH4:

$$b_2 = \frac{\sum \bar{Y}_{1j} I_j}{\sum I_j^2} = \frac{26,05}{24,839} = \mathbf{0,91}$$

Y así sucesivamente, se calculan las demás (Tabla 6.9). Se puede comprobar que la media de los  $b_i$  ( $\bar{b}_i$ ), es igual a uno:

$$\bar{b}_i = \frac{\sum_{i=1}^n b_i}{n} = \frac{b_1 + \dots + b_n}{n} = \frac{1,05 + \dots + 1,06}{10} = \mathbf{1,0}$$

Posteriormente, se realiza el ANDEVA para los parámetros de estabilidad. Este ANDEVA se basa en la matriz de las medias de RTO [ $Y$ ], la que también se observa en la Tabla 6.3 y tiene la estructura de la Tabla 6.10.

Los cálculos que a continuación se detallan se consignan en la Tabla 6.11.

#### *Factor de corrección (FC)*

$$FC = \frac{(\sum \sum Y_{ij})^2}{l \times n} = \frac{(351,94)^2}{4 \times 10} = \mathbf{3096,46}$$

#### *Grados de Libertad (GL), Sumas de Cuadrado (SC) y Cuadrados Medios (CM)*

##### *Total (T)*

$$GLT = n \times l - 1 = 10 \times 4 - 1 = 39$$

$$SCT = \sum \sum Y_{ij}^2 - FC = [(10,07)^2 + (9,88)^2 + \dots + (4,09)^2] - 3096,46 = \mathbf{308,59}$$

##### *Materiales Genéticos de Lulo o Genotipos (G)*

$$GLg = n - 1 = 10 - 1 = 9$$

$$SCg = \frac{\sum Y_{i.}^2}{l} - FC = \frac{(35,80)^2 + (39,15)^2 + \dots + (33,19)^2}{4} - 308,59 = \mathbf{20,04}$$

$$CMg = \frac{SCg}{GLg} = \frac{20,04}{9} = \mathbf{2,23}$$

##### *Ambientes (A)+ G×A*

$$GL_{[(a)+ga]} = n(l - 1) = 10 \times (4 - 1) = \mathbf{30}$$

**Tabla 6.9**

Rendimiento Promedio ( $\bar{Y}_{ij}$ ), Coeficiente de Regresión ( $b_i$ ) y Desviaciones de la Regresión de los Parámetros de Estabilidad de ER1966.

| MG           | $\bar{Y}_{ij}$ | $b_i$              | tc    |
|--------------|----------------|--------------------|-------|
| FMH1         | 8,95           | 1,05 <sup>ns</sup> | 0.93  |
| FMH4         | 9,79           | 0,91 <sup>ns</sup> | -1.75 |
| FMH7         | 9,42           | 1,06 <sup>ns</sup> | 1.16  |
| FMH22        | 8,12           | 0,68*              | -6.08 |
| FMH25        | 9,28           | 0,84 <sup>ns</sup> | -3.10 |
| FMH28        | 8,81           | 1,02 <sup>ns</sup> | 0.36  |
| FMH36        | 8,62           | 1,21 <sup>ns</sup> | 4.10  |
| FMH45        | 7,29           | 0,92 <sup>ns</sup> | -1.51 |
| FMH46        | 9,41           | 1,25*              | 4.72  |
| T (testigo)  | 8,30           | 1,06 <sup>ns</sup> | 1.17  |
| <b>Media</b> | <b>8,80</b>    | <b>1,00</b>        |       |

Nota. tt = 4,39 a un nivel de significancia de 0,05 y l-2= 4-2 = 2GL.

$$\begin{aligned}
 GLg &= n - 1 = 10 - 1 = 9 \\
 SCg &= \frac{\sum Y_{i.}^2}{l} - FC \\
 SCg &= \frac{\sum Y_{i.}^2}{l} - FC = \frac{(35,80)^2 + (39,15)^2 + \dots + (33,19)^2}{4} - 308,59 = \mathbf{20,04CMg} \\
 &= \frac{(35,80)^2 + (39,15)^2 + \dots + (33,19)^2}{4} - 308,59 = \mathbf{20,04CMg} = \frac{SCg}{GLg} \\
 &= \frac{SCg}{GLg} = \frac{20,04}{9} = \mathbf{2,23GL_{[(a)+ga]}} = n(l - 1) = 10 \times (4 - 1) \\
 &= \frac{20,04}{9} = \mathbf{2,23GL_{[(a)+ga]}} = n(l - 1) = 10 \times (4 - 1) = \mathbf{30SC_{[(a)+ga]}} \\
 &= \mathbf{30SC_{[(a)+ga]}} = \sum \sum Y_{ij}^2 - \frac{\sum Y_{i.}^2}{l} \\
 &= \sum \sum Y_{ij}^2 - \frac{\sum Y_{i.}^2}{l} \\
 &= [(10,07)^2 + (9,88)^2 + \dots + (4,09)^2] \\
 &= [(10,07)^2 + (9,88)^2 + \dots + (4,09)^2] \\
 &\quad - \left[ \frac{(35,80)^2 + (39,15)^2 + \dots + (33,19)^2}{4} \right] = 3405,05 - \frac{12465,99}{4} \\
 &\quad - \left[ \frac{(35,80)^2 + (39,15)^2 + \dots + (33,19)^2}{4} \right] = 3405,05 - \frac{12465,99}{4} \\
 &= \mathbf{288,55} \\
 &= \mathbf{288,55}
 \end{aligned}$$

$$CMg = \frac{SCg}{GLg} = \frac{20,04}{9} = 2,23 \quad GL_{[(a)+ga]} = n(l-1) = 10 \times (4-1) = 30 \quad SC_{[(a)+ga]}$$

$$GL_{[(a)+ga]} = n(l-1) = 10 \times (4-1) = 30 \quad SC_{[(a)+ga]} = \sum \sum Y_{ij}^2 - \frac{\sum Y_{i.}^2}{l}$$

$$\begin{aligned} SC_{[(a)+ga]} &= \sum \sum Y_{ij}^2 - \frac{\sum Y_{i.}^2}{l} \\ &= \sum \sum Y_{ij}^2 - \frac{\sum Y_{i.}^2}{l} \\ &= [(10,07)^2 + (9,88)^2 + \dots + (4,09)^2] \\ &= [(10,07)^2 + (9,88)^2 + \dots + (4,09)^2] \\ &= [(10,07)^2 + (9,88)^2 + \dots + (4,09)^2] \\ &\quad - \left[ \frac{(35,80)^2 + (39,15)^2 + \dots + (33,19)^2}{4} \right] = 3405,05 - \frac{12465,99}{4} \\ &\quad - \left[ \frac{(35,80)^2 + (39,15)^2 + \dots + (33,19)^2}{4} \right] = 3405,05 - \frac{12465,99}{4} \\ &\quad - \left[ \frac{(35,80)^2 + (39,15)^2 + \dots + (33,19)^2}{4} \right] = 3405,05 - \frac{12465,99}{4} \\ &= 288,55 \\ &= 288,55 \\ &= 288,55 \end{aligned}$$

**Tabla 6.10**

ANDEVA para la estimación de los parámetros de estabilidad.

| FV                     | GL          | SC                                                                                                                            | CM   | Fc        |
|------------------------|-------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------|-----------|
| Total                  | nl-1        | $\sum \sum Y_{ij}^2 - FC$                                                                                                     |      |           |
| Genotipos (G)          | n-1         | $\frac{\sum Y_{i.}^2}{l} - FC$                                                                                                | CM1  | CM1/CM3   |
| Ambientes (A)+ G×A     | n(l-1)      | $\sum \sum Y_{ij}^2 - \frac{\sum Y_{i.}^2}{l}$                                                                                |      |           |
| A (linear)             | 1           | $\left[ \frac{(\sum Y_{.j} I_j)^2}{n} \right] - \frac{\sum I_j^2}{l}$                                                         |      |           |
| G×A (linear)           | n-1         | $\sum \left[ \frac{(\sum Y_{ij} I_j)^2}{\sum I_j^2} \right] - SCa(linear)$                                                    | CM2  | CM2/CM3   |
| Desviaciones conjuntas | n(l-2)      | $\sum \sum S_{ij}^2$                                                                                                          | CM3  |           |
| G1                     | l-2         | $\left[ \sum Y_{1j}^2 - \frac{(Y_{1.})^2}{l} \right] - \left[ \frac{(\sum Y_{1j} I_j)^2}{\sum I_j^2} \right]$                 | CMg1 | CMg1/CMec |
| G2                     | l-2         | $\left[ \sum Y_{2j}^2 - \frac{(Y_{2.})^2}{l} \right] - \left[ \frac{(\sum Y_{2j} I_j)^2}{\sum I_j^2} \right]$                 | CMg2 | CMg2/CMec |
| ⋮                      | ⋮           | ⋮                                                                                                                             |      |           |
| Gn                     | l-2         | $\left[ \sum Y_{nj}^2 - \frac{(Y_{n.})^2}{l} \right] - \left[ \frac{(\sum Y_{nj} I_j)^2}{\sum I_j^2} \right] = \sum S_{ij}^2$ | CMgn | CMgn/CMec |
| Error                  | l(r-1)(n-1) | $SCT - (SCa + SC(r/a) + SCg + SCga)$                                                                                          |      |           |
| Error conjunto (ec)    | ln(r-1)     |                                                                                                                               | CMec |           |

Nota: A, a, (l) = ambientes; G, g (n) = genótipos; r= repeticiones.

$$\begin{aligned}
 SC_{[(a)+ga]} &= \sum \sum Y_{ij}^2 - \frac{\sum Y_{i.}^2}{l} \\
 &= [(10,07)^2 + (9,88)^2 + \dots + (4,09)^2] \\
 &\quad - \left[ \frac{(35,80)^2 + (39,15)^2 + \dots + (33,19)^2}{4} \right] = 3405,05 - \frac{12465,99}{4} \\
 &= \mathbf{288,55}
 \end{aligned}$$

$$CM_{[(a)+ga]} = \frac{SC_{[(a)+ga]}}{GL_{[(a)+ga]}} = \frac{288,55}{30} = \mathbf{9,62}$$

Existe otra forma de calcular esta SC, que consiste en calcular la SCa y la SC(ga) por separado, y finalmente sumar estos dos valores, tal como se demuestra a continuación:

#### *Ambientes (A)*

$$\begin{aligned}
 SCa &= \frac{\sum Y_j^2}{n} - FC = \frac{(110,85)^2 + (85,01)^2 + (107,66)^2 + (48,42)^2}{10} - 308,59 \\
 &= \mathbf{248,39}
 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
 SC(ga) &= \sum \sum Y_{ij}^2 - FC - SCg - SCg \\
 &= [(35,80)^2 + (39,15)^2 + \dots + (33,19)^2] - 308,59 - 20,04 - 248,39 \\
 &= \mathbf{40,17}
 \end{aligned}$$

$$SC_{[(a)+ga]} = SCa + SC(ga) = 248,39 + 40,17 = \mathbf{288,55}$$

#### *Ambiente Linear*

$$GL_{(a,L)} = 1$$

$$\begin{aligned}
 SC_{(a,L)} &= \frac{\left[ \frac{(\sum Y_{.j} I_j)^2}{n} \right]}{\sum I_j^2} \\
 &= \frac{\frac{[(110,85) \times (2,29) + (85,01) \times (-0,30) + (107,66) \times (1,97) + (48,42) \times (-3,96)]^2}{10}}{(2,29)^2 + (-0,30)^2 + (1,97)^2 + (-3,96)^2} \\
 &= \mathbf{248,39}
 \end{aligned}$$

$$CM_{(a,L)} = \frac{SC_{(a,L)}}{1} = \mathbf{248,39}$$

### Genotipos por Ambiente Linear $G \times A$ (linear)

$$GL_{(g \times a, L)} = n - 1 = 10 - 1 = 9$$

$$\begin{aligned} SC_{(g \times a, L)} &= \Sigma \left[ \frac{(\Sigma Y_{ij} I_j)^2}{\Sigma I_j^2} \right] - SC_{(a, L)} \\ &= \frac{[(10,07 \times 2,29) + \dots + (4,26 \times (-3,96))]^2}{(2,29)^2 + \dots + (-3,96)^2} + \dots + \frac{[(9,29 \times 2,29) + \dots + (4,09 \times (-3,96))]^2}{(2,29)^2 + \dots + (-3,96)^2} \\ &\quad - 248,39 = \mathbf{6,43} \end{aligned}$$

$$CM_{(g \times a, L)} = \frac{SC_{(g \times a, L)}}{GL_{(g \times a, L)}} = \frac{6,43}{9} = \mathbf{0,71}$$

### Desviaciones Conjuntas (dc)

$$GL_{dc} = n(l - 2) = 10 \times (4 - 2) = \mathbf{20}$$

$$\begin{aligned} SC_{dc} &= SCT - SC_g - SC_{(g \times a, L)} - SC_{(a, L)} = 308,59 - 20,04 - 252,33 - 2,48 \\ &= \mathbf{33,74} \end{aligned}$$

$$CM_{dc} = \frac{SC_{dc}}{GL_{dc}} = \frac{33,74}{20} = \mathbf{1,69}$$

### Desviaciones para Cada Variedad ( $\Sigma S_{ij}^2$ )

$$GL_{g_1} = l - 2 = 4 - 2 = 2$$

$$\begin{aligned} \Sigma S_{1j}^2 &= \left[ \Sigma Y_{1j}^2 - \frac{(Y_1)^2}{l} \right] - \left[ \frac{(\Sigma Y_{1j} I_j)^2}{\Sigma I_j^2} \right] \\ &= [(10,07)^2 + \dots + (4,26)^2] - \left[ \frac{(10,07 + \dots + 4,26)^2}{4} \right] \\ &\quad - \frac{[(10,07 \times 2,29) + \dots + (4,26 \times (-3,96))]^2}{[(2,29)^2 + \dots + (-3,96)^2]} = \mathbf{3,81} \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} \Sigma S_{2j}^2 &= [(11,33)^2 + \dots + (6,14)^2] - \left[ \frac{(11,33 + \dots + 6,14)^2}{4} \right] \\ &\quad - \frac{[(11,33 \times 2,29) + \dots + (6,14 \times (-3,96))]^2}{[(2,29)^2 + \dots + (-3,96)^2]} = \mathbf{0,58} \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} \Sigma S_{3j}^2 &= [(10,93)^2 + \dots + (5,19)^2] - \left[ \frac{(10,93 + \dots + 5,19)^2}{4} \right] \\ &\quad - \frac{[(10,93 \times 2,29) + \dots + (5,19 \times (-3,96))]^2}{[(2,29)^2 + \dots + (-3,96)^2]} = \mathbf{1,82} \end{aligned}$$

$$\Sigma S_{10j}^2 = [(9,29)^2 + \dots + (4,09)^2] - \left[ \frac{(9,29 + \dots + 4,09)^2}{4} \right] - \frac{[(9,29 \times 2,29) + \dots + (4,09 \times (-3,96))]^2}{[(2,29)^2 + \dots + (-3,96)^2]} = 4,71$$

Se puede comprobar que la sumatoria de las desviaciones para cada variedad es igual a la SC de las desviaciones conjuntas ( $SC_{dc}$ ):

$$\Sigma S_{ij}^2 = 3,81 + 0,58 + 1,82 + \dots + 4,71 = 33,74$$

### Error

A partir de los datos originales con los que se realizó el ANDEVA (Tabla 6.7), se obtuvo las estimaciones para el error.

$$GLE = l(r - 1)(n - 1) = 4 \times (4 - 1) \times (10 - 1) = 108$$

$$Sce = SCT - [SCa + SC(r/a) + SCg + SC(ga)] = 1437,52 - 993,55 + 50,78 + 80,17 + 160,66 = 152,36$$

$$CMe = \frac{Sce}{GLE} = \frac{152,36}{108} = 1,41$$

### Error conjunto (Ec)

$$CMec = \frac{S_e^2}{r} = \frac{CMe}{r} = \frac{1,41}{4} = 0,35$$

### Pruebas de F ( $F_c$ ) y Regla de Decisión

#### Genotipos

$$F_{cg} = \frac{CM1}{CM3} = \frac{CMg}{CM_{dc}} = \frac{2,23}{1,69} = 1,32$$

Como puede verse (Tabla 6.10), el  $F_c$  es menor que el  $F_t$ . Esto corrobora la regla de decisión anterior, donde se acepta la  $H_0$  y por lo tanto, la media de los genotipos a través de los ambientes no difiere estadísticamente. Como el  $F_c$  (16,62) es mayor al  $F_t$  (2,393) se rechaza la  $H_0$ , y se concluye que existen diferencias entre los  $b_i$  en función de los índices ambientales  $j$ . Los  $F$  para las varianzas de los genotipos se

prueban contra el cuadrado medio del error conjunto (CMec). En este caso, si el  $F_c$  es mayor que el  $F_t$ , existe significancia de la desviación del genotipo desde la regresión y es diferente de cero.

**Tabla 6.11**

ANDEVA Para la Estimación de los Parámetros de Estabilidad de Diez Materiales Genéticos de Lulo Probados en Cuatro Ambientes del Departamento de Nariño.

| <i>FV</i>              | <i>GL</i> | <i>SC</i> | <i>CM</i> | <i>F<sub>c</sub></i> | <i>F<sub>t</sub></i> ( $\alpha = 0,05$ ) |
|------------------------|-----------|-----------|-----------|----------------------|------------------------------------------|
| Total                  | 39        | 308,59    |           |                      |                                          |
| Genotipos (G)          | 9         | 20,04     | 2,23      | 1,32 <sup>ns</sup>   | 2,393                                    |
| Ambientes (A)+GA       | 30        | 288,55    | 9,62      |                      |                                          |
| A (linear)             | 1         | 248,39    | 248,39    |                      |                                          |
| G x A (linear)         | 9         | 6,43      | 0,71      | 0,42                 | 2,393                                    |
| Desviaciones conjuntas | 20        | 33,74     | 1,69      |                      |                                          |
| FMH1                   | 2         | 3,81      | 1,91      | 5,40*                | 3,072                                    |
| FMH4                   | 2         | 0,58      | 0,29      | 0,82 <sup>ns</sup>   |                                          |
| FMH7                   | 2         | 1,82      | 0,91      | 2,58 <sup>ns</sup>   |                                          |
| FMH22                  | 2         | 7,44      | 3,72      | 10,54*               |                                          |
| FMH25                  | 2         | 6,52      | 3,26      | 9,25*                |                                          |
| FMH28                  | 2         | 2,31      | 1,15      | 3,27*                |                                          |
| FMH36                  | 2         | 1,40      | 0,70      | 1,99 <sup>ns</sup>   |                                          |
| FMH45                  | 2         | 3,24      | 1,62      | 4,60*                |                                          |
| FMH46                  | 2         | 1,90      | 0,95      | 2,70 <sup>ns</sup>   |                                          |
| T (testigo)            | 2         | 4,71      | 2,36      | 6,68*                |                                          |
| Error                  | 108       | 152,36    | 1,41      |                      |                                          |
| Error conjunto (ec)    | 120       |           | 0,35      |                      |                                          |

Nota. ns = efectos no significativos al 95% de confiabilidad, \* = significancia o diferencias significativas al 95% de confiabilidad.

### Regla de Decisión

Para probar la  $H_0$  de cada  $b_i$  se obtienen los  $t$  calculados ( $t_c$ ). Ejemplo:

$$t_{c_{FMH1}} = \frac{b_i - 1,0}{Sb_i} = \frac{b_i - 1,0}{\frac{\sqrt{CMdc}}{\sum I_j^2}} = \frac{1,05 - 1,0}{\frac{\sqrt{1,69}}{24,839}} = 0,93$$

El tabulado ( $t_t$ ) con un  $\alpha = 0,05$  y  $I-2 = 4-2 = 2$  GL, donde  $p$  = número de ambientes, se obtiene de tablas de  $t$  en prueba de dos colas escritas en



los libros de estadística. También se puede obtener de la función de Excel =INV.T.2C(0,05;2). El **tt** es igual a 4,403.

A excepción de la FMH22, los **tc** de los demás **b<sub>i</sub>** son menores al **tt**, por lo tanto, se acepta la Ho, y se concluye que los **b<sub>i</sub>** estadísticamente son iguales a uno, cumpliendo con el primer parámetro de estabilidad.

$$Fc_{(g \times a, L)} = \frac{CM2}{CM3} = \frac{CM_{(g \times a, L)}}{CM_{dc}} = \frac{0,71}{1,69} = \mathbf{0,42}$$

### Segundo Parámetro de Estabilidad ( $Sd_i^2$ )

El segundo parámetro de estabilidad es la varianza de desviación de cada variedad en cada ambiente respecto a la recta de regresión de la media de cada variedad ( $Sd_i^2$ ), se obtiene a través de:

$$Sd_i^2 = \frac{\sum S_{ij}^2}{(l-2)} - \frac{S_e^2}{r}$$

$$Sd_1^2 = \frac{3,81}{2} - \frac{1,41}{4} = 1,91 - 0,35 = \mathbf{1,55}$$

$$Sd_2^2 = \frac{0,58}{2} - \frac{1,41}{4} = 0,29 - 0,35 = \mathbf{-0,06}$$

.

$$Sd_{10}^2 = \frac{4,71}{2} - \frac{1,41}{4} = 2,36 - 0,35 = \mathbf{2,00}$$

### Fc para las desviaciones de la regresión

$$Fc_i = \frac{\frac{\sum S_{ij}^2}{(l-2)}}{\frac{S_e^2}{r}}$$

$$Fc_1 = \frac{\frac{3,81}{2}}{\frac{1,41}{4}} = \frac{1,91}{0,35} = \mathbf{5,40}$$

.

$$Fc_{10} = \frac{\frac{4,71}{2}}{\frac{1,41}{4}} = \frac{2,36}{0,35} = \mathbf{6,68}$$

El F tabulado con 2 y 120 GL, y un  $\alpha = 0,05$  es igual a 3,072. De acuerdo con los resultados (Tabla 6.11) se acepta la  $H_0$  para las FMH4, FMH7, FMH36 y FMH46 y se rechaza para los demás MG, es decir, solo estas cumplen con el segundo parámetro de estabilidad ( $Sd_i^2 = 0$ ).

En la Tabla 6.12, se resumen la media de rendimiento y los dos parámetros de estabilidad, que son el coeficiente de regresión del rendimiento sobre el índice ambiental ( $b_i$ ) y la varianza de las desviaciones de la regresión ( $Sd_i^2$ ). Según el modelo ER1966 un material genético con un  $b_i = 1$  y  $Sd_i^2 = 0$ , es estable, y solo las cumplen FMH4, FMH7 y FM36.

**Tabla 6.12**

*Medias de Rendimiento y Parámetros de Estabilidad Para Diez Materiales Genéticos de Lulo (S. quitoense Lam.).*

| MG           | $\bar{Y}_{ij}$ | $b_i$              | $Sd_i^2$            | $\hat{\bar{Y}}_{ij}$ |             |              |             |
|--------------|----------------|--------------------|---------------------|----------------------|-------------|--------------|-------------|
|              |                |                    |                     | Arboleda             | Cartago     | Tangua       | La Unión    |
| FMH1         | 8,95           | 1,05 <sup>ns</sup> | 1,55*               | 11,35                | 8,64        | 11,01        | 4,80        |
| FMH4         | 9,79           | 0,91 <sup>ns</sup> | -0,06 <sup>ns</sup> | 11,87                | 9,52        | 11,58        | 6,19        |
| FMH7         | 9,42           | 1,06 <sup>ns</sup> | 0,56 <sup>ns</sup>  | 11,85                | 9,11        | 11,51        | 5,23        |
| FMH22        | 8,12           | 0,68*              | 3,37*               | 9,68                 | 7,92        | 9,46         | 5,42        |
| FMH25        | 9,28           | 0,84 <sup>ns</sup> | 2,91*               | 11,19                | 9,03        | 10,93        | 5,96        |
| FMH28        | 8,81           | 1,02 <sup>ns</sup> | 0,80*               | 11,14                | 8,51        | 10,81        | 4,78        |
| FMH36        | 8,62           | 1,21 <sup>ns</sup> | 0,35 <sup>ns</sup>  | 11,40                | 8,26        | 11,01        | 3,82        |
| FMH45        | 7,29           | 0,92 <sup>ns</sup> | 1,27*               | 9,40                 | 7,02        | 9,10         | 3,65        |
| FMH46        | 9,41           | 1,25*              | 0,60 <sup>ns</sup>  | 12,26                | 9,03        | 11,86        | 4,47        |
| T (testigo)  | 8,30           | 1,06 <sup>ns</sup> | 2,00*               | 10,72                | 7,98        | 10,38        | 4,10        |
| <b>Media</b> | <b>8,80</b>    | <b>1,00</b>        |                     | <b>11,08</b>         | <b>8,50</b> | <b>10,77</b> | <b>4,84</b> |

Nota. ns = efectos no significativos al 95% de confiabilidad, \* = significancia o diferencias significativas al 95% de confiabilidad.

Finalmente, se obtienen los rendimientos estimados ( $\hat{\bar{Y}}_{ij}$ ) a través de la siguiente fórmula:

$$\hat{\bar{Y}}_{ij} = \bar{Y}_i + b_i I_j$$

$$\hat{\bar{Y}}_{11} = \bar{Y}_{1j} + b_1 I_1 = 8,95 + (1,05) \times (2,29) = \mathbf{11,35}$$

.

.

$$\hat{\bar{Y}}_{104} = \bar{Y}_{10j} + b_{10} I_4 = 8,30 + (1,06) \times (-3,96) = \mathbf{4,10}$$

Estos valores se observan en la Tabla 6.12. Con ellos se construyen las rectas de regresión ubicando en el eje de las abscisas los cuatro índices ambientales ( $I_j$ ) y en las ordenadas las medias ajustadas de cada variedad ( $\hat{Y}_{ij}$ ) (Figura 6.3).

De acuerdo con los resultados de los parámetros de estabilidad (Figura 6.4) se puede establecer lo siguiente:

Solo un MG de lulo, la FMH4, cumple con los parámetros de estabilidad (Cuadrante IV, Figura 6.4). Las demás pueden considerarse inestables.

FMH7, FMH28, FMH36 y FMH46 se ubican en el cuadrante III. Estos presentan una mejor respuesta en ambientes favorables. En el cuadrante II están FMH1 y el Testigo. Se caracterizan por tener baja estabilidad, rinden mejor en ambientes óptimos y presentan alta *IGA*. En el Cuadrante I, están FMH22, FMH25 y FMH45, de baja estabilidad y tienden a rendir mejor en ambientes pobres (Tabla 6.12; Figura 6.4).

La variedad ideal es aquella que presenta un coeficiente de regresión ( $\beta$ ) del rendimiento respecto al índice ambiental igual a uno, y además presenta un alto rendimiento. Esta variedad responde mejor que las demás variedades, tanto en ambientes desfavorables como en ambientes favorables.

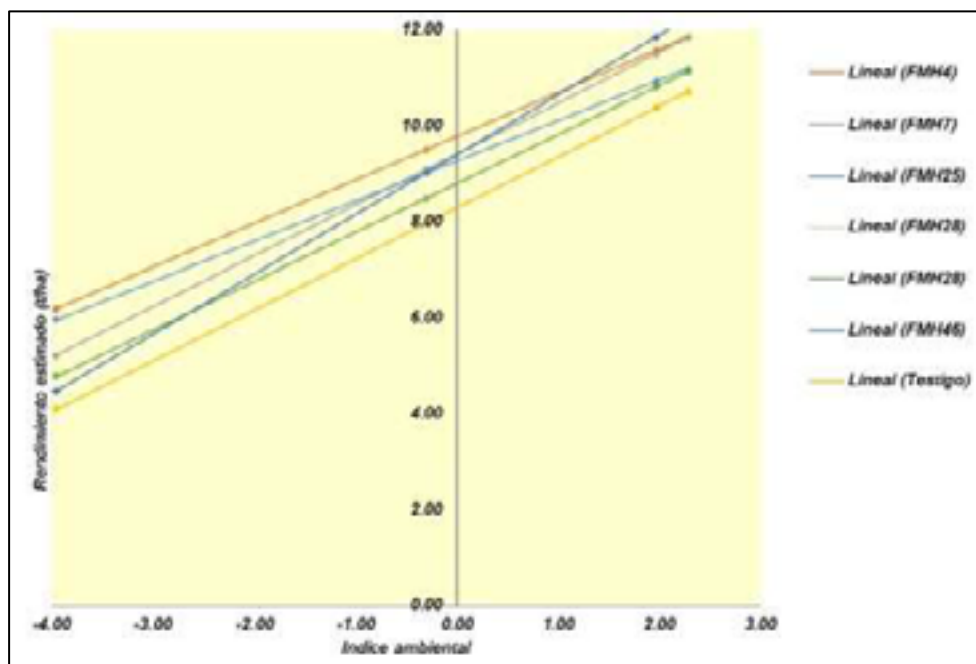


**Figura 6.3.** Estabilidad de Genotipos Acorde con el Parámetro de Regresión del Rendimiento Respecto al Índice Ambiental.

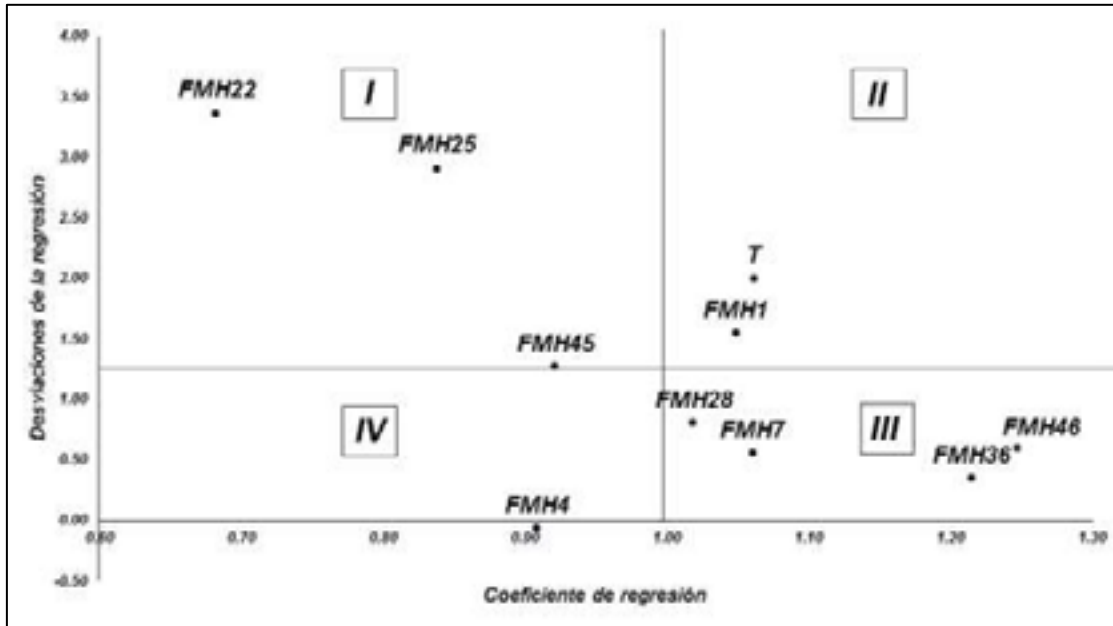


**Figura 6.4.** Distribución de los Materiales Genéticos de Lulo (*S. quitoense* Lam.) en los Cuadrantes Formados Entre las Desviaciones de Regresión ( $Sd_i^2$ ) y los Coeficientes de Regresión ( $\beta_i$ ).

Según los parámetros de estabilidad de EHR1966, la estabilidad de los materiales genéticos puede clasificarse de la siguiente manera:

| Categoría | $b_i$ | $Sd_i^2$ | Adaptabilidad                                              | MG de lulo           |
|-----------|-------|----------|------------------------------------------------------------|----------------------|
| 1         | 1     | 0        | Estable                                                    | FMH4, FMH7, FMH36    |
| 2         | 1     | >0       | Responde bien en todos los ambientes, pero es impredecible | FMH1, Testigo, FMH28 |
| 3         | <1    | 0        | Responde bien en ambientes desfavorables y predecible      |                      |
| 4         | <1    | >0       | Responde bien en ambientes desfavorables e impredecible    | FMH22, FMH25, FMH45  |
| 5         | >1    | 0        | Responde bien en ambientes favorables y predecible         | FMH46                |
| 6         | >1    | >0       | Responde bien en ambientes favorables e impredecible       |                      |

De acuerdo con Ceballos (1997), a continuación, se describe el procedimiento para obtener dicho ANDEVA de ER1966, a través de SAS:

```
DATA B;
INPUT LOC$ VARIEDAD$ REP RINDE;
Cards;
Arboleda FMH1 1 9.58
```

Arboleda FMH1 2 10.33  
Arboleda FMH1 3 9.66  
Arboleda FMH1 4 10.71  
Arboleda FMH4 1 11.17  
Arboleda FMH4 2 12.56  
Arboleda FMH4 3 10.67  
Arboleda FMH4 4 10.9  
Arboleda FMH7 1 10.49  
Arboleda FMH7 2 11.7  
Arboleda FMH7 3 10.93  
Arboleda FMH7 4 10.59  
Arboleda FMH22 1 11.15  
Arboleda FMH22 2 11.5  
Arboleda FMH22 3 10.4  
Arboleda FMH22 4 10.72  
Arboleda FMH25 1 13.74  
Arboleda FMH25 2 13.24  
Arboleda FMH25 3 14.03  
Arboleda FMH25 4 10.76  
Arboleda FMH28 1 13.91  
Arboleda FMH28 2 12.83  
Arboleda FMH28 3 11.14  
Arboleda FMH28 4 11.03  
Arboleda FMH36 1 10.87  
Arboleda FMH36 2 13.17  
Arboleda FMH36 3 12.72  
Arboleda FMH36 4 12.11  
Arboleda FMH45 1 8.68  
Arboleda FMH45 2 9.52  
Arboleda FMH45 3 8.06  
Arboleda FMH45 4 6.82  
Arboleda FMH46 1 12.61  
Arboleda FMH46 2 13.06  
Arboleda FMH46 3 13.03  
Arboleda FMH46 4 11.84  
Arboleda T 1 10.47  
Arboleda T 2 10.35  
Arboleda T 3 9.12  
Arboleda T 4 7.22  
Cartago FMH1 1 10.12  
Cartago FMH1 2 10.84  
Cartago FMH1 3 9.94  
Cartago FMH1 4 8.63  
Cartago FMH4 1 9.43  
Cartago FMH4 2 9.97  
Cartago FMH4 3 10.15  
Cartago FMH4 4 8.8  
Cartago FMH7 1 9.82  
Cartago FMH7 2 8.87

Cartago FMH7 3 8.68  
Cartago FMH7 4 8.98  
Cartago FMH22 1 9.27  
Cartago FMH22 2 9.33  
Cartago FMH22 3 8.51  
Cartago FMH22 4 9.32  
Cartago FMH25 1 9.88  
Cartago FMH25 2 8.04  
Cartago FMH25 3 9.74  
Cartago FMH25 4 8.57  
Cartago FMH28 1 6.06  
Cartago FMH28 2 9.56  
Cartago FMH28 3 10  
Cartago FMH28 4 7.67  
Cartago FMH36 1 7.55  
Cartago FMH36 2 8.86  
Cartago FMH36 3 6.63  
Cartago FMH36 4 7.35  
Cartago FMH45 1 7.16  
Cartago FMH45 2 6.94  
Cartago FMH45 3 6.38  
Cartago FMH45 4 6.39  
Cartago FMH46 1 9.21  
Cartago FMH46 2 8.7  
Cartago FMH46 3 6.63  
Cartago FMH46 4 6.83  
Cartago T 1 8.55  
Cartago T 2 6.72  
Cartago T 3 8.28  
Cartago T 4 7.66  
Tangua FMH1 1 12.05  
Tangua FMH1 2 9.51  
Tangua FMH1 3 14.6  
Tangua FMH1 4 10.19  
Tangua FMH4 1 12.56  
Tangua FMH4 2 9.17  
Tangua FMH4 3 14.69  
Tangua FMH4 4 11.99  
Tangua FMH7 1 16.06  
Tangua FMH7 2 10.2  
Tangua FMH7 3 11.04  
Tangua FMH7 4 12.68  
Tangua FMH22 1 7.3  
Tangua FMH22 2 9.38  
Tangua FMH22 3 6.67  
Tangua FMH22 4 6.23  
Tangua FMH25 1 9.94  
Tangua FMH25 2 8  
Tangua FMH25 3 9.47

Tangua FMH25 4 8.86  
Tangua FMH28 1 11.25  
Tangua FMH28 2 9.58  
Tangua FMH28 3 9.12  
Tangua FMH28 4 9.16  
Tangua FMH36 1 12.51  
Tangua FMH36 2 9.92  
Tangua FMH36 3 9.3  
Tangua FMH36 4 10.51  
Tangua FMH45 1 11.34  
Tangua FMH45 2 11.21  
Tangua FMH45 3 11.59  
Tangua FMH45 4 7.76  
Tangua FMH46 1 13.14  
Tangua FMH46 2 11.68  
Tangua FMH46 3 10.1  
Tangua FMH46 4 13.86  
Tangua T 1 13.09  
Tangua T 2 10.31  
Tangua T 3 10.78  
Tangua T 4 13.84  
LaUnion FMH1 1 4.08  
LaUnion FMH1 2 4.41  
LaUnion FMH1 3 3.4  
LaUnion FMH1 4 5.13  
LaUnion FMH4 1 7.9  
LaUnion FMH4 2 7.17  
LaUnion FMH4 3 4.55  
LaUnion FMH4 4 4.93  
LaUnion FMH7 1 7.51  
LaUnion FMH7 2 3.77  
LaUnion FMH7 3 5.46  
LaUnion FMH7 4 4.01  
LaUnion FMH22 1 4.75  
LaUnion FMH22 2 7.66  
LaUnion FMH22 3 4.03  
LaUnion FMH22 4 3.69  
LaUnion FMH25 1 7  
LaUnion FMH25 2 7.53  
LaUnion FMH25 3 4.6  
LaUnion FMH25 4 5.06  
LaUnion FMH28 1 5.05  
LaUnion FMH28 2 4.06  
LaUnion FMH28 3 4.5  
LaUnion FMH28 4 6.02  
LaUnion FMH36 1 3.41  
LaUnion FMH36 2 4.24  
LaUnion FMH36 3 4.75  
LaUnion FMH36 4 4.06

```

LaUnion FMH45 1 4.65
LaUnion FMH45 2 3.87
LaUnion FMH45 3 2.64
LaUnion FMH45 4 3.64
LaUnion FMH46 1 5.21
LaUnion FMH46 2 6.95
LaUnion FMH46 3 3.46
LaUnion FMH46 4 4.18
LaUnion T 1 5.37
LaUnion T 2 3.4
LaUnion T 3 4.01
LaUnion T 4 3.58
;
PROC ANOVA;
CLASS LOC VARIEDAD REP ;
MODEL RINDE= LOC VARIEDAD LOC*VARIEDAD ;
PROC MEANS DATA=B ;
VAR RINDE ;
OUTPUT OUT= TOT MEAN= GLOBAL ;
PROC SUMMARY DATA= B ORDER= DATA ;
VAR RINDE ;
CLASS LOC VARIEDAD ;
OUTPUT OUT= SAL MEAN = RINDE ;
PROC PRINT DATA= SAL ;
DATA REG2 REG3 ; SET SAL;
IF _TYPE_ = 2 THEN OUTPUT REG2 ; ELSE
IF _TYPE_ = 3 THEN OUTPUT REG3 ; ELSE
Data = SAL;
DATA REG2 ;
IF _N_=1 THEN SET TOT ;
SET REG2 ;
INDEX = RINDE-GLOBAL;
KEEP LOC INDEX ;
PROC PRINT ;
PROC SORT DATA = REG2 ; BY LOC ;
PROC SORT DATA = REG3 ; BY LOC ;
DATA REG3; MERGE REG2 REG3;
BY LOC ;
X0= 1 ;
PROC SORT ;
BY VARIEDAD ;
PROC ANOVA ;
CLASS LOC VARIEDAD ;
MODEL RINDE = LOC VARIEDAD LOC*VARIEDAD ;
PROC REG ; BY VARIEDAD ;
MODEL RINDE = X0 INDEX / NOINT P SEQB SS1 SS2 ;
OUTPUT OUT = NEW PREDICTED=PRED RESIDUAL=RES ;
PROC PLOT ; BY VARIEDAD ;
PLOT RES*INDEX / VREF=0 ;

```



```

PROC REG DATA = REG3 ;
MODEL RINDE = X0 INDEX / NOINT P SEQB SS1 SS2 ;
OUTPUT OUT = NEW PREDICTED=PRED RESIDUAL=RES ;
PROC PLOT ;
PLOT RES*INDEX / VREF = 0 ;
Quit;
DATA a;
INPUT LOC GEN REP RTO ;
Cards;
Van los datos
;
PROC ANOVA ;
CLASS LOC GEN REP ;
MODEL RTO= LOC GEN LOC* GEN;
      NOTA: Procedimiento para obtener un ANDEVA del que sólo interesa el
      cuadrado medio del error.
PROC MEANS DATA=a;
VAR RTO;
OUTPUT OUT= TOT MEAN GLOBAL;
      NOTA: Para obtener la media general ('global') del experimento que luego
      permitirá el cálculo de los índices ambientales de cada localidad.
PROC SUMMARY DATA= AN ORDER= DATA;
VAR RTO;
CLASS LOC GEN;
OUTPUT OUT= SAL MEAN = RTO;
      NOTA: Este procedimiento produce todos los tipos de medias posibles, las
      que son identificadas por '_TYPE_', de la siguiente manera 'C':
      _TYPE_ 0 = la media general (Y..)
      _TYPE_ 1= medias de la clase listada primero desde el extremo derecho del
      comando class: CLASS LOC GEN: (Yi.)
      _TYPE_ 2= medias de la clase listada segunda desde el extremo derecho del
      comando class: CLASS LOC VGEN: (Y.j)
      _TYPE_ 3 = la media de cada GEN en cada LOC (Yij)
PROC PRINT DATA= SAL ;
DATA REG2 REG3 ; SET SAL;
IF _TYPE_ = 2 THEN OUTPUT REG2 ; ELSE
IF _TYPE_ = 3 THEN OUTPUT REG3 ; ELSE
Data = SAL;
DATA REG2 ;
      NOTA: Se producen dos 'sets'; de datos:
      REG2: Contiene las medias de LOC (_TYPE_2)
      REG3: Contiene las medias de cada VARIEDAD por LOC (_TYPE_3)

IF _N_=1 THEN SET TOT ;
SET REG2;
INDEX = RTO - GLOBAL;

      NOTA: En el archivo REG2 (medias de cada localidad) se realiza la
      substracción: media loc - media general para obtener los índices ambientales
      de cada localidad.

KEEP LOC INDEX;
PROC PRINT;
PROC SORT DATA = REG2; BY LOC;
PROC SORT DATA = REG3; BY LOC;
DATA REG3; MERGE REG2 REG3;

```

**NOTA:** Se juntan los 'sets' de datos REG2 y REG3 de modo que la media de cada variedad en cada localidad ( $Y_{ij}$ ) estará ahora acompañada por el índice ambiental correspondiente.

BY LOC;  
X0= 1;

**NOTA:** Crea una variable necesaria para el análisis de regresión.

PROC SORT; BY GEN;  
PROC ANOVA;  
CLASS LOC GEN;  
MODEL RTO = LOC GEN LOC\*GEN;

**NOTA:** Este es el análisis de varianza más importante. Se extraen las sumas de cuadrados TOTAL, VARIEDAD, AMB(LINEAR) y [LOC + LOC\*VARIEDAD].

PROC REG; BY GEN;  
MODEL RTO = X0 INDEX / NOINT P SEQB SS1 SS2;  
OUTPUT OUT = NEW PREDICTED=PRED RESIDUAL=RES;  
PROC PLOT; BY GEN;  
PLOT RES\*INDEX / VREF=0;

**NOTA:** Análisis de regresión del que se obtiene para cada variedad (VER IMPRESO F):

- media a través de ambientes.
- coeficiente de regresión.
- desviaciones de la regresión ( $S_{di2}$ )
- suma de cuadrados [LOC + LOC\*VARIEDAD], la que sumada a través de variedades produce la suma de cuadrados equivalente.

PROC REG DATA = REG3;  
MODEL RTO = X0 INDEX / NOINT P SEQB SS1 SS2;  
OUTPUT OUT = NEW PREDICTED=PRED RESIDUAL=RES;  
PROC PLOT;  
PLOT RES\*INDEX / VREF = 0;

**NOTA:** Esta porción del análisis no es tan importante. Debe producir un coeficiente de regresión  $b=1.0$ . Además, la suma de cuadrados debida a INDEX aquí debe ser equivalente a la suma de cuadrados AMB+(LINEAR).

## Modelo de Perkins & Jinks (1968)

ER1966 propusieron el siguiente modelo:

$$Y_{ij} = \mu + d_i + a_j + g_{ij} + e_{ij}$$

Donde:  $Y_{ij}$  = comportamiento de el i-ésimo genotipo en el j-ésimo ambiente,  $\mu$  = media general de todos los genotipos y ambientes,  $d_i$  = contribución genética aditiva del i-ésimo genotipo,  $a_j$  = contribución ambiental aditiva del ambiente j-ésimo,  $g_{ij}$  = interacción genotipo-ambiental de la i-ésima línea en el j-ésimo ambiente,  $e_{ij}$  = error experimental del i-ésimo en el j-ésimo ambiente.

Se considera que  $d_i$ ,  $a_j$  y  $g_{ij}$  son de efectos fijos. Así que  $\sum d_i = 0$ ,  $\sum a_j = 0$  y  $\sum g_{ij} = 0$ .

Según ER1966, estos efectos se pueden calcular así:

$$\mu = \frac{Y_{..}}{ln}; \text{ donde: } l = \text{ambientes}, n = \text{genotipos}$$

$$\mu = \frac{Y_{..}}{ln} = \frac{10,07 + \dots + 4,09}{10 \times 4} = \frac{351,95}{40} = 8,80$$

$$d_i = \frac{Y_{i.}}{l} - \mu$$

$$e_j = \frac{Y_{.j}}{n} - \mu$$

$$g_{ij} = Y_{ij} - \mu - d_i - a_j$$

Los valores de los efectos antes descritos se observan en las Tablas 6.3 y 6.5. ER1966 definieron que  $g_{ij} = b_i a_j + \delta_{ij}$ , donde  $\delta_{ij}$  es la desviación de la regresión del i-ésimo genotipo en el j-ésimo ambiente.

$$\sum \delta_{ij}^2 = \left[ \sum Y_{ij}^2 - \frac{Y_{i.}^2}{n} \right] - \frac{(\sum Y_{ij} I_j)^2}{\sum I_j^2}$$

Luego, el modelo ER1966, quedaría de la siguiente manera:

$$Y_{ij} = \mu + d_i + a_j + b_i a_j + \delta_{ij} + e_{ij}$$

$$Y_{ij} = \mu + d_i + a_j(1 + b_i) + \delta_{ij} + e_{ij}$$

### Parámetros de estabilidad

Perkins & Jinks (1968) también consideran al coeficiente de regresión y a la desviación de regresión como parámetros de estabilidad; aunque se diferencia del modelo ER1966 en que el coeficiente de regresión se da en función de la *IGA* sobre el índice ambiental.

Entonces: la regresión ( $a_j + g_{ij}$ ) se establece en función de  $a_j$ . De aquí se tiene que la regresión de  $a_j$  sobre  $a_j$  es igual a uno, y la regresión de  $g_{ij}$  en función de  $a_j$  es igual a  $\beta_i$ , luego el valor de  $b_i$  de ER1966 es igual a  $b_i = 1 + \beta_i$ , por lo tanto,  $\beta_i = b_i - 1$ . A partir de los  $b_i$  de la Tabla 6.12, se obtienen  $\beta_i$  para cada MG de lulo, por ejemplo, para FMH1,  $\beta_i = 1,05 - 1 = 0,05$ . Los demás  $\beta_i$  se listan a continuación:

| MG    | $\beta_i$ | tc      | MG          | $\beta_i$ | tc                  |
|-------|-----------|---------|-------------|-----------|---------------------|
| FMH1  | 0,05      | 0,88ns  | FMH28       | 0,02      | 0,34 <sup>ns</sup>  |
| FMH4  | -0,09     | -1,66ns | FMH36       | 0,21      | 3,90 <sup>ns</sup>  |
| FMH7  | 0,06      | 1,10ns  | FMH45       | -0,08     | -1,43 <sup>ns</sup> |
| FMH22 | -0,32     | -5,77*  | FMH46       | 0,25      | 4,48*               |
| FMH25 | -0,16     | -2,95ns | T (testigo) | 0,06      | 1,11 <sup>ns</sup>  |

Nota. ns = efectos no significativos al 95% de confiabilidad, \* = significancia o diferencias significativas al 95% de confiabilidad.

La  $\sum \beta_i = 0,00$ . Para probar la hipótesis  $H_0: 1 + \beta_i = 1$ , se utiliza la prueba de t, de la siguiente manera:

$$tc = \frac{(1 + b_i) - 1,0}{Sb_i} = \frac{(1 + b_i) - 1,0}{\frac{\sqrt{CMr}}{\sum I_j^2}}; CMr = CM \text{ restante (Tabla 6.13)}$$

Ejemplo:

$$tc_{FMH1} = \frac{(1 + 1,05) - 1,0}{\frac{\sqrt{1,87}}{24,839}} = 0,88$$

### Regla de decisión

Si  $tc < tt$  (4,303, con  $\alpha = 0,05$  y  $l-2 = 4-2 = 2GL$ ) se acepta la  $H_0$ , y se concluye que el valor de  $1 + \beta_i = 1$ . De esta manera cumple con uno de los parámetros de estabilidad.

Las  $Sd_i^2$  son las mismas de ER1966, de tal manera que la clasificación relativa de los diferentes genotipos en este modelo no será diferente a la del modelo ER1966 (Singh & Chaudhary, 1985).

A partir de los datos de medias de la Tabla 6.3, el ANDEVA (Tabla 6.13) según Perkins & Jinks (1968), se construye de la siguiente manera:

*Grados de libertad (GL) de genotipos*

$$GL_g = n - 1 = 10 - 1 = \mathbf{9}$$

*GL de ambiente (regresión conjunta)*

$$GL_{a(rc)} = l - 1 = 4 - 1 = \mathbf{3}$$

*GL de genotipo por ambiente*

$$GL_{ga} = (n - 1)(l - 1) = 9 \times 3 = \mathbf{27}$$

*GL de heterogeneidad de regresiones*

$$GL_{hr} = n - 1 = 10 - 1 = \mathbf{9}$$

*GL restante*

$$GL_r = (n - 1) \times (l - 2) = 9 \times 2 = \mathbf{18}$$

*GL del error*

$$GL_e = ln(r - 1) = 4 \times 10 \times (4 - 1) = \mathbf{120}$$

*Factor de corrección (FC)*

$$FC = \frac{Y_{..}^2}{ln} = \frac{(351,94)^2}{4 \times 4} = \mathbf{3096,46}$$

*Suma de cuadrados (SC) de MG de lulo*

$$SC_g = \frac{Y_{i.}^2}{l} - FC = \frac{(35,80)^2 + \dots + (33,19)^2}{4} - 3096,46 = \mathbf{20,04}$$

*SC de ambiente (SC regresión conjunta)*

$$SC_{a(rc)} = \frac{Y_{.j}^2}{n} - FC = \frac{(110,85)^2 + \dots + (48,42)^2}{10} - 3096,46 = \mathbf{248,39}$$

Estos valores son similares a la SC de ambiente (linear) de ER1966.

### SC de genotipos por ambiente

$$SCga = \sum \sum Y_{ij}^2 - \frac{\sum Y_i^2}{l} - \frac{\sum Y_j^2}{n} + \frac{Y_{..}^2}{ln} = \sum \sum Y_{ij}^2 - FC - SCg - SCa(rc) \\ = (10,07)^2 + \dots + (4,09)^2 - 3096,46 - 20,04 - 248,39 = 40,17$$

### SC de heterogeneidad entre regresiones

$$SChr = \frac{\sum (\sum Y_{ij} I_j)^2}{\sum I_j^2} - SCa(rc) = \sum \beta_i^2 \sum I_j^1 \\ = [(0,05)^2 + \dots + (0,06)^2] \times [(2,29)^2 + \dots + (-3,96)^2] = 0,26 \times 24,84 \\ = 6,43$$

### SC restante

$$SCr = SCga - SChr = 40,17 - 6,43 = 33,74$$

La SC de heterogeneidad entre regresiones corresponde a la SC de genotipos por ambiente lineal G×A (linear) ( $SC_{(g \times a, L)}$ ) y la SC restante a la SC de desviaciones conjuntas ( $SC_{dc}$ ) de ER1966.

El cuadrado medio del error (CMe) se calcula a partir de la Tabla 6.8, así:

$$CMe = \frac{\frac{GLE_1(CMe_1) + \dots + GLE_j(CMe_j)}{GLE_1 + \dots + GLE_j}}{r}; j: 1, 2, \dots, l \text{ ambientes}$$

$$CMe = \frac{\frac{27 \times (0,71) + 27 \times (0,88) + 27 \times (2,72) + \dots + 27(1,33)}{27 + 27 + 27 + 27}}{4} = \frac{1,41}{4} = 0,35$$

### Tabla 6.13

ANDEVA de la Regresión Conjunta con Base en el Modelo de Estabilidad de Perkins & Jinks (1968) Aplicado a Diez Materiales Genéticos de Lulo (*S. quitoense* Lam.), Evaluados en Cuatro Ambientes de la Región Natural Andina del Departamento de Nariño.

| FV                               | GL  | SC     | CM    | Fc      | Ft ( $\alpha=0,05$ ) |
|----------------------------------|-----|--------|-------|---------|----------------------|
| Genotipos                        | 9   | 20,04  | 2,23  | 6,36*   | 1,96                 |
| Ambiente (regresión conjunta)    | 3   | 248,39 | 82,80 | 236,56* | 2,68                 |
| Genotipo por ambiente            | 27  | 40,17  | 1,49  | 4,25*   | 1,58                 |
| Heterogeneidad entre regresiones | 9   | 6,43   | 0,71  | 2,04*   | 1,96                 |
| Restante                         | 18  | 33,74  | 1,87  | 5,36*   | 1,69                 |
| Error                            | 120 |        | 0,35  |         |                      |

Nota: \* = significancia o diferencias significativas al 95% de confiabilidad.

El análisis de regresión conjunta (Tabla 6.13) indica que todas FV de este análisis son significativas frente al CM del error. Por lo tanto, hay diferencias estadísticas entre los materiales genéticos de lulo, entre los ambientes y efectos significativos en la IGA.

Una parte significativa de la IGA, correspondiente al CM de la heterogeneidad de regresión, es una función lineal de los valores ambientales, aunque es más pequeña que el CM restante, lo cual corrobora la significancia del efecto de la IGA.

### **Método de Huenh (1990)**

Según Huenh (1990a y b), las medidas no paramétricas para la estabilidad fenotípica basadas en rangos proporcionan una alternativa útil para las medidas paramétricas utilizadas con frecuencia en datos absolutos. Algunas ventajas de las estadísticas de estabilidad no paramétricas en comparación con las medidas paramétricas son:

1. Reducir e incluso evitar el sesgo causado por valores atípicos.
2. No se necesitan suposiciones sobre la distribución de los valores fenotípicos.
3. Los parámetros de estabilidad basados en rangos son fáciles de utilizar e interpretar.
4. Es probable que añadir o eliminar uno o varios genotipos u otra agrupación del material genético no cause grandes variaciones en las estimaciones, como sería el caso de los parámetros de la estabilidad paramétrica.
5. Los órdenes de rango de los genotipos son la información más esencial para muchas aplicaciones, por ejemplo, en programas de selección y pruebas agronómicas.

Un enfoque apropiado parece ser estimar la estabilidad fenotípica a partir de la información de rango.

Sea  $\bar{Y}_{ij}$  = valor fenotípico medio del i-ésimo genotipo en el j-ésimo

ambiente ( $i = 1, 2, \dots, n$ ;  $j = 1, 2, \dots, l$ ). En una tabla bidireccional con  $n$  filas (genotipos) y  $l$  columnas (ambientes), se clasifican los valores fenotípicos de  $n \times l$  dentro de cada columna = ambiente por separado (desde el valor de la media más baja = rango de 1 hasta el valor de la media más alta = rango de  $n$ ). Se denota al rango del genotipo  $i$  en el ambiente  $j$  como  $r_{ij}$ . En el caso de los materiales genéticos de lulo, los  $r_{ij}$  se presentan en la Tabla 6.14.

Huenh (1990) indica que un genotipo  $i$ -ésimo es estable en diferentes ambientes si sus rangos son similares a ambientes, es decir, estabilidad máxima = rangos iguales sobre los ambientes. Las estadísticas propuestas por este método miden la similitud o disimilitud de los rangos para cada fila = genotipo, las cuales se usan como un parámetro de estabilidad apropiado.

**Tabla 6.14**

Las Medias ( $\bar{Y}_{ij}$ ) y los Rangos ( $r_{ij}$ ) de Diez Materiales Genéticos (MG) de Lulo (*S. quitoense* Lam.), Evaluados en Cuatro Ambientes de La Región Natural Andina del Departamento de Nariño.

| MG      | $\bar{Y}_{ij}$ |         |        |          | $r_{ij}$ |         |        |          |
|---------|----------------|---------|--------|----------|----------|---------|--------|----------|
|         | Arboleda       | Cartago | Tangua | La Unión | Arboleda | Cartago | Tangua | La Unión |
| FMH1    | 10,07          | 9,88    | 11,59  | 4,26     | 8        | 1       | 5      | 7        |
| FMH4    | 11,33          | 9,59    | 12,10  | 6,14     | 5        | 2       | 3      | 1        |
| FMH7    | 10,93          | 9,09    | 12,50  | 5,19     | 7        | 4       | 1      | 3        |
| FMH22   | 10,94          | 9,11    | 7,40   | 5,03     | 6        | 3       | 10     | 4        |
| FMH25   | 12,94          | 9,06    | 9,07   | 6,05     | 1        | 5       | 9      | 2        |
| FMH28   | 12,23          | 8,32    | 9,78   | 4,91     | 3        | 6       | 8      | 6        |
| FMH36   | 12,22          | 7,60    | 10,56  | 4,12     | 4        | 9       | 6      | 8        |
| FMH45   | 8,27           | 6,72    | 10,48  | 3,70     | 9        | 10      | 7      | 10       |
| FMH46   | 12,64          | 7,84    | 12,20  | 4,95     | 2        | 7       | 2      | 5        |
| Testigo | 9,29           | 7,80    | 12,01  | 4,09     | 10       | 8       | 4      | 9        |

Las estadísticas propuestas por Huenh (1990), son las siguientes:

$$S_i^{(1)} = \frac{\sum_{j < j'} |r_{ij} - r_{ij'}|}{\frac{l(l-2)}{2}} = \frac{2 \sum_{j=1}^{l-1} \sum_{j'=j+1}^l |r_{ij} - r_{ij'}|}{l(l-1)} \quad (1)$$



Donde:  $S_i^{(1)}$  = medias de las diferencias de rango absolutas de un genotipo  $i$ -ésimo sobre los  $l$  ambientes.

$$S_i^{(2)} = \frac{\sum_{j=1}^l (r_{ij} - \bar{r}_{i.})^2}{l - 1} \quad (2)$$

Donde:  $S_i^{(2)}$  = varianza de los rangos del genotipo  $i$ -ésimo a través de todos los ambientes,  $\bar{r}_{i.}$  = esperanza de cada  $r_{ij}$  bajo la hipótesis de máxima estabilidad (= rangos iguales), entonces:  $\bar{r}_{i.} = \frac{\sum_{j=1}^l r_{ij}}{l}$ .

$$S_i^{(3)} = \frac{\sum_{j=1}^l |r_{ij} - \bar{r}_{i.}|}{\bar{r}_{i.}} \quad (3)$$

Donde:  $S_i^{(3)}$  = suma de las desviaciones absolutas de cada rango ( $r_{ij}$ ) en relación la máxima estabilidad expresada en  $\bar{r}_{i.}$  unidades (media de las clasificaciones).

Para un genotipo  $i$  con máxima estabilidad se obtiene que  $S_i^{(1)} = S_i^{(2)} = S_i^{(3)} = 0$ .

Dado que los genotipos se clasifican por separado dentro de cada ambiente, los efectos ambientales no tienen influencia sobre la estabilidad como se define en (1) y (3). Sin embargo, las diferencias entre los genotipos tendrían un efecto sobre las medidas de estabilidad y puede dar lugar a diferencias en estabilidad entre genotipos cuando de hecho no hay interacción genotipo-ambiente. Para evitar esta ambigüedad se puede corregir los valores  $\bar{Y}_{ij}$  para los efectos genotípicos estimados como  $(\bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{..})$ , donde:  $\bar{Y}_{i.}$  = media marginal del genotipo  $i$  y  $\bar{Y}_{..}$  = media general en la tabla  $n \times l$ . Las medidas de estabilidad (1) y (3) pueden calcularse ahora usando los rangos basados en valores de interacción genotipo por ambiente ( $ga_{ij}$ ), así:

$$ga_{ij} = \bar{Y}_{ij} - \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{.j} + \bar{Y}_{..}$$

Donde:  $\bar{Y}_{ij}$  = media del genotipo  $i$ -ésimo en el  $j$ -ésimo ambiente,  $\bar{Y}_{i.}$  = media del  $i$ -ésimo genotipo a través de todos los ambientes,  $\bar{Y}_{.j}$  = media del  $j$ -ésimo ambiente a través de todos los genotipos,  $\bar{Y}_{..}$  = media general del experimento.

### Pruebas de significancia

Uno de los puntos cruciales en el desarrollo de estos parámetros de estabilidad son las pruebas de significancia para: 1) probar la estabilidad de un solo genotipo y 2) establecer comparaciones entre las estabilidades entre genotipos. Con base en pruebas de significancia basadas en la distribución normal, se ha demostrado que para las medidas de estabilidad no paramétricas (1) y (2), se pueden tener medidas de Chi cuadrado, a partir de:

$$Z_i^{(m)} = \frac{[S_i^{(m)} - E(S_i^{(m)})]^2}{V(S_i^{(m)})}; \text{ con } m = 1, 2 \text{ (} = 1 \text{ para } S_i^{(1)} \text{ y } 2 = \text{ para } S_i^{(2)})$$

$$S^{(m)} = \sum_{i=1}^n Z_i^{(m)}, \quad m = 1, 2$$

Donde:  $i = 1, 2, \dots, n$  genotipos,  $E(S_i^{(m)})$  = esperanza (= media) de  $S_i^{(m)}$ ,  $V(S_i^{(m)})$  = varianza de  $S_i^{(m)}$  y  $S^{(m)}$  = prueba de chi-cuadrado ( $X_S^2$ ) con  $n-1$  grados de libertad.

Bajo la hipótesis nula de que todos los genotipos son igualmente estables, las medias  $E(S_i^{(m)})$  y las varianzas  $V(S_i^{(m)})$  pueden calcularse a partir de una distribución discreta uniforme (1, 2,...,n) mediante las siguientes fórmulas:

$$E(S_i^{(1)}) = \frac{(n^2 - 1)}{3n}; \text{ donde } n = \text{número de genotipos}$$

$$E(S_i^{(2)}) = \frac{(n^2 - 1)}{12}$$

$$V(S_i^{(1)}) = (n^2 - 1) \frac{[(n^2 - 4)(l + 3) + 30]}{45n^2l(l - 1)}; \text{ donde } l = \text{número de ambientes}$$

$$V(S_i^{(2)}) = (n^2 - 1) \frac{[2(n^2 - 4)(l - 1) + 5(n^2 - 1)]}{360l(l - 1)}$$

### Parametros de Estabilidad

A continuación, se calculan los parámetros de estabilidad no paramétrica  $S_i^{(1)}$ ,  $S_i^{(2)}$  y  $S_i^{(3)}$  con base en la Tabla 6.14. Los resultados se aprecian en la Tabla 6.15. Se toma como ejemplo, el cálculo de los parámetros para la FMH1:

$$S_1^{(1)} = \frac{\sum_{j < l} |r_{1j} - r_{1l}|}{\frac{l(l-1)}{2}} = \frac{|8-1| + |8-5| + \dots + |5-7|}{\frac{4 \times (4-1)}{2}} = \frac{23}{6} = 3,83$$

$$S_1^{(2)} = \frac{\sum_{j=1}^l (r_{1j} - \bar{r}_1)^2}{l-1} \Rightarrow \bar{r}_1 = \frac{\sum_{j=1}^l r_{1j}}{l} = \frac{8+1+5+7}{4} = \frac{21}{4} = 5,25$$

$$S_1^{(2)} = \frac{(8-5,25)^2 + (1-5,25)^2 + (5-5,25)^2 + (7-5,25)^2}{4-1} = \frac{28,75}{3} = 9,58$$

$$S_i^{(3)} = \frac{\sum_{j=1}^l |r_{ij} - \bar{r}_i|}{\bar{r}_i} = \frac{|8-5,25| + |1-5,25| + |5-5,25| + |7-5,25|}{5,25} = \frac{9,00}{5,25} = 1,71$$

De esta forma, se obtienen los estimados de  $S_i^{(1)}$ ,  $S_i^{(2)}$  y  $S_i^{(3)}$  para el resto de materiales genéticos de lulo (Tabla 6.15).

### Pruebas de Hipótesis

Para probar la  $H_0$  de que todos los genotipos son igualmente estables en los medios, primero se obtienen la media ( $E(S_i^{(1)})$ ) y la varianza ( $V(S_i^{(1)})$ ), así:

$$E(S_i^{(1)}) = \frac{(n^2 - 1)}{3n} = \frac{((10)^2 - 1)}{3 \times 10} = 3,30$$

$$V(S_i^{(1)}) = (n^2 - 1) \frac{[(n^2 - 4)(l + 3) + 30]}{45n^2l(l-1)} = ((10)^2 - 1) \frac{[((10)^2 - 4)(4 + 3) + 30]}{45 \times (10)^2 \times 4 \times (4-1)} = 1,287$$

**Tabla 6.15**

*Las Medidas de Estabilidad de Huenh (1990) de Diez Materiales Genéticos (MG) de Lulo (S. quitoense Lam.), Evaluados en Cuatro Ambientes de la Región Natural Andina del Departamento de Nariño.*

| <b>MG</b> | $\bar{Y}_{ij}$ | $\bar{r}_i$ | $S_i^{(1)}$ | $Z_i^{(1)}$  | $S_i^{(2)}$ | $Z_i^{(2)}$  | $S_i^{(3)}$ |
|-----------|----------------|-------------|-------------|--------------|-------------|--------------|-------------|
| FMH1      | 8,95           | 5,25        | 3,83        | 0,221        | 9,58        | 0,072        | 1,71        |
| FMH4      | 9,79           | 2,75        | 2,17        | 0,998        | 6,25        | 0,163        | 1,82        |
| FMH7      | 9,42           | 3,75        | 3,17        | 0,014        | 6,75        | 0,092        | 1,87        |
| FMH22     | 8,12           | 5,75        | 3,83        | 0,221        | 8,25        | 0,000        | 1,57        |
| FMH25     | 9,28           | 4,25        | 4,50        | 1,119        | 11,08       | 0,327        | 2,59        |
| FMH28     | 8,81           | 5,75        | 2,50        | 0,497        | 9,08        | 0,028        | 0,96        |
| FMH36     | 8,62           | 6,75        | 2,83        | 0,169        | 12,08       | 0,599        | 1,04        |
| FMH45     | 7,29           | 9,00        | 1,67        | 2,073        | 20,85       | 6,473        | 0,44        |
| FMH46     | 9,41           | 4,00        | 3,00        | 0,070        | 4,02        | 0,729        | 2,00        |
| Testigo   | 8,30           | 7,75        | 3,17        | 0,014        | 13,58       | 1,159        | 0,97        |
| $X_c^2$   |                |             |             | <b>5,396</b> |             | <b>9,642</b> |             |

Nota:  $X_t^2(\alpha = 0,05; 9GL) = 16,919$ ;  $X_t^2(\alpha = 0,05; 1GL) = 3,841$

$$Z_1^{(1)} = \frac{[S_1^{(1)} - E(S_i^{(1)})]^2}{V(S_i^{(1)})} = \frac{[3,83 - 3,30]^2}{1,287} = 0,221$$

Y así, sucesivamente, para los demás.

### **Chi cuadrado ( $X_c^2$ )**

$$X_c^2 = S^{(1)} = \sum_{i=1}^n Z_i^{(1)} = 0,221 + 0,998 + \dots + 0,014 = 5,396$$

Con esta prueba global basada en  $X_c^2 = S^{(1)}$  con grados n-1 grados de libertad se puede decidir si existen o no diferencias significativas en la estabilidad entre los genotipos. Para probar la estabilidad de la expresión de un solo genotipo i, se puede aplicar  $Z_i^{(m)}$  en forma de una prueba de chi cuadrada con un grado de libertad, y en este caso, se pueden tomar decisiones comparando con  $X_t^2(\alpha = 0,05; 1GL) = 3,841$ .

Como  $X_c^2 < X_t^2(\alpha = 0,05; 9GL) = 16,919$ , se acepta la  $H_0$ , y se concluye que no existen diferencias en la estabilidad entre los materiales genéticos de lulo.

Ahora, para el segundo parámetro;

$$E(S_i^{(2)}) = \frac{(n^2 - 1)}{12} = \frac{((10)^2 - 1)}{12} = 8,25$$

$$\begin{aligned} V(S_i^{(2)}) &= (n^2 - 1) \frac{[2(n^2 - 4)(l - 1) + 5(n^2 - 1)]}{360l(l - 1)} \\ &= ((10)^2 - 1) \frac{[2((10)^2 - 4)(4 - 1) + 5((10)^2 - 1)]}{360 \times 4 \times (4 - 1)} = 99 \times \frac{[2 \times 96 \times 3 + 495]}{4320} \\ &= 99 \times \frac{1647}{4320} = 24,54 \end{aligned}$$

$$Z_1^{(2)} = \frac{[S_1^{(2)} - E(S_i^{(1)})]^2}{V(S_i^{(1)})} = \frac{[3,83 - 3,30]^2}{1,287} = 0,221$$

$$X_c^2 = 0,072 + 0,163 + \dots + 1,159 = 9,642$$

Se corrobora lo del primer parámetro, como  $X_c^2 < X_t^2$  ( $\alpha = 0,05$ ;  $9GL$ ) = 16,919, se acepta la  $H_0$ , y se concluye que no existen diferencias en la estabilidad entre los materiales genéticos de lulo respecto a  $Z_1^{(2)}$ . Sin embargo, los valores de estabilidad que se acercan a cero, acompañados de las medias altas de RTO, serían los genotipos de mejor comportamiento, tal es el caso de FMH4, FM7 y FMH46.

También se puede considerar el análisis a partir de los efectos de  $IGA$  ( $ga_{ij}$ ), aunque los rangos de las interacciones no están relacionados con una media del desempeño de los genotipos. Con base en los valores de  $ga_{ij} = \bar{Y}_{ij} - \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{.j} + \bar{Y}_{..}$ , que ya habían sido obtenidos anteriormente (Tabla 6.5), se clasifican en rangos (Tabla 6.16) tomando un valor de uno o el más cercano a uno y el máximo valor al más alejado a cero. A partir de estos rangos, se obtiene los parámetros de estabilidad de Huenh (1990), los que se observan en la Tabla 6.17.

**Tabla 6.16**

Efectos de IGA ( $\widehat{ga}_{ij}$ ) y los Rangos ( $r_{ij}$ ) de Diez Materiales Genéticos (MG) de Lulo (S. quitoense Lam.) Evaluados en Cuatro Ambientes de la Región Natural Andina del Departamento de Nariño.

| MG      | $\widehat{ga}_{ij}$ |         |        |          | $r_{ij}$ |         |        |          |
|---------|---------------------|---------|--------|----------|----------|---------|--------|----------|
|         | Arboleda            | Cartago | Tangua | La Unión | Arboleda | Cartago | Tangua | La Unión |
| FMH1    | -1,17               | 1,23    | 0,67   | -0,74    | 5        | 8       | 3      | 9        |
| FMH4    | -0,75               | 0,10    | 0,35   | 0,31     | 2        | 3       | 2      | 4        |
| FMH7    | -0,78               | -0,04   | 1,10   | -0,28    | 3        | 1       | 6      | 3        |
| FMH22   | 0,54                | 1,29    | -2,69  | 0,87     | 1        | 10      | 10     | 10       |
| FMH25   | 1,38                | 0,08    | -2,18  | 0,72     | 9        | 2       | 9      | 8        |
| FMH28   | 1,13                | -0,19   | -1,00  | 0,05     | 6        | 4       | 5      | 1        |
| FMH36   | 1,31                | -0,73   | -0,03  | -0,55    | 8        | 7       | 1      | 7        |
| FMH45   | -1,31               | -0,28   | 1,22   | 0,37     | 8        | 6       | 7      | 5        |
| FMH46   | 0,94                | -1,27   | 0,82   | -0,50    | 4        | 9       | 4      | 6        |
| Testigo | -1,29               | -0,20   | 1,74   | -0,25    | 7        | 5       | 8      | 2        |

De acuerdo con los valores de Chi cuadrado calculado, se acepta la  $H_0$  para las medidas de estabilidad  $S_i^{(1)}$  y  $S_i^{(2)}$ , se concluye que no existen diferencias entre los MG de lulo respecto a estos parámetros.

Tendiendo en cuenta los tres parámetros (incluyendo  $S_i^{(3)}$ ) se puede establecer que los genotipos de mejor desempeño son FMH4, FMH7 y FMH46, porque además de tener los mejores rendimientos, los tres parámetros de estabilidad se acercan a cero.

**Tabla 6.17**

Las Medidas de Estabilidad de Huenh (1990) con Base en los Efectos de IGA de Diez Materiales Genéticos (Mg) de Lulo (S. quitoense Lam.), Evaluados en Cuatro Ambientes de la Región Natural Andina del Departamento de Nariño.

| MG      | $\bar{Y}_{ij}$ | $\bar{r}_i$ | $S_i^{(1)}$ | $Z_i^{(1)}$  | $S_i^{(2)}$ | $Z_i^{(2)}$   | $S_i^{(3)}$ |
|---------|----------------|-------------|-------------|--------------|-------------|---------------|-------------|
| FMH1    | 8,95           | 6,25        | 3,50        | 0,031        | 7,58        | 0,018         | 1,44        |
| FMH4    | 9,79           | 2,75        | 1,17        | 3,536        | 0,92        | 2,191         | 1,09        |
| FMH7    | 9,42           | 3,25        | 2,50        | 0,497        | 4,25        | 0,652         | 1,69        |
| FMH22   | 8,12           | 7,75        | 4,50        | 1,119        | 20,25       | 5,867         | 1,74        |
| FMH25   | 9,28           | 7,00        | 3,67        | 0,104        | 11,33       | 0,387         | 1,43        |
| FMH28   | 8,81           | 4,00        | 2,67        | 0,312        | 4,67        | 0,523         | 1,50        |
| FMH36   | 8,62           | 5,75        | 3,50        | 0,031        | 10,25       | 0,163         | 1,65        |
| FMH45   | 7,29           | 6,50        | 1,67        | 2,073        | 1,67        | 1,766         | 0,62        |
| FMH46   | 9,41           | 5,75        | 2,83        | 0,169        | 5,58        | 0,290         | 1,22        |
| Testigo | 8,30           | 5,50        | 3,33        | 0,001        | 7,00        | 0,064         | 1,45        |
| $X_c^2$ |                |             |             | <b>7,874</b> |             | <b>11,921</b> |             |

Nota:  $X_t^2(\alpha = 0,05; 9GL) = 16,919$ ;  $X_t^2(\alpha = 0,05; 1GL) = 3,841$

## Método de Annicchiarico (1992)

Annicchiarico (1992) planteó clasificar los ambientes en subregiones y recomendar cultivares dentro de cada subregión. Entonces, las medias de cada ambiente se expresan primero como valores porcentuales de la media de general de todos los ambientes.

La media y la estabilidad de un cultivar  $i$ -ésimo en una determinada subregión se calculan como la media  $Y_i$  y la desviación estándar  $S_i$  de sus valores porcentuales en cada uno de los ambientes clasificados. En estos se aplica el índice  $I_i$  como una medida de adaptabilidad y estabilidad, que representa la estimación del rendimiento más bajo, expresado como porcentaje de la media ambiental, obtenido con una probabilidad  $1-\alpha$ , por el cultivar  $i$ -ésimo:

$$I_i = Y_i - Z_{(1-\alpha)}S_i$$

La media y la estabilidad de un cultivar  $i$ -ésimo en una determinada subregión se calculan como la media  $Y_i$  y la desviación estándar  $S_i$  de sus valores porcentuales en cada uno de los ambientes clasificados. En estos se aplica el índice  $I_i$  como una medida de adaptabilidad y estabilidad, que representa la estimación del rendimiento más bajo, expresado como porcentaje de la media ambiental, obtenido con una probabilidad  $1-\alpha$ , por el cultivar  $i$ -ésimo:

$$I_i = Y_i - Z_{(1-\alpha)}S_i$$

$Z_{(1-\alpha)}$  es el percentil de la distribución normal estándar para que la función de distribución acumulada alcance el valor  $1-\alpha$ . En ausencia de información clara sobre las preferencias de riesgo de los agricultores en la región, un alfa de 0,25 se considera razonable. Por lo tanto, la probabilidad ( $p$ ) sería de 0,75, para la cual el valor de  $Z$  en prueba de dos colas sería de 0,674 (obtenido de tablas de  $Z$  o por la función de Excel =INV.NORM. ESTAND (0,75))

Para cada genotipo, el valor medio representa el rendimiento que se puede esperar en el 50 por ciento de los casos (es decir,  $p = 0,50$ ). Las decisiones sobre este valor indican una total indiferencia al riesgo. Por el contrario, decisiones basadas en el rendimiento más bajo esperado en un gran número de casos (por ejemplo, 95%, es decir,  $p = 0,95$ ) están impulsados por la preocupación por eventos desastrosos (es decir, marcada aversión al riesgo), con poca consideración para la respuesta de

rendimiento promedio. Los valores de  $p$  pueden variar entre 0,95 para agricultura de subsistencia en regiones agrícolas desfavorables a 0,70 para agricultura moderna (Annicchiarico, 2002).

Para aplicar esta metodología en el experimento de lulo (*S. quitoense* Lam.), se siguió lo planteado por Cruz *et al.* (2014).

### Medias porcentuales ( $Y_i$ )

$$Y_{ij} = \frac{100\bar{Y}_{ij}}{\bar{Y}_j}$$

Ejemplo: para FMH1 en Arboleda

$$Y_{11} = \frac{100 \times 10,07}{11,08} = 90,85\%$$

Los demás valores porcentuales de los  $\bar{Y}_{ij}$  se observan en la Tabla 6.18.

### Clasificación de ambientes

El primer ambiente, que se llamará general (G), son las cuatro localidades (Arboleda, Cartago, Tangua y La Unión).

El segundo ambiente está conformado por localidades favorables (F) con índices ambientales positivos, como Arboleda y Tangua.

El tercer ambiente estará formado por las localidades desfavorables (D), en este caso, las que obtuvieron un índice ambiental negativo, como son Cartago y La Unión.



**Tabla 6.18**

*Las Medias Originales y Porcentuales Obtenidas por Diez Materiales Genéticos de Lulo (S. quitoense Lam.), en Cuatro Localidades de la Región Andina del Departamento de Nariño.*

| MG           | Medias originales ( $\bar{Y}_{ij}$ ) |              |              |              | Medias porcentuales ( $Y_{ij}$ ) |         |        |         |
|--------------|--------------------------------------|--------------|--------------|--------------|----------------------------------|---------|--------|---------|
|              | Arboleda                             | Cartago      | Tangua       | L.Unión      | Arboleda                         | Cartago | Tangua | L.Unión |
| FMH1         | 10,07                                | 9,88         | 11,59        | 4,26         | 90,85                            | 116,26  | 107,63 | 87,87   |
| FMH4         | 11,33                                | 9,59         | 12,10        | 6,14         | 102,17                           | 112,79  | 112,41 | 126,75  |
| FMH7         | 10,93                                | 9,09         | 12,50        | 5,19         | 98,58                            | 106,91  | 116,06 | 107,13  |
| FMH22        | 10,94                                | 9,11         | 7,40         | 5,03         | 98,72                            | 107,14  | 68,69  | 103,93  |
| FMH25        | 12,94                                | 9,06         | 9,07         | 6,05         | 116,76                           | 106,55  | 84,22  | 124,89  |
| FMH28        | 12,23                                | 8,32         | 9,78         | 4,91         | 110,31                           | 97,91   | 90,82  | 101,35  |
| FMH36        | 12,22                                | 7,60         | 10,56        | 4,12         | 110,22                           | 89,38   | 98,09  | 84,98   |
| FMH45        | 8,27                                 | 6,72         | 10,48        | 3,70         | 74,61                            | 79,02   | 97,30  | 76,41   |
| FMH46        | 12,64                                | 7,84         | 12,20        | 4,95         | 113,99                           | 92,26   | 113,27 | 102,23  |
| Testigo      | 9,29                                 | 7,80         | 12,01        | 4,09         | 83,81                            | 91,79   | 111,51 | 84,46   |
| <b>Media</b> | <b>11,08</b>                         | <b>8,50</b>  | <b>10,77</b> | <b>4,84</b>  |                                  |         |        |         |
| <b>lj</b>    | <b>2,29</b>                          | <b>-0,30</b> | <b>1,97</b>  | <b>-3,96</b> |                                  |         |        |         |

Nota: lj = índice ambiental.

### *Medias y desviación estándar de cada ambiente*

#### *Primer ambiente*

$$Y_{iG} = \frac{\sum Y_{ij}}{l}$$

$$S_{iG} = \sqrt{\frac{\sum (Y_{ij} - Y_{iG})^2}{l - 1}}$$

Donde:  $Y_{iG}$  = media general de los rendimientos porcentuales del genotipo i-ésimo a través de todos los ambientes,  $S_{iG}$  = desviación estándar de las medias porcentuales de genotipo i-ésimo a través de todos los ambientes,  $Y_{ij}$  = media porcentual del genotipo i-ésimo en el ambiente j-ésimo,  $l$  = número de localidades.

#### *Segundo ambiente*

$$Y_{iF} = \frac{\sum Y_{ij}}{F}$$

$$S_{iF} = \sqrt{\frac{\sum (Y_{ij} - Y_{iF})^2}{F - 1}}$$

Donde:  $Y_{iF}$  = media general de los rendimientos porcentuales del genotipo i-ésimo a través de los ambientes favorables,  $S_{iF}$  = desviación estándar a través de todos los ambientes favorables,  $Y_{ij}$  = media porcentual del genotipo i-ésimo en el ambiente j-ésimo favorable,  $D$  = número de localidades favorables.

### Tercer ambiente

$$Y_{iD} = \frac{\sum Y_{ij}}{D}$$

$$S_{iD} = \sqrt{\frac{\sum (Y_{ij} - Y_{iD})^2}{D - 1}}$$

Donde:  $Y_{iD}$  = media general de los rendimientos porcentuales del genotipo i-ésimo en los ambientes desfavorables,  $S_{iD}$  = desviación estándar de las medias porcentuales de genotipo i-ésimo a través de todos los ambientes desfavorables,  $Y_{ij}$  = media porcentual del genotipo i-ésimo en el ambiente j-ésimo desfavorable,  $D$  = número de localidades desfavorables.

### Índice de estabilidad ( $I_i$ )

Si se asume ausencia de información sobre el riesgo de los agricultores en la región, se considera un alfa de 0,25, por lo tanto,  $Z_{(1-0,25)} = P(0 \leq Z \leq 0,75) = 0,674$ , donde  $Z \rightarrow N(0, 1)$ . En cada ambiente se hacen los cálculos para cada material genético de lulo, así:  $I_i = Y_i - Z_{(1-\alpha)}S_i$

Por ejemplo, para la familia FMH1 en todos los ambientes (G):

$$Y_{1G} = \frac{\sum Y_{1j}}{l} = \frac{90,85 + 116,26 + 107,63 + 87,87}{4} = 100,65$$

$$\begin{aligned} S_{1G} &= \sqrt{\frac{\sum (Y_{1j} - \bar{Y}_{G_1})^2}{l - 1}} \\ &= \sqrt{\frac{(90,85 - 100,65)^2 + (116,26 - 100,65)^2 + (107,63 - 100,65)^2 + (87,87 - 100,65)^2}{4}} \\ &= 13,56 \end{aligned}$$

$$I_{1G} = Y_{1G} - Z_{(1-\alpha)}S_{1G} = 100,65 - (0,674 \times 13,56) = 91,51$$

Las estadísticas y los índices de estabilidad de los materiales genéticos de lulo en todos los ambientes, se observan en la Tabla 6.19.

**Tabla 6.19**

*Los Parámetros de Estabilidad de Annicchiarico (1992) Para Diez Materiales Genéticos (MG) de Lulo (S. quitoense Lam.), Evaluados en Tres Clases de Ambientes.*

| MG      | Todos ambientes (G) |          |          |        | Favorables (F) |          |          |        | Desfavorables (D) |          |          |        |
|---------|---------------------|----------|----------|--------|----------------|----------|----------|--------|-------------------|----------|----------|--------|
|         | $\bar{Y}_{ij}$      | $Y_{iG}$ | $S_{iG}$ | $I_i$  | $\bar{Y}_{ij}$ | $Y_{iF}$ | $S_{iF}$ | $I_i$  | $\bar{Y}_{ij}$    | $Y_{iD}$ | $S_{iD}$ | $I_i$  |
| FMH1    | 8,95                | 100,65   | 13,56    | 91,51  | 10,83          | 99,24    | 11,87    | 91,24  | 7,07              | 102,07   | 20,07    | 88,54  |
| FMH4    | 9,79                | 113,53   | 10,09    | 106,73 | 11,71          | 107,29   | 7,25     | 102,41 | 7,86              | 119,77   | 9,87     | 113,11 |
| FMH7    | 9,42                | 107,17   | 7,14     | 102,36 | 11,71          | 107,32   | 12,36    | 98,99  | 7,14              | 107,02   | 0,16     | 106,91 |
| FMH22   | 8,12                | 94,62    | 17,63    | 82,73  | 9,17           | 83,70    | 21,23    | 69,39  | 7,07              | 105,53   | 2,27     | 104,00 |
| FMH25   | 9,28                | 108,11   | 17,60    | 96,24  | 11,01          | 100,49   | 23,01    | 84,99  | 7,55              | 115,72   | 12,97    | 106,98 |
| FMH28   | 8,81                | 100,10   | 8,10     | 94,64  | 11,00          | 100,56   | 13,78    | 91,27  | 6,62              | 99,63    | 2,43     | 97,99  |
| FMH36   | 8,62                | 95,67    | 11,13    | 88,17  | 11,39          | 104,15   | 8,58     | 98,37  | 5,86              | 87,18    | 3,11     | 85,08  |
| FMH45   | 7,29                | 81,83    | 10,47    | 74,78  | 9,37           | 85,95    | 16,04    | 75,14  | 5,21              | 77,72    | 1,85     | 76,47  |
| FMH46   | 9,41                | 105,44   | 10,30    | 98,49  | 12,42          | 113,63   | 0,50     | 113,29 | 6,40              | 97,24    | 7,05     | 92,49  |
| Testigo | 8,30                | 92,89    | 12,93    | 84,18  | 10,65          | 97,66    | 19,59    | 84,46  | 5,95              | 88,13    | 5,18     | 84,64  |

Según los análisis presentados en la Tabla 6.19 se puede confirmar, como en el resto de los métodos, que los MG FMH4, FMH7 y FMH46 son los de mejor comportamiento. Por ello se recomiendan para ser entregados a los agricultores como una variedad mejorada o como parentales del programa de fitomejoramiento de esta especie.

## Método de efectos principales e interacción multiplicativa AMMI

El AMMI es un método que permite establecer el análisis de la interacción genotipo por ambiente, clasificar ambientes y definir parámetros de estabilidad y adaptabilidad.

Entre los métodos de ordenación de mega ambientes, el modelo AMMI ha proporcionado gráficos *biplot* útiles para delinearlos. Los méritos de esta metodología se enuncian como sigue: (i) explica la fracción de la variación total del rendimiento que es relevante para identificar megaambientes y relacionarlos con los genotipos, (ii) la dualidad al brindar información integrada tanto de los genotipos como de los ambientes, y (iii) la relevancia para el objetivo principal de mostrar qué genotipos ganan y en dónde son más eficientes (Gauch, 1988; Zobel *et al.*, 1988; Gauch y Zobel, 1996, 1997).

Gilbert (1963) y Gollob (1968) fueron algunos de los precursores del método AMMI. El primero consideró la partición del análisis de varianza en una estimación simultánea de componentes aditivo y multiplicativo para determinar la aptitud combinatoria de genotipos. El segundo describió un método de descomposición de una matriz que retiene la capacidad de las técnicas de análisis factorial para resumir datos en términos de un número relativamente bajo de coordenadas; pero al mismo tiempo, no sacrifica el análisis de varianza para dividir las matrices de datos en fuentes independientes de variación que son relativamente sencillas de interpretar. Dado que el modelo descrito combina características tanto del análisis factorial (FA) como las técnicas del análisis de varianza (ANOVA), se llamó modelo FANOVA (análisis factorial de varianza) para descomponer matrices bidireccionales.

El modelo de efectos principales aditivos e interacción multiplicativo (Additive Main-effects and Multiplicative Interactions o AMMI) (Zobel et al., 1988 y Gauch, 1988), es el siguiente:

$$Y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \sum_{n=1}^N \lambda_n \gamma_{in} \delta_{jn} + \rho_{ij} + \varepsilon_{ijk}$$

Donde:  $Y_{ijk}$  = rendimiento del i-ésimo genotipo en el j-ésimo ambiente y repetición k-ésima. Los parámetros aditivos corresponderán a  $\mu$  = promedio general,  $\alpha_i$  = son las desviaciones medias del genotipo (media del genotipo i-ésimo menos el promedio general),  $\beta_j$  = desviaciones promedias del ambiente j-ésimo. Los parámetros multiplicativos corresponderán a:  $\lambda_n$  = valor singular o propio (autovalor) del eje n del ACP,  $\gamma_{in}$  = efecto multiplicativo debido al genotipo i-ésimo respecto del eje o vector propio n,  $\delta_{jn}$  = efecto multiplicativo del ambiente j para el eje,  $\rho_{ij}$  = residuo del modelo AMMI,  $N$  = número de ejes o vectores propios (CP) del ACP retenidos en el modelo y  $\varepsilon_{ijk}$  = término del error

Para el cálculo de las coordenadas del ACP, genotípicas y ambientales, se utilizarán los parámetros multiplicativos. Se multiplica el autovalor  $\lambda_n$  por su vector propio asociado  $\sqrt{\lambda_n \gamma_{in}}$  y  $\sqrt{\lambda_n \delta_{jn}}$ . El producto de dichas coordenadas (genotípicas y ambientales) permitirá obtener la estimación de la interacción.

El modelo AMMI realiza una partición de la varianza explicada por los tratamientos debida al patrón de variación y un residuo de variación debido al ruido de los datos. De este modo, no emplea la metodología de partición de varianza en bloques y error puro, tal como lo realiza el ANDEVA convencional. Los grados de libertad (GL) de los mismos se calcularán de acuerdo con el procedimiento propuesto por Gollob (1968), así:  $GL = g + a - 1 - 2n_{CP}$ , donde:  $g$  = número de genotipos,  $a$  = ambientes,  $n_{CP}$  = número de ejes o vectores retenidos (CP). Con los vectores propios retenidos y el vector de medias se construyen los gráficos *biplot* (Zobel *et al.*, 1988).

Con respecto al análisis estadístico del modelo AMMI, Duarte & Vencovsky (1999) detallan y describen los principios de este método como una alternativa para una mejor comprensión de la interacción de factores, especialmente en la *IGA*.

Después de verificar la existencia de una *IGA* significativa mediante la prueba F en el ANDEVA combinado, a partir de una matriz de medias de  $n$  genotipos por  $a$  ambientes, el modelo corresponde a:

$$\bar{Y}_{ij} = \mu + g_i + a_j + (ga)_{ij} + e_{ij}$$

Donde:  $\bar{Y}_{ij}$  = comportamiento promedio de el  $i$ -ésimo genotipo en el  $j$ -ésimo ambiente,  $\mu$  = media general de todos los genotipos y ambientes,  $g_i$  = efecto fijo del  $i$ -ésimo genotipo ( $i = 1, 2, \dots, n$ ),  $a_j$  = efecto fijo del ambiente  $j$ -ésimo ( $j = 1, 2, \dots, l$ ),  $g_{ij}$  = efecto de interacción específica del genotipo  $i$ -ésimo con el  $j$ -ésimo ambiente,  $e_{ij}$  = error experimental medio, independiente y  $e_{ij} \rightarrow N(0, \sigma^2)$ .

De acuerdo con el experimento de lulo (*S. quitoense* Lam.), cuando se presentó el método de Perkins & Jinks (1968), a partir de los datos de la Tabla 6.3, se habían calculado los componentes que sirven para construir el ANDEVA con la estructura del modelo de medias antes citado y que hace parte del primer análisis del modelo AMMI (Tabla 6.20). Hay que recordar que la CM del error proviene del promedio de los CM de los errores individuales (localidades) dividido entre el número de repeticiones, o también se puede calcular como el CM del error del ANDEVA combinado

dividido entre el número de localidades. Ahora bien, si se suman las SC de genotipos (g), ambientes (a) y genotipo por ambiente (ga), se puede observar que la SCga representa el 13% de esta SC.

**Tabla 6.20**

*ANDEVA de los Efectos Principales Correspondiente a la Primera Fase del Método AMMI Para Estudiar la IGA y la Estabilidad de Diez Materiales Genéticos de Lulo (S. quitoense Lam.), Evaluados en Cuatro Ambientes de la Región Natural Andina del Departamento de Nariño.*

| <i>FV</i>             | <i>GL</i> | <i>SC</i> | <i>CM</i> | <i>Fc</i> | <i>Ft (α=0,05)</i> |
|-----------------------|-----------|-----------|-----------|-----------|--------------------|
| Genotipos             | 9         | 20,04     | 2,23*     | 6,36      | 1,96               |
| Ambientes             | 3         | 248,39    | 82,80*    | 236,56    | 2,68               |
| Genotipo por ambiente | 27        | 40,17     | 1,49*     | 4,25      | 1,58               |
| Error                 | 120       |           | 0,35      |           |                    |

Nota: \* = significancia o diferencias significativas al 95% de confiabilidad.

Con la información de la Tabla 6.3 se construyen las matrices **Y**, **G**, **A** y el vector **M**:

$$\begin{aligned}
 Y = & \begin{bmatrix} 10,07 & 9,88 & 11,59 & 4,26 \\ 11,33 & 9,59 & 12,10 & 6,14 \\ 10,93 & 9,09 & 12,50 & 5,19 \\ 10,94 & 9,11 & 7,40 & 5,03 \\ 12,94 & 9,06 & 9,07 & 6,05 \\ 12,23 & 8,32 & 9,78 & 4,91 \\ 12,22 & 7,60 & 10,56 & 4,12 \\ 8,27 & 6,72 & 10,48 & 3,70 \\ 12,64 & 7,84 & 12,20 & 4,95 \\ 9,29 & 7,80 & 12,01 & 4,09 \end{bmatrix} ; G = \begin{bmatrix} 8,95 & 8,95 & 8,95 & 8,95 \\ 9,79 & 9,79 & 9,79 & 9,79 \\ 9,42 & 9,42 & 9,42 & 9,42 \\ 8,12 & 8,12 & 8,12 & 8,12 \\ 9,28 & 9,28 & 9,28 & 9,28 \\ 8,81 & 8,81 & 8,81 & 8,81 \\ 8,62 & 8,62 & 8,62 & 8,62 \\ 7,29 & 7,29 & 7,29 & 7,29 \\ 9,41 & 9,41 & 9,41 & 9,41 \\ 8,30 & 8,30 & 8,30 & 8,30 \end{bmatrix} \\
 A = & \begin{bmatrix} 11,08 & 8,50 & 10,77 & 4,84 \\ 11,08 & 8,50 & 10,77 & 4,84 \\ 11,08 & 8,50 & 10,77 & 4,84 \\ 11,08 & 8,50 & 10,77 & 4,84 \\ 11,08 & 8,50 & 10,77 & 4,84 \\ 11,08 & 8,50 & 10,77 & 4,84 \\ 11,08 & 8,50 & 10,77 & 4,84 \\ 11,08 & 8,50 & 10,77 & 4,84 \\ 11,08 & 8,50 & 10,77 & 4,84 \\ 11,08 & 8,50 & 10,77 & 4,84 \end{bmatrix} ; M = \begin{bmatrix} 8,80 \\ 8,80 \\ 8,80 \\ 8,80 \\ 8,80 \\ 8,80 \\ 8,80 \\ 8,80 \\ 8,80 \\ 8,80 \end{bmatrix}
 \end{aligned}$$

La matriz **Y** está compuesta por las medias de los genotipos *i* en las localidades *j* ( $\bar{Y}_{ij}$ ), **G** por las medias de los genotipos *i* a través de todas las localidades ( $\bar{Y}_i$ ) y colocadas en cuatro columnas (cuatro equivale al número de ambientes), **A** por las medias de las cuatro localidades *j* ( $\bar{Y}_j$ ), a través de los genotipos, colocadas en diez filas (diez equivale al número de genotipos) y el vector **M** por la media general del experimento ( $\bar{Y}_{..} = \mu$ ).

En el modelo  $\bar{Y}_{ij} = \mu + g_i + a_j + (ga)_{ij} + e_{ij}$ , los efectos estimados son los siguientes:

$$\hat{\mu} = \bar{Y}_{..}; \hat{g}_i = \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{..}; \hat{a}_j = \bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..}; (\hat{ga})_{ij} = \bar{Y}_{ij} - \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{.j} + \bar{Y}_{..}; \hat{Y}_{ij} = \bar{Y}_{i.} + \bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..}$$

Donde:

$$\hat{\mu} = \bar{Y}_{..} = \frac{\sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^l \bar{Y}_{ij}}{n \times a}$$

$$\bar{Y}_{i.} = \frac{\sum_{j=1}^l \bar{Y}_{ij}}{a}$$

$$\bar{Y}_{.j} = \frac{\sum_{i=1}^n \bar{Y}_{ij}}{n}$$

En términos matriciales, los efectos de IGA  $(\hat{ga})_{ij}$ , se obtienen así:

$$(\hat{ga})_{ij} = \mathbf{GA} = \mathbf{Y} - \mathbf{G} - \mathbf{A} + \mathbf{M} = \begin{bmatrix} -1,17 & 1,23 & 0,67 & -0,74 \\ -0,75 & 0,10 & 0,35 & 0,31 \\ -0,78 & -0,04 & 1,10 & -0,28 \\ 0,54 & 1,29 & -2,69 & 0,87 \\ 1,38 & 0,08 & -2,18 & 0,72 \\ 1,13 & -0,19 & -1,00 & 0,05 \\ 1,31 & -0,73 & -0,03 & -0,55 \\ -1,31 & -0,28 & 1,22 & 0,37 \\ 0,94 & 0,82 & 0,82 & -0,50 \\ -1,29 & 1,74 & 1,74 & -0,25 \end{bmatrix}$$

En seguida se hace el ajuste de la IGA por la descomposición de los valores singulares (DVS, SVD en inglés) de la matriz **GA**, lo cual consiste en encontrar los valores propios (*eigen values*) y los vectores propios de la matriz. En el tema 1.9 *Ecuación característica de una matriz del capítulo uno*, se desarrolló el procedimiento algebraico para encontrar estos componentes.

La DVS es la factorización de una matriz **A** en tres nuevas matrices **U**, **S**, and **V**, de tal forma que  $\mathbf{A} = \mathbf{UDV}^T$ , donde **U** es una matriz ortogonal ( $U^T = U^{-1}$ ) cuyas columnas contienen los autovectores o vectores singulares (vectores propios = eigen vectores) izquierdos ( $\gamma_k$ ) de **A** con tamaño n filas x m columnas, **V** es una matriz con columnas que contienen los autovectores ( $\alpha_k$ ) derechos de A con tamaño n x n.  $k = 1, 2, 3, 4$  y **D** es la matriz diagonal de **S** que es un vector ortogonal de

tamaño  $n \times 1$  que contiene los autovalores o valores singulares (*eigen values*) de  $\mathbf{A}$ , ordenados de forma decreciente con  $\lambda_1 \geq \lambda_2 \geq \dots \geq \lambda_k \geq 0$ . Entonces, la DVS de la matriz GA se obtiene a partir de:  $\mathbf{GA} = \mathbf{UDV}^T$ . Para ello, es necesario recurrir a software matemático o algún software que permita trabajar con matrices, por ejemplo, SAS, R-Studo y el complemento de Biplot01 de Excel, entre otros. La sintaxis SAS para encontrar la DVS de la matriz GA, está dada por:

```
proc IML;
ga = {-1.17  1.23  0.67 -0.74,
-0.75 0.10  0.35  0.31,
-0.78 -0.04  1.10 -0.28,
0.54  1.29 -2.69  0.87,
1.38  0.08 -2.18  0.72,
1.13 -0.19 -1.00  0.05,
1.31 -0.73 -0.03 -0.55,
-1.31 -0.28  1.22  0.37,
0.94 -1.27  0.82 -0.50,
-1.29 -0.20  1.74 -0.25};
call svd(u, s, v, ga);
print u, s, v;
/* check correctness of factors */
zero = ssq(ga - u*diag(s)*v`);
reset fuzz; /* print small numbers as zero */
print zero;
quit;
```

La salida de PROC IML, call svd(u, s, v, ga), entrega las matrices  $\mathbf{U}$ ,  $\mathbf{S}$  y  $\mathbf{V}$  de la matriz GA, las cuales se observan a continuación:

| u         |           |           |           |
|-----------|-----------|-----------|-----------|
| -0,218876 | 0,3991588 | -0,706279 | -0,32287  |
| -0,114825 | 0,1670808 | 0,2726701 | 0,3623138 |
| -0,257067 | 0,0375499 | -0,043757 | 0,0771035 |
| 0,5253618 | 0,4611588 | 0,0216776 | 0,1773923 |
| 0,4989516 | -0,028814 | 0,2147832 | -0,264208 |
| 0,2632322 | -0,183951 | -0,074064 | -0,526848 |
| 0,0990607 | -0,463211 | -0,292412 | 0,4525004 |
| -0,309903 | 0,1287126 | 0,5248987 | -0,348067 |



$$\begin{array}{c} \mathbf{U} \\ \left| \begin{array}{cccc} -0,077912 & -0,574377 & -0,020452 & -0,231831 \\ -0,408232 & 0,0545014 & 0,1066681 & 0,006576 \end{array} \right| \\ \gamma_1 \uparrow \quad \gamma_2 \uparrow \quad \gamma_3 \uparrow \quad \gamma_3 \uparrow \end{array}$$

$$\begin{array}{c} \mathbf{S} \\ \left| \begin{array}{c} 5,3350236 \\ 3,1364064 \\ 1,3781552 \\ 0,0081064 \end{array} \right| \begin{array}{l} \leftarrow \lambda_1 \\ \leftarrow \lambda_2 \\ \leftarrow \lambda_3 \\ \leftarrow \lambda_3 \end{array} \end{array}$$

$$\begin{array}{c} \mathbf{V} \\ \left| \begin{array}{cccc} 0,5251224 & -0,63954 & -0,251869 & 0,5017935 \\ 0,1110126 & 0,6868927 & -0,514715 & 0,5009222 \\ -0,822685 & -0,265196 & -0,043827 & 0,5009386 \\ 0,1873824 & 0,2209922 & 0,8183579 & 0,4963272 \end{array} \right| \\ \alpha_1 \uparrow \quad \alpha_2 \uparrow \quad \alpha_3 \uparrow \quad \alpha_3 \uparrow \end{array}$$

zero

0

La sintaxis para obtener la DVS en R-Studio es:

```
ge<-matrix(c(1.17, -0.75, -0.78, 0.54, 1.38, 1.13, 1.31, -1.31, 0.94, -1.29, 1.23,
0.10, -0.04, 1.29, 0.08, -0.19, -0.73, -0.28, -1.27, -0.20, 0.67, 0.35, 1.10, -2.69, -
2.18, -1.00, -0.03, 1.22, 0.82, 1.74, -0.74, 0.31, -0.28, 0.87, 0.72, 0.05, -0.55,
0.37, -0.50, -0.25), nrow = 10, ncol = 4, dimnames = list(c("G1", "G2", "G3", "G4",
"G5", "G6", "G7", "G8", "G9", "G10"), c("Arboleda", "Cartago", "Tangua", "La
Unión"))
svd(ge)
```

Una vez obtenidas las matrices **U**, **S** y **V** sigue la segunda parte del Análisis AMMI, que consiste en obtener los componentes principales (CP) a través de los cuadrados de los autovalores (eigen values) de la matriz **S** ( $\lambda_k^2$ ), así:

| Eje singular o CP | Autovalor<br>( $\lambda_k^2$ ) | Proporción de<br>SCga/eje | Proporción acumulada<br>(%) |
|-------------------|--------------------------------|---------------------------|-----------------------------|
| 1                 | 28,46                          | 0,708                     | 70,804                      |
| 2                 | 9,84                           | 0,245                     | 95,275                      |
| 3                 | 1,90                           | 0,047                     | 99,999                      |
| 4                 | 0,00                           | 1,6E-06                   | 100                         |
| <b>Total</b>      | <b>40,20</b>                   |                           |                             |

Según la información anterior se puede establecer que el primer CP explica el 70,80% de la SC de la IGA ( $SC(ga)_{ij}$ ), el segundo el 24,50% y el tercero el 4,7%. Un modelo AMMI con dos CP, explica el 95,28% de la SC total ( $(\sum_k \lambda_k^2)$ , que equivale a la  $SC(ga)_{ij} = 40,20$ ; entonces, un modelo AMMI con dos CP expresa una  $SC(ga)_{ij}$  estándar de 38,30 de los 40,20. El resto (1,90) es una SC residual (ruidos).

Como se dijo anteriormente, a través del método AMMI la  $SC(ga)_{ij}$  se descompone en cuatro componentes principales, pero dado que el cuarto CP prácticamente no explica nada de la  $SC(ga)_{ij}$ , se podría estructurar el Análisis AMMI con la interacción tres CP, tal como se observa en la Tabla 6.21. Los grados de libertad de los tres CP se calculan de la siguiente manera:

$$GL_{CP1} = 10 + 4 - 1 - 2 \times 1 = 11$$

$$GL_{CP2} = 10 + 4 - 1 - 2 \times 1 = 9$$

$$GL_{CP3} = 10 + 4 - 1 - 2 \times 1 = 7$$

**Tabla 6.21**

*Análisis de Varianza del Método AMMI Para el Rendimiento (t/ha) de Diez Materiales Genéticos de Lulo (Solanum quitoense Lam.), Evaluados en Cuatro Ambientes de la Región Natural Andina del Departamento de Nariño.*

| FV            | GL  | SC     | CM                 | Fc     | Ft ( $\alpha=0,05$ ) | GLr | CMr                | FCr  |
|---------------|-----|--------|--------------------|--------|----------------------|-----|--------------------|------|
| Genotipos (G) | 9   | 20,04  | 2,23*              | 6,36   | 1,96                 |     |                    |      |
| Ambientes (A) | 3   | 248,39 | 82,80*             | 236,56 | 2,68                 |     |                    |      |
| IGA           | 27  | 40,17  | 1,49*              | 4,25   | 1,58                 | 27  | 1,49*              | 4,22 |
| ICP1          | 11  | 28,46  | 2,59*              | 7,34   | 1,87                 | 16  | 0,73*              | 2,07 |
| ICP2          | 9   | 9,84   | 1,09*              | 3,10   | 1,96                 | 7   | 0,27 <sup>ns</sup> | 0,76 |
| ICP3          | 7   | 1,90   | 0,27 <sup>ns</sup> | 0,77   | 2,09                 | 0   | 0                  |      |
| Error         | 120 |        | 0,35               |        |                      |     |                    |      |

Nota: \* = significancia o diferencias significativas al 95% de confiabilidad, ns = no significativo. ICP1 0 interacción del componente principal eje del análisis, IGA = interacción genotipo por ambiente, GLr = GLres.AMMI, CMr = CMres.AMMI, FCr = F Cornelius (Cornelius et al., 1992).

La Tabla 6.21 muestra los resultados del residuo AMMI de la interacción, correspondiente a cada modelo AMMI (con cero CP (AMMI-0), un CP (AMMI-1), dos CP (AMMI-2) y tres CP (AMMI-3)). El residuo de la interacción para AMMI-0 es toda IGA, con 27 grados de libertad (GL). Para el modelo AMMI-1 es el resto de la interacción, después de eliminar 11 GL y la SC del primer eje (IPCA1), por lo tanto, es la suma de los efectos atribuidos a las interacciones de los ejes o CPs ICP2 e ICP3. Estos residuos se prueban a través de la prueba de  $F_{Cr}$  (Cornelius *et al.*, 1992). Para el CM de cada modelo se obtiene una prueba F, con el propósito de evaluar la significancia de cada componente con el CM error promedio. Los GL residuales se calculan de la siguiente manera:

$$\begin{aligned} GL_{res.AMMI-1} &= (n - 1 - n_{CP})(a - 1 - n_{CP}) = (10 - 1 - 1) \times (4 - 1 - 1) = 16 \\ GL_{res.AMMI-2} &= (n - 1 - n_{CP})(a - 1 - n_{CP}) = (10 - 1 - 2) \times (4 - 1 - 2) = 7 \\ GL_{res.AMMI-3} &= (n - 1 - n_{CP})(a - 1 - n_{CP}) = (10 - 1 - 3) \times (4 - 1 - 3) = 0 \end{aligned}$$

Por lo tanto, el criterio para seleccionar un modelo AMMI, radica en la importancia de la prueba F para los términos de la interacción. El residuo de AMMI que reúne los términos restantes de la  $SC(ga)_{ij}$  (descartado) puede probarse para garantizar su carácter insignificante. La prueba de  $F_{Cr}$  indica que uno de los tres ejes de interacción es significativo a un alfa de 0,05 de significancia, lo cual permite seleccionar el modelo AMMI-1 que tiene una característica adicional relacionada con la simplicidad del modelo y en tanto el mejor estimador de la respuesta diferencial de los genotipos a los ambientes (Duarte & Vencovsky, 1999).

En ausencia de interacción con los CP (AMMI-0), los rendimientos (t/ha) ajustados de los diez materiales genéticos de lulo en cada una de las cuatro localidades ( $\hat{Y}_0$ ) se obtienen matricialmente como  $[\hat{Y}_0 = G + A - M]$ . Los  $\hat{Y}_0$  (t/ha) son los siguientes:

| <b>Rendimientos estimados (t/ha) <math>[\hat{Y}_0 = G + A - M]</math></b> |                  |                |               |                 |
|---------------------------------------------------------------------------|------------------|----------------|---------------|-----------------|
| <b>MG</b>                                                                 | <b>Localidad</b> |                |               |                 |
|                                                                           | <b>Arboleda</b>  | <b>Cartago</b> | <b>Tangua</b> | <b>La Unión</b> |
| FMH1                                                                      | 11,24            | 8,65           | 10,92         | 4,99            |
| FMH4                                                                      | 12,07            | 9,49           | 11,76         | 5,83            |
| FMH7                                                                      | 11,71            | 9,13           | 11,39         | 5,47            |
| FMH22                                                                     | 10,41            | 7,82           | 10,09         | 4,16            |
| FMH25                                                                     | 11,57            | 8,98           | 11,25         | 5,32            |
| FMH28                                                                     | 11,10            | 8,51           | 10,78         | 4,85            |
| FMH36                                                                     | 10,91            | 8,32           | 10,59         | 4,67            |
| FMH45                                                                     | 9,58             | 6,99           | 9,26          | 3,33            |
| FMH46                                                                     | 11,69            | 9,11           | 11,37         | 5,45            |
| Testigo                                                                   | 10,58            | 8,00           | 10,26         | 4,34            |

Dado que se seleccionó el modelo AMMI-1, el cual fue significativo a un alfa de 0,05 con 16 GL, el siguiente paso es predecir la respuesta para cada combinación de genotipos y ambientes a partir de:

$$\hat{Y}_{ij} = \bar{Y}_{i.} + \bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..} + \left( \sum_{k=1}^{n=1} \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} \right)$$

o

$$\hat{Y}_{ij} = \bar{Y}_{i.} + \bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..} + (\lambda_1 \gamma_{i1} \alpha_{j1})$$

La estimación a través del modelo AMMI-1 de la respuesta de un genotipo *i* en un ambiente *j* depende de la media del genotipo, del ambiente, de la media general, así como de los valores de  $\lambda_1 \gamma_{i1} \alpha_{j1}$  obtenidos a partir de las matrices **U**, **S** y **V** de la DVS. Una IGA en particular depende del primer valor propio singular ( $\lambda_1$ ) de los vectores singulares asociados a este ( $\gamma_1$  y  $\alpha_1$ ). A continuación, se plantean algunos ejemplos de cómo estimar los rendimientos de los MG de lulo con base en el modelo AMMI-1.

El RTO estimado de FMH4 en la localidad de Arboleda será:

$$\hat{Y}_{21} = \bar{Y}_{2.} + \bar{Y}_{.1} - \bar{Y}_{..} + (\lambda_1 \gamma_{21} \alpha_{11})$$

$$\hat{Y}_{21} = 9,79 + 11,08 - 8,80 + [(5,335 \times (-0,115) \times 0,525)] = \mathbf{11,75 \text{ t/ha}}$$

Se puede observar que esta combinación de genotipo y ambiente tiene su respuesta determinada por los efectos principales (12,07t/ha) y por el término de interacción específica (-0,32t/ha), valor que se calculará más adelante, pero que en la práctica tiende a cero.

El rendimiento esperado del genotipo FHM45 en la localidad de Tangua será igual a:

$$\hat{Y}_{83} = \bar{Y}_{8.} + \bar{Y}_{.3} - \bar{Y}_{..} + (\lambda_1 \gamma_{81} \alpha_{31})$$

$$\hat{Y}_{83} = 7,29 + 10,77 - 8,80 + [(5,335 \times (-0,3099) \times (-0,827))] = \mathbf{10,62t/ha}$$

La respuesta de FMH45 en Tangua (9,26t/ha) está determinada en gran medida por la interacción específica (1,36t/ha), lo que significa que existe una buena adaptación de este MG al ambiente de Arboleda.

El último ejemplo muestra la respuesta estimada de FHM22 en la localidad de Tangua:

$$\hat{Y}_{43} = \bar{Y}_{4.} + \bar{Y}_{.3} - \bar{Y}_{..} + (\lambda_1 \gamma_{41} \alpha_{31})$$

$$\hat{Y}_{43} = 8,12 + 10,77 - 8,80 + [(5,335 \times 0,525 \times (-0,827))] = \mathbf{7,78t/ha}$$

La respuesta de FMH22 en Tangua (10,09t/ha) está altamente determinada por la interacción específica de -2,69t/ha, lo que significa una fuerte reducción del RTO, y por lo tanto, una mala adaptación de este MG a esta localidad.

Otra forma de calcular el RTO estimado por el modelo AMMI-1 ( $\hat{Y}_1$ ), es a través de las siguientes operaciones matriciales:

$$\hat{Y}_1 = G + A - M + \hat{GA}_1$$

Donde:

$$[G + A - M] = \hat{Y}_0$$

$$\hat{GA}_1 = \sum_{k=1}^{n=2} \lambda_k \gamma_k \alpha_k = \lambda_1 \gamma_1 \alpha_1$$

$$\text{Luego } \hat{Y}_1 = \hat{Y}_0 + \hat{GA}_1$$

$$\widehat{GA}_1 = \lambda_1 \gamma_1 \alpha_1 = S_1 U_1 V_1^T = [5,335] \times \begin{bmatrix} -0,219 \\ -0,115 \\ -0,257 \\ 0,525 \\ 0,499 \\ 0,263 \\ 0,099 \\ -0,310 \\ -0,078 \\ -0,408 \end{bmatrix} \times [0,525 \quad 0,111 \quad -0,823 \quad 0,187]$$

$$\widehat{GA}_1 = \begin{bmatrix} -0,61 & -0,13 & 0,96 & -0,22 \\ -0,32 & -0,07 & 0,50 & -0,11 \\ -0,72 & -0,15 & 1,13 & -0,26 \\ 1,47 & 0,31 & -2,31 & 0,53 \\ 1,40 & 0,30 & -2,19 & 0,50 \\ 0,74 & 0,16 & -1,16 & 0,26 \\ 0,28 & 0,06 & -0,43 & 0,10 \\ -0,87 & -0,18 & 1,36 & -0,31 \\ -0,22 & -0,05 & 0,34 & -0,08 \\ -1,14 & -0,24 & 1,79 & -0,41 \end{bmatrix}$$

Entonces, se calculan los RTOs estimados con base en el modelo AMMI-1 ( $\widehat{Y}_1$ ), a través de la suma de las matrices  $\widehat{Y}_0$  y  $\widehat{GA}_1$ , cuyos resultados se muestran a continuación:

| <i>Rendimientos estimados (t/ha) <math>[\widehat{Y}_1 = \widehat{Y}_0 + \widehat{GA}_1]</math></i> |                  |                |               |                 |
|----------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------|----------------|---------------|-----------------|
| <i>MG</i>                                                                                          | <i>Localidad</i> |                |               |                 |
|                                                                                                    | <i>Arboleda</i>  | <i>Cartago</i> | <i>Tangua</i> | <i>La Unión</i> |
| FMH1                                                                                               | 10,62            | 8,52           | 11,88         | 4,77            |
| FMH4                                                                                               | 11,75            | 9,42           | 12,26         | 5,72            |
| FMH7                                                                                               | 10,99            | 8,97           | 12,52         | 5,21            |
| FMH22                                                                                              | 11,88            | 8,13           | 7,78          | 4,69            |
| FMH25                                                                                              | 12,96            | 9,28           | 9,06          | 5,82            |
| FMH28                                                                                              | 11,83            | 8,67           | 9,62          | 5,12            |
| FMH36                                                                                              | 11,19            | 8,38           | 10,16         | 4,77            |
| FMH45                                                                                              | 8,71             | 6,81           | 10,62         | 3,02            |
| FMH46                                                                                              | 11,47            | 9,06           | 11,72         | 5,37            |
| Testigo                                                                                            | 9,44             | 7,76           | 12,06         | 3,93            |

Como se había explicado anteriormente, los  $\widehat{Y}_1$  se obtienen con la ecuación:

$$\widehat{Y}_{ij} = \bar{Y}_i + \bar{Y}_j - \bar{Y}_{..} + (\lambda_1 \gamma_{i1} \alpha_{j1})$$

La matriz ( $\widehat{Y}_0$ ) expresa los RTOs esperados de cada combinación de genotipos y ambientes debido solo a efectos principales. La matriz  $\widehat{GA}_1$  muestra la magnitud de las interacciones específicas para cada una de las combinaciones genotipo por ambiente. Debido a la *IGA* significativa, las predicciones del RTO que mejor se correlacionan en contexto con la realidad, son las que se obtienen de la matriz  $\widehat{Y}_1$ , debido a que en la composición del modelo AMMI-1 se da la combinación de los efectos principales y la fracción correspondiente a la interacción.

Otro análisis del modelo AMMI corresponde al biplot (Yan et al., 2000, 2001), cuyo modelo es el siguiente:

$$\bar{Y}_{ij} - \bar{Y}_j = \lambda_1 \gamma_{i1} \alpha_{j1} + \lambda_2 \gamma_{i2} \alpha_{j2} + \varepsilon_{ij}$$

Donde:  $\bar{Y}_{ij}$ = rendimiento medio del i-ésimo genotipo en el j-ésimo ambiente,  $\bar{Y}_j$ = promedio general de las poblaciones en el ambiente j;  $\lambda_1$ ,  $\lambda_2$ = auto valores asociados al primer componente principal (CP1) y segundo componente principal (CP2), respectivamente;  $\gamma_{i1}$ ,  $\gamma_{i2}$ = valores singulares del CP1 y CP2, en su orden, del i-ésimo genotipo,  $\alpha_{j1}$ ,  $\alpha_{j2}$ = valores singulares del CP1 y CP2, consecutivamente, para el j-ésimo ambiente;  $\varepsilon_{ij}$  es el error asociado con la i-ésimo genotipo en el j-simo ambiente (Yan & Kang, 2002).

En la construcción del *biplot* es necesario determinar sus coordenadas para los ejes de interacción singulares, es decir, las matrices  $G_{(n \times k)}$  y  $H_{(k \times a)}^T$ , donde:  $GE_{(g \times a)} = GH^T$ ,  $G = U(\sqrt{S})$  y  $H^T = (\sqrt{S})V^T$ . Las matrices U, S y V son las mismas de la DVS de los efectos  $(\widehat{ga})_{ij}$ .

$$G = \begin{bmatrix} -0,219 & 0,399 & -0,706 & -0,323 \\ -0,115 & 0,167 & 0,273 & 0,362 \\ -0,257 & 0,038 & -0,044 & 0,077 \\ 0,525 & 0,461 & 0,022 & 0,177 \\ 0,499 & -0,029 & 0,215 & -0,264 \\ 0,263 & -0,184 & -0,074 & -0,527 \\ 0,099 & -0,463 & -0,292 & 0,453 \\ -0,310 & 0,129 & 0,525 & -0,348 \\ -0,078 & -0,574 & -0,020 & -0,232 \\ -0,408 & 0,055 & 0,107 & 0,007 \end{bmatrix} \times \begin{bmatrix} \sqrt{5,335} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \sqrt{3,136} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \sqrt{1,378} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \sqrt{0,008} \end{bmatrix}$$

$$\mathbf{G}_{(10 \times 4)} = \begin{array}{cc|cc} \text{CP1} & \text{CP2} & \text{CP3} & \text{CP4} \\ \hline -0,51 & 0,71 & -0,83 & -0,03 \\ -0,27 & 0,30 & 0,32 & 0,03 \\ -0,257 & 0,038 & -0,044 & 0,077 \\ -0,59 & 0,07 & -0,05 & 0,01 \\ 1,21 & 0,82 & 0,03 & 0,02 \\ 1,15 & -0,05 & 0,25 & -0,02 \\ 0,61 & -0,33 & -0,09 & -0,05 \\ 0,23 & -0,82 & -0,34 & 0,04 \\ -0,72 & 0,23 & 0,62 & -0,03 \\ -0,18 & -1,02 & -0,02 & -0,02 \end{array} \begin{array}{l} \rightarrow \\ \rightarrow \\ \rightarrow \\ \rightarrow \\ \rightarrow \\ \rightarrow \\ \rightarrow \\ \rightarrow \\ \rightarrow \\ \rightarrow \end{array} \text{Puntos de genotipos}$$

$$\mathbf{H}^T = \begin{bmatrix} \sqrt{5,335} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \sqrt{3,136} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \sqrt{1,378} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \sqrt{0,008} \end{bmatrix} \times \begin{bmatrix} 0,53 & 0,11 & -0,82 & 0,18 \\ -0,64 & 0,69 & -0,27 & 0,22 \\ -0,25 & -0,51 & -0,04 & 0,82 \\ 0,50 & 0,50 & 0,50 & 0,50 \end{bmatrix}$$

$$\mathbf{H}_{(4 \times 4)}^T = \begin{bmatrix} 1,21 & 0,26 & -1,90 & 0,43 \\ -1,13 & 1,22 & -0,47 & 0,39 \\ \text{---} & \text{---} & \text{---} & \text{---} \\ -0,30 & -0,60 & -0,05 & 0,96 \\ 0,05 & 0,05 & 0,05 & 0,04 \\ \downarrow & \downarrow & \downarrow & \downarrow \end{bmatrix} \text{Puntos de ambientes}$$

Con las matrices  $\mathbf{G}$  y  $\mathbf{H}$  se pueden obtener los *biplot* del CP1 versus las medias de RTO (Figura 6.5) y del CP2 versus CP1 (Figura 6.6). En este caso, para hacer los gráficos se toman los CP del modelo AMMI-2. Las dos coordenadas (CP) están separadas por líneas punteadas en estas matrices. Si se toma el producto de CP1 de  $\mathbf{G}$  por la primera línea de  $\mathbf{H}^T$  se obtiene los efectos de interacción del modelo AMMI-1 ( $\widehat{\mathbf{GA}}_1$ ).



La información para construir las gráficas de las Figuras 6.5 y 6.6 se muestra a continuación:

| <i>Puntos</i> | <i>MG y A</i> | <i>Biplot AMMI-1</i> |                | <i>Biplot AMMI-2</i> |                | <i>Orden medias</i> |
|---------------|---------------|----------------------|----------------|----------------------|----------------|---------------------|
|               |               | <i>RTO (X)</i>       | <i>CP1 (Y)</i> | <i>CP1 (X)</i>       | <i>CP2 (Y)</i> |                     |
| 1             | FMH1          | 8,95                 | -0,51          | -0,51                | 0,71           | 6                   |
| 2             | FMH4          | 9,79                 | -0,27          | -0,27                | 0,30           | 9                   |
| 3             | FMH7          | 9,42                 | -0,59          | -0,59                | 0,07           | 8                   |
| 4             | FMH22         | 8,12                 | 1,21           | 1,21                 | 0,82           | 2                   |
| 5             | FMH25         | 9,28                 | 1,15           | 1,15                 | -0,05          | 7                   |
| 6             | FMH28         | 8,81                 | 0,61           | 0,61                 | -0,33          | 5                   |
| 7             | FMH36         | 8,62                 | 0,23           | 0,23                 | -0,82          | 4                   |
| 8             | FMH45         | 7,29                 | -0,72          | -0,72                | 0,23           | 1                   |
| 9             | FMH46         | 9,41                 | -0,18          | -0,18                | -1,02          | 8                   |
| 10            | Testigo       | 8,30                 | -0,94          | -0,94                | 0,10           | 3                   |
| 11            | Arboleda      | 11,08                | 1,21           | 1,21                 | -1,13          | 4                   |
| 12            | Cartago       | 8,50                 | 0,26           | 0,26                 | 1,22           | 2                   |
| 13            | Tangua        | 10,77                | -1,90          | -1,90                | -0,47          | 3                   |
| 14            | La Unión      | 4,84                 | 0,43           | 0,43                 | 0,39           | 1                   |

Nota: MG = material genético de lulo, A = ambiente, RTO = rendimiento (t/ha), X = abcisas o coordenada horizontal, Y = ordenada o coordenada vertical.

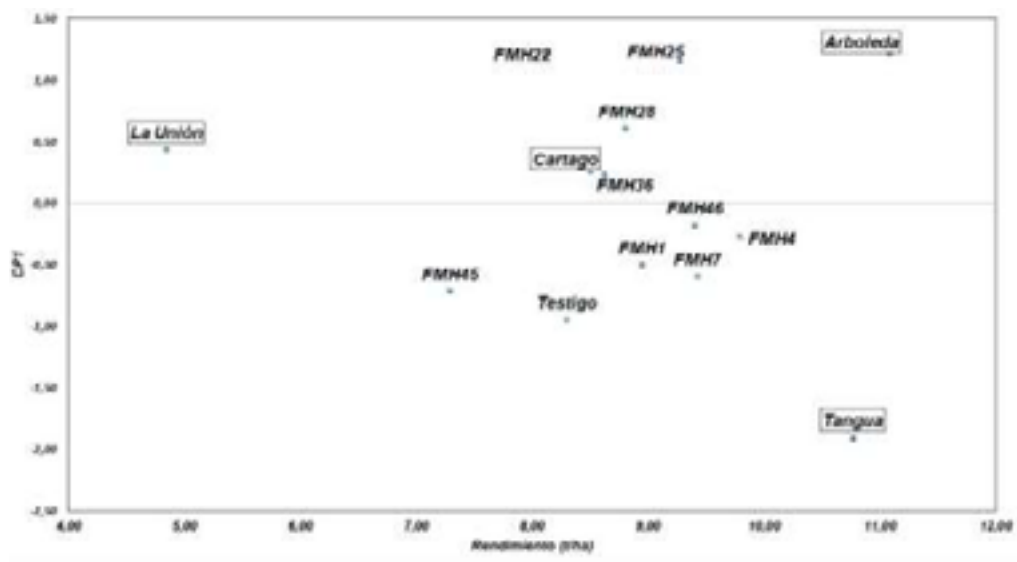


**Figura 6.5.** Biplot AMMI-1 Para el Rendimiento (t/ha) de Diez Materiales Genéticos de Lulo (*Solanum quitoense* Lam.), Evaluados en Cuatro Ambientes.

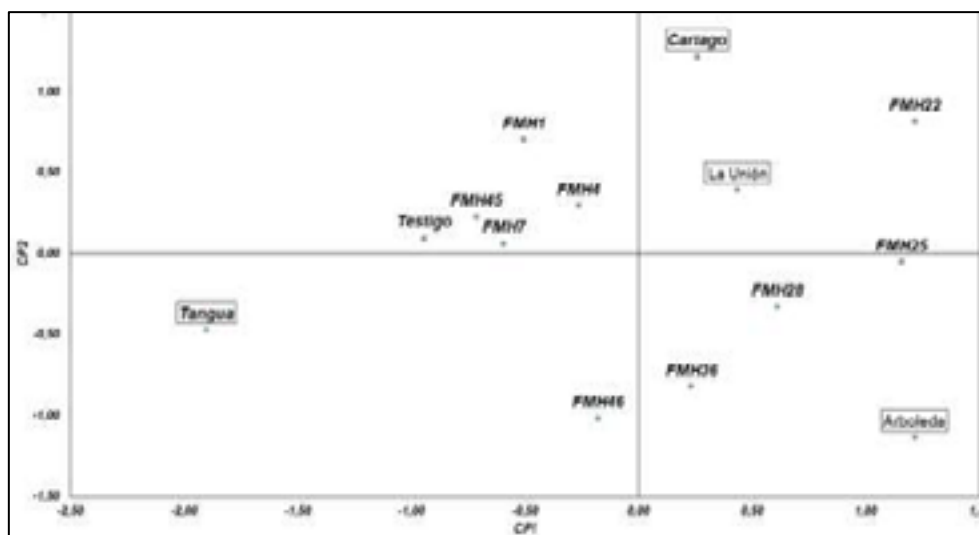


**Figura 6.6.** Biplot AMMI-2 Para el Rendimiento (t/ha) de Diez Materiales Genéticos de Lulo (*Solanum quitoense* Lam.) Evaluados en Cuatro Ambientes.

Por lo que se observa en la Figura 6.5 se puede establecer que los MG de lulo que menos contribuyen a la IGA, identificado el ICP1 del modelo AMMI-1, fueron FMH36, FMH46, FMH4, FMH7 y FMH1, y entre los ambientes, la localidad de Cartago. La Figura 6.6 es de poca importancia debido a que el ICP2 del modelo AMMI-2 no fue significativo (Tabla 6.21), aunque de esta figura se puede establecer que existe una buena estabilidad de los MG FMH4, FMH7, FMH45 y el Testigo, dada su cercanía al punto de origen. Las FMH 22, 25, 28, 36 y 46 tienden a tener una adaptación específica al norte del departamento de Nariño, región representada por las localidades de Arboleda, Cartago y La Unión, las cuales se diferencian de Tangua no solo por el suelo, sino por la altitud y condiciones agroclimáticas, que no son objeto de discutir en este momento.

Como se pudo establecer a lo largo de este punto, el método AMMI es responsable de capturar sustancialmente el patrón de la IGA (Duarte & Vencovsky, 1999) y de establecer la estabilidad de los genotipos. Sin embargo, es necesario seguir investigando si se quiere determinar la utilidad general del modelo AMMI, con el objeto de analizar experimentos para pruebas de rendimiento en agronomía y fitomejoramiento, y en particular, para: (i) cuantificar la probabilidad de una selección exitosa de un genotipo cuando se utilizan valores predictivos AMMI, en comparación con la probabilidad de selección basada en el valor predictivo de la regresión y sobre las medias del tratamiento (Finlay-Wilkinson, 1963) y (ii) comparar AMMI con otras técnicas multivariantes tradicionales, como los

análisis de conglomerados, de coordenadas de análisis principal y análisis factorial (Crossa *et al.*, 1990).

A continuación, se presenta la sintaxis SAS (Vargas & Crossa, 2000) para hacer el análisis estadístico de la metodología AMMI:

```
Options ps=5000 ls=78 nodate nonumber;
DATA RAW;
INPUT env$ rep gen$ Yld;
CARDS;
Arboleda 1 FMH1 9.58
Arboleda 2 FMH1 10.33
.
.
LaUnión 3 T 4.01
LaUnión 4 T 3.58
;
PROC GLM DATA=RAW OUTSTAT=STATS;
  CLASS REP ENV GEN;
  MODEL YLD = REP ENV GEN ENV*GEN / SS4;
```

\* Para obtener el CMe y los GLe con toda la información para la prueba de Gollob;

```
DATA STATS2;
  SET STATS;
  IF _SOURCE_ = 'ERROR';
  SSE=SS;
  DFE=DF;
  MSE=SSE/DFE;
  KEEP DFE MSE;
DATA STATS3;
  SET STATS;
  IF _SOURCE_ = 'rep';
  NREP = DF + 1;
  proc sort data = raw;
  by env gen;
  proc means data = raw noprint;
  by env gen;
  var yld;
  output out = medias mean = yldm;
*proc print data = stats;
```

```
/*****
*****
```

\* Esta sección calcula los residuos para la interacción genotipo por ambiente (GA) para el modelo AMMI. \*

*\* Para SREG (G + GA) solo modifique el modelo con el propósito de obtener los residuales incluyendo el efecto genotipo como en este caso \**

\*\*\*\*\*  
 \*\*\*\*\*/

```
PROC GLM DATA= medias NOPRINT;
  CLASS ENV GEN;
  MODEL YLDm = ENV GEN / SS4 ;    * Model for AMMI ;
  * MODEL YLD = ENV REP / SS4 ;    * Model for SREG ;
  OUTPUT OUT=OUTRES R=RESID;
```

```
data outres;
set outres;
PROC SORT DATA=OUTRES;
  BY GEN ENV;
  proc transpose data = outres out = outres2;
  by gen;
  id env;
  var resid;
PROC MEANS DATA = OUTRES NOPRINT;
  BY GEN ENV;
  VAR RESID;
  OUTPUT OUT = OUTRES MEAN=RESID;
```

```
PROC SORT DATA=OUTRES;
  BY GEN ENV;
PROC TRANSPOSE DATA=OUTRES OUT=OUTRES2;
  BY GEN;
  ID ENV;
  VAR RESID;
```

*\* Descomposición de Valores Singulares en IML para calcular AMMI o SREG;*

```
PROC IML;

USE OUTRES2;
READ ALL INTO RESID;
NGEN=NROW(RESID);
NENV=NCOL(RESID);

USE STATS2;
READ VAR {MSE} INTO MSEM;
READ VAR {DFE} INTO DFEM;

USE STATS3;
READ VAR {NREP} INTO NREP;

CALL SVD (U, L, V, RESID);
MÍNIMO=MIN (NGEN, NENV);
```

```

L=L[1: MÍNIMO,];

SS=(L##2) *NREP;
SUMA=SUM(SS);
PORCENT=((1/SUMA) #SS) *100;
MÍNIMO=MIN (NGEN, NENV);
PORCENTA=0;
  DO I = 1 TO MÍNIMO;
    DF=(NGEN-1) +(NENV-1) -(2*I-1);
    DFA=DFA//DF;
    PORCEACU=PORCENT[I,];
    PORCENTA=PORCENTA+PORCEACU;
    PORCENAC=PORCENAC//PORCENTA;
  END;

DFE=J (MÍNIMO,1, DFEM);
MSE=J (MÍNIMO,1, MSEM);
SSDF=SS||PORCENT||PORCENAC||DFA||DFE||MSE;

L12=L##0.5;

SCOREG1=U[,1]#L12[1,];
SCOREG2=U[,2]#L12[2,];
SCOREG3=U[,3]#L12[3,];
SCOREE1=V[,1]#L12[1,];
SCOREE2=V[,2]#L12[2,];
SCOREE3=V[,3]#L12[3,];

FACTOR1=MAX(ABS(SCOREG1||SCOREG2));
FACTOR2=MAX(ABS(SCOREE1||SCOREE2));
FACTOR=MAX (FACTOR1, FACTOR2);

SCOREG=(SCOREG1||SCOREG2||SCOREG3)*(1/FACTOR1);
SCOREE=(SCOREE1||SCOREE2||SCOREE3)*(1/FACTOR2);
SCORES=SCOREG//SCOREE;

PERC1=PORCENT [1,];
PERC2=PORCENT [2,];

create n1 from PERC1;
append from PERC1;
close n1;

create n2 from PERC2;
append from PERC2;
close n2;

CREATE SUMAS FROM SSDF;
APPEND FROM SSDF;

```

CLOSE SUMAS;

CREATE SCORES FROM SCORES;

APPEND FROM SCORES;

CLOSE SCORES;

*\* Prueba de Gollob para la significancia de cada término AMMI;*

DATA SSAMMI;

SET SUMAS;

SSAMMI =COL1;

PORCENT =COL2;

PORCENAC=COL3;

DFAMMI =COL4;

DFE =COL5;

MSE =COL6;

DROP COL1 - COL6;

MSAMMI=SSAMMI/DFAMMI;

F\_AMMI=MSAMMI/MSE;

PROBF=1-PROBF(F\_AMMI,DFAMMI,DFE);

TITLE1 'Prueba de Gollobs para los factores AMMI';

PROC PRINT DATA=SSAMMI NOOBS;

VAR SSAMMI PORCENT PORCENAC DFAMMI MSAMMI F\_AMMI PROBF;

*\* Iniciar la información de Biplot;*

*\* Para obtener las variables Tipo y Nombre de los Genotipos;*

PROC SORT DATA=RAW;

BY GEN;

PROC MEANS DATA=RAW NOPRINT;

BY GEN;

VAR YLD;

OUTPUT OUT = MEDIAG MEAN=YLD;

DATA NAMEG;

SET MEDIAG;

TYPE = 'GEN';

NAME = GEN;

KEEP TYPE NAME YLD;

*\* Para obtener las variables Tipo y Nombre para los Ambientes;*

PROC SORT DATA=RAW;

BY ENV;

PROC MEANS DATA=RAW NOPRINT;

BY ENV;

VAR YLD;

OUTPUT OUT = MEDIAE MEAN=YLD;

DATA NAMEE;

```
SET MEDIAE;
TYPE = 'ENV';
NAME1 = 'S' || ENV;
    NAME = compress (name1);
KEEP TYPE NAME YLD;
```

```
DATA NAMETYPE;
    SET NAMEG NAMEE;
```

*\*Generación de un archivo que incluye Type, Name, and Scores para el Biplot;*

```
DATA BILOT;
    MERGE NAMETYPE SCORES;
    DIM1=COL1;
    DIM2=COL2;
    DROP COL1-COL2;
```

```
TITLE1 'Scores finales corregidos para graficar la biplot ';
PROC PRINT DATA=BILOT NOOBS;
    VAR TYPE NAME YLD DIM1 DIM2;
```

*\* Generación de archivos de anotaciones para el Biplot;*

```
Data labels;
set biplot;
retain xsys '2' ysys '2';
length function text $8;
text = name;
```

```
if type = 'GEN' then do;
    color='blue ';
    size = 1;
    style = 'hwcm001';
    x = dim1;
    y = dim2;
    if dim1 >=0
        then position='5';
        else position='5';
    function = 'LABEL';
    output;
end;
```

```
if type = 'ENV' then DO;
    color='green ';
    size = 1;
    style = 'hwcm001';
    x = 0.0;
    y = 0.0;
    function='MOVE';
```

```

output;
x = dim1;
y = dim2;
function='DRAW' ;
output;
if dim1 >=0
  then position='5';
  else position='5';
function='LABEL';
output;
end;
data n1; set n1; n1=col1; drop col1;
n1=round(n1,0.01);
call symput('n1',n1);
%macro label1(top1);
label=(f=hwcgmm002 c=green h=1.5 'Factor 1 (' '&top1" '%)')
%mend;
%let top1 = &n1;

/*****
*****

* Para generar el Biplot en el Display o en un Metarchivo de Gráficos CGM,
solo es necesario desactivarlo o activarlo *
* las siguientes dos declaraciones. Para activar solo borrar el signo (*) y
cambiar la longitud del eje, a *
* 7.0 pulgadas para cada eje en el caso de CGM Graphics, o 3.5 y 5.0
pulgadas para mostrar el Biplot *
* directamente en la pantalla *

*****
*****/

* FILENAME BILOT 'C:\Demo SAS Programs CIMMYT\OUTPUT\Yield
AMMI.CGM';
* GOPTIONS DEVICE=CGMOF97L GSFNAME=BILOT
GSFMODE=REPLACE ;

Proc gplot data=biplot;
  Plot dim2*dim1 / Annotate=labels frame
    Vref=0.0 Href = 0.0
    cvref=black chref=black
    lvref=3 lhref=3
    vaxis=axis2 haxis=axis1
    vminor=1 hminor=1 nolegend;
symbol1 v='.' c=black h=0.2 ;
symbol2 v=none c=black h=0.7 ;

axis2
  length = 7 in          /* Cambiar a 7.0 para CGM */

```



```
order = (-1.5 to 1.5 by 0.3)
  label=(f=hwcm001 h=1.2 a=90 r=0 'factor 2')
  value=(h=0.8)
  minor=none;
```

```
axis1
  length = 9 in          /* Cambiar a 9.0 para CGM */
  order = (-1.5 to 1.5 by 0.3)
    label=(f=hwcm001 h=1.2 'factor 1')
    value=(h=0.8)
    offset=(1)
  minor=none;
```

```
Title1 f=hwcm001 h=1.0 'AMMI Yield para un RCBD';
```

```
run;
```

## Conclusiones

Existen muchas metodologías para establecer la magnitud de la interacción genotipo por ambiente y medir la estabilidad de los genotipos como respuesta diferencial a los ambientes. Los métodos establecidos en este capítulo se diferencian en la forma de establecer la estabilidad, pero todos, con sus complejidades y potencialidades, permitieron establecer que los materiales genéticos de lulo FMH1, FMH4, FMH7 y FM46 se comportan como materiales estables y con altos valores de rendimiento en y a través de las cuatro localidades donde fueron evaluados. Las metodologías coincidieron en establecer la significancia en la interacción genotipo por ambiente.

## Bibliografía del capítulo 6

- Acevedo Barona, M., Silva-Díaz, R., Álvarez-Parra, R., Torres-Angarita, O. & Reyes-Ramone, E. (2020). Estratificación ambiental de arroz por análisis de la interacción genotipo x ambiente con cinco métodos. *Agronomía Mesoamericana*, 31(1), 43-57. <https://www.redalyc.org/journal/437/43761812004/html/>
- Adugna, W. & Labuschagne, M. T. (2003). Parametric and nonparametric measures of phenotypic stability in linseed (*Linum usitatissimum* L.). *Euphytica*, 129(2), 211–218. doi:10.1023/a:1021979303319
- Allard, R. W. & Bradshaw, A. D. (1964). Implications of genotype-environmental interactions in applied plant breeding. *Crop Science*, 4(5), 503-508. doi:10.2135/cropsci1964.0011183x000400050021x
- Annicchiarico, P. (1992). Cultivar adaptation and recommendation from alfalfa trials in Northern Italy. *Journal of Genetics y Breeding*, 46, 269-277.
- Annicchiarico, P. (2002). Genotype x environment interactions: challenges and opportunities for plant breeding and cultivar recommendations. *FAO Plant Production and Protection Paper-174*. FAO. ISBN 92-5-104870-3 <http://www.fao.org/docrep/005/Y4391E/y4391e00.htm#Contents>
- Baena, D. & Ceballos, J. (1994). Distribuciones de probabilidad: conceptos básicos. Modulo I. Universidad Nacional de Colombia.
- Baker, R. J. (1990). Crossover genotype–environment interaction in spring wheat. En M.S. Kang (Ed.). *Genotype-by environment interaction and plant breeding* (pp. 42-52). Louisiana State University Agricultural Center.
- Bartlett, M. S. (1947). The use of transformations. *Biometrics*, 3(1), 39-51. doi:10.2307/3001536
- Becker, H. C. (1981). Correlations among some statistical measures of phenotypic stability. *Euphytica*, 30(3), 835–840. doi: <https://doi.org/10.1007/BF00038812>
- Bowman, J. C. (1972). Genotype x environment interactions. *Annales de Génétique et de Sélection Animale*, 4(1), 117-123. <https://link.springer.com/content/pdf/10.1186%2F1297-9686-4-1-117.pdf>
- Ceballos, H. (1997). Principios básicos de genética cuantitativa. Universidad Nacional de Colombia, Notas de clase del Capítulo V, Diseños genéticos.
- Cornelius, P. L., Seyedsadr, M. & Crossa, J. (1992). Using the shifted multiplicative model to search for “separability” in crop cultivar trials. *Theoretical and Applied Genetics*, 84(1-2), 161–172. doi: <https://doi.org/10.1007/BF00223996>

- Crossa, J., Gauch, H. G. & Zobel, R. W. (1990). Additive main effects and multiplicative interaction analysis of two international maize cultivar trials. *Crop Science*, 30(3), 493-500. <https://doi.org/10.2135/cropsci1990.0011183X003000030003x>
- Crossa J., Yang, R. & Cornelius, P. (2004). Studying crossover genotype × environment interaction using linear-bilinear models and mixed models. *Journal of Agricultural, Biological, and Environmental Statistics*, 9(3), 362–380. doi:10.1198/108571104x4423
- Chaves Lázaro, J. (2001). Interação de genótipos com ambientes. En L. Nass, C. Valois Afonso, I. Melo, M. Valadares-Inglis. (Eds.). Recursos genéticos y melhoramento: plantas (pp. 674-713). Fundação MT.
- Cruz, C., Regazzi, J. & Carneiro Souza, P. (2012). Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. (Vol. 1, 4ª ed.). Editora UFV.
- Cruz, C., Carneiro Souza, P., Regazzi, J. (2014). Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. (Vol. 2, 3ª ed.). Editora UFV.
- Dia, M., Wehner, T. C., Arellano, C. (2017). RGxE: An R program for genotype x environment interaction analysis. *American Journal of Plant Sciences*, 8(7), 1672-1698. doi: 10.4236/ajps.2017.87116.
- Duarte, J. B. & Vencovsky, R. (1999). Interação genótipos x ambientes: Uma introdução à análise AMMI. Edition: Série Monografias, n. 9. Sociedade Brasileira de Genética. [https://www.researchgate.net/publication/235941257 Interacao\\_genotipos\\_x\\_ambientes Uma introducao a analise AMMI](https://www.researchgate.net/publication/235941257_Interacao_genotipos_x_ambientes_Uma_introducao_a_analise_AMMI)
- Eberhart, S. A. & Russell, W. A. (1966). Stability parameters for comparing varieties. *Crop Science*, 6(1), 36-40. doi:10.2135/cropsci1966.0011183x000600010011x
- Ferreira, D., Garcia Borges, C., John Manly, B. F., de Almeida Machado, A & Vencovsky, R. (2006). Statistical models in agriculture: biometrical methods for evaluating phenotypic stability in plant breeding. *CERNE*. 12(4), 373-388.
- Finlay, K. W. & Wilkinson, G. N. (1963). The Analysis of Adaptation in a Plant-Breeding Programme. *Australian Journal of Agricultural Research*. 14(6), 742-754. doi: <http://dx.doi.org/10.1071/AR9630742>
- Francis, T. R., & Kannenberg, L. W. (1978). Yield stability studies in short-season maize. I. A descriptive method for grouping genotypes. *Canadian Journal of Plant Science*, 58(4), 1029–1034. doi:10.4141/cjps78-157
- Gauch Jr., H. G. (1988). Model selection and validation for yield trials with interaction. *Biometrics*. 44(3), 705-715. doi: <http://dx.doi.org/10.2307/2531585>

- Gauch, H.G. & Zobel, R. W. (1996). AMMI analysis of yield trials. En M.S. Kangy H. G. Gauch (Eds.). *Genotype-by-environment interaction* (pp. 85-122). CRC Press. doi: <http://dx.doi.org/10.1201/9781420049374.ch4>
- Gauch, H. G. & Zobel, R. W. (1997). Identifying mega-environments and targeting genotypes. *Crop Science*, 37(2), 311–326. doi : <https://doi.org/10.2135/cropsci1997.0011183X003700020002x>
- Gilbert, N. (1963). Non-additive combining abilities. *Genetics Research Cambridge*, 4(1), 65 – 73. doi: <https://doi.org/10.1017/S0016672300003438>
- Gollob, H. F. (1968). A statistical model which combines features of factor analytic and analysis of variance techniques. *Psychometrika*, 33(1), 73-115. doi : <http://dx.doi.org/10.1007/BF02289676>
- Huehn, M. (1990a). Nonparametric measures of phenotypic stability. Part 1: Theory. *Euphytica*, 47, 189–194. doi: <https://doi.org/10.1007/BF00024241>
- Huehn, M. (1990b). Nonparametric measures of phenotypic stability. Part 2 : Applications. *Euphytica*, 47, 195–201. doi : <https://doi.org/10.1007/BF00024242>
- Kang, M. (2002). Genotype–Environment Interaction: Progress and prospects. En: M. Kang (Ed.). *Quantitative Genetics, Genomics and Plant Breeding* (pp. 221-243). CAB International. [https://www.researchgate.net/publication/313607384\\_Genotype-Environment\\_Interaction\\_Progress\\_and\\_Prospects](https://www.researchgate.net/publication/313607384_Genotype-Environment_Interaction_Progress_and_Prospects)
- Liu, Y., Wei, B., Hu, E., Wu, Y. & Huna, Y. (2011). Yield Stability of Maize Hybrids Evaluated in National Maize Cultivar Regional Trials in Southwestern China Using Parametric Methods. *Agricultural Sciences in China*, 10(9), 1323–1335. doi:10.1016/s1671-2927(11)60125-9
- Lagos-Burbano, T. C. & Criollo-Escobar, H. (2019). *Herramientas estadísticas para la investigación en ciencias agrarias*. Editorial Universidad de Nariño.
- Lin, C. S., Binns, M. R. & Lefkovitch, L. P. (1986). Stability analysis: where do we stand? *Crop Science*, 26(5), 894-900. doi: 10.2135/cropsci1986.0011183x002600050012x
- Lin, C. S. & Binns, M. R. (1988). A superiority measure of cultivar performance for cultivar × location data. *Canadian Journal of Plant Science*, 68(1), 193–198. doi: <https://doi.org/10.4141/cjps88-018>
- Lozano-del Río, A. J., Zamora-Villa, V. M., Ibarra-Jiménez, L., Rodríguez-Herrera, S. A., de la Cruz-Lázaro, E. & de la Rosa-Ibarra, M. (2009). *Universidad y Ciencia*, 25(31), 81-92. <http://www.scielo.org.mx/pdf/uc/v25n1/v25n1a6.pdf>
- Lozano-Ramírez, Á., Santacruz-Varela, A., San-Vicente-García, F., Crossa, J., Burgueño, J. & Molina-Galán, J. D. (2015). Modelación de la interacción genotipo x

- ambiente en rendimiento de híbridos de maíz blanco en ambientes múltiples. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 38(4), 337–347. <http://www.scielo.org.mx/pdf/rfm/v38n4/v38n4a1.pdf>
- Mandel, J. (1971). A New Analysis of Variance Model for Non-additive Data, *Technometrics*, 13(1) 1-18. doi: 10.1080/00401706.1971.10488751
- Medina C., C. I., Lobo A., M. & Martínez B., E. (2009). Revisión del estado del conocimiento sobre la función productiva del lulo (*Solanum quitoense* Lam.) en Colombia. *Corpoica Ciencia y Tecnología Agropecuaria*, 10(2), 167-179.
- Ochoa-Cadavid, I., Preciado-Ortíz, R. E. & Bayuelo-Jimenez, J. S. (2019). Interacción genotipo × ambiente y estabilidad en rendimiento de variedades de maíz en condiciones contrastantes de fósforo. *AGROCIENCIA*, 53(3), 337-353.
- Perkins, J. M. & Jinks, J. L. (1968). Environmental and genotype-environmental components of variability III. Multiple lines and crosses. *Heredity*, 23(3), 339–356. doi: <https://doi.org/10.1038/hdy.1968.48>
- Piepho, H.-P. (1998). Methods for comparing the yield stability of cropping systems. *Journal of Agronomy and Crop Science*, 180(4), 193–213. doi:10.1111/j.1439-037x.1998.tb00526.x
- Romagosa, I. & Fox, P. N. (1993). Genotipe x environment interaction and adaptation. En M. D. Hayword, N. O. Bosemark, & I. Romagoza (Eds.). *Plant breeding: principles and prospects* (pp.373-390). CIHEAM.
- Rueda Restrepo, J. A. & Cotes Torres, J. M. (2009). Evaluación de dos métodos de estabilidad fenotípica a través de validación cruzada. *Revista Facultad Nacional de Agronomía Medellín*, 62(2), 5111-5123.
- Sánchez Aspeytia, D., Borrego Escalante, F., Zamora Villa, V. M., Sánchez Chaparro, J. D. & Castillo Reyes, F. (2015). Estimación de la interacción genotipo-ambiente en tomate (*Solanum lycopersicum* L.) con el modelo AMMI. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*, 6(4), 763-778.
- Singh, R.K. & Chaudhary, B. D. (1985). *Biometrical methods in quantitative genetic analysis*. Kalyani Publishers.
- Singh, M., Ceccarelli, S. & Grando, S. (1999). Genotype x environment interaction of crossover type: detecting its presence and estimating the crossover point. *Theoretical and Applied Genetics*, 99(6), 988–995. doi:10.1007/s001220051406
- Singh, S., Singh, V.V. & Choudhary, A.D. (2014). Genotype × environment interaction and yield stability analysis in multienvironment. *Tropical and Subtropical Agroecosystems*, 17(3), 477 – 482.

- Shukla, G. K. (1972). Some statistical aspects of partitioning genotype-environmental components of variability. *Heredity*, 29(2), 237–245. doi: <https://doi.org/10.1038/hdy.1972.87>
- Steel, R. G. D. & Torrie, J. H. (1985). *Bioestadística: principios y procedimientos*. (2a ed.) (R. Martínez, Trad.) McGraw-Bogotá.
- Tirado, R. M., Tirado, R. L. & Mendoza, J. C. (2018). Interacción genotipo × ambiente en rendimiento de papa (*Solanum tuberosum* L.) con pulpa pigmentada en Cutervo, Perú. *Chilean Journal of Agricultural and Animal Sciences*, (ex Agro-Ciencia), 34(3), 191-198. <https://scielo.conicyt.cl/pdf/chjaasc/v34n3/0719-3890-chjaasc-00502.pdf>
- Vargas Hernandez, M. & Crossa, J. (2000). The AMMI analysis and graphing the biplot. CIMMYT, INT. <https://repository.cimmyt.org/xmlui/handle/10883/585>
- Yan, W. & Kang, M. S. (2002). *GGE Biplot analysis: a graphical tool for breeders, geneticists and agronomists*. CRC Press LLC.
- Yan, W., Hunt, L. A., Sheng, Q. L. & Szlavnics, Z. (2000). Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE Biplot. *Crop Science*, 40, 597- 605. doi: <https://doi.org/10.2135/cropsci2000.403597x>
- Yan, W. (2001). Software GGEbiplot—a windows application for graphical analysis of multi-environment trial data and other types of two-way data. *Agronomy Journal*, 93, p1111–1118.
- Zobel, R. W., Wright, M. J. & Gauch, Jr. H. G. (1988). Statistical analysis of a yield trial. *Agronomy Journal*, 80(3), 388-393. doi: <https://doi.org/10.2134/agronj1988.00021962008000030002x>

## Anexos

### Anexo 2.1

Base de Datos de Número de Tubérculos por Planta (TPP), Peso en kg de Tubérculos por Planta (PTP), Rendimiento en t/ha (RTO), Rendimiento en t/ha de Primera (RP), Rendimiento en t/ha de Segunda (RS) y Materia Seca del Tubérculo (MS) en Porcentaje, Evaluados en Nueve Genotipos de Papa Bajo Cuatro Niveles de Fertilización.

| Rep | NF | Genotipo     | TPP   | PTP  | RTO   | RP    | RS    | MS    |
|-----|----|--------------|-------|------|-------|-------|-------|-------|
| 1   | 0  | UdenarStCr01 | 12,13 | 0,39 | 19,69 | 10,16 | 6,25  | 24,36 |
| 2   | 0  | UdenarStCr01 | 10,84 | 0,57 | 18,95 | 12,28 | 5,53  | 24,23 |
| 3   | 0  | UdenarStCr01 | 6,20  | 0,56 | 15,90 | 12,67 | 2,57  | 30,04 |
| 4   | 0  | UdenarStCr01 | 5,89  | 0,48 | 11,94 | 9,86  | 1,25  | 21,57 |
| 1   | 60 | UdenarStCr01 | 16,43 | 0,60 | 30,00 | 18,04 | 7,68  | 26,96 |
| 2   | 60 | UdenarStCr01 | 23,65 | 1,05 | 34,90 | 22,16 | 10,00 | 25,19 |
| 3   | 60 | UdenarStCr01 | 7,43  | 0,88 | 25,20 | 22,14 | 2,55  | 22,58 |
| 4   | 60 | UdenarStCr01 | 7,71  | 0,82 | 20,45 | 16,07 | 3,48  | 19,58 |
| 1   | 70 | UdenarStCr01 | 24,67 | 0,93 | 46,50 | 32,67 | 11,33 | 27,76 |
| 2   | 70 | UdenarStCr01 | 14,84 | 0,76 | 25,18 | 12,89 | 10,61 | 24,11 |
| 3   | 70 | UdenarStCr01 | 11,95 | 0,88 | 25,26 | 18,80 | 4,21  | 24,35 |
| 4   | 70 | UdenarStCr01 | 7,44  | 0,33 | 8,19  | 5,14  | 1,39  | 22,05 |
| 1   | 80 | UdenarStCr01 | 19,11 | 1,05 | 52,50 | 38,61 | 11,67 | 19,71 |
| 2   | 80 | UdenarStCr01 | 9,50  | 1,00 | 33,44 | 23,85 | 7,50  | 23,7  |
| 3   | 80 | UdenarStCr01 | 11,25 | 0,98 | 28,04 | 24,11 | 3,30  | 22,31 |
| 4   | 80 | UdenarStCr01 | 3,00  | 0,19 | 4,81  | 2,69  | 0,96  | 21,45 |
| 1   | 0  | UdenarStCr10 | 20,53 | 1,03 | 51,67 | 32,83 | 15,83 | 21,2  |
| 2   | 0  | UdenarStCr10 | 21,05 | 0,87 | 28,86 | 15,61 | 10,79 | 21,76 |
| 3   | 0  | UdenarStCr10 | 10,56 | 0,64 | 18,17 | 13,33 | 4,05  | 23,81 |
| 4   | 0  | UdenarStCr10 | 10,75 | 0,53 | 13,13 | 8,54  | 3,33  | 24,05 |
| 1   | 60 | UdenarStCr10 | 24,31 | 0,54 | 27,03 | 11,41 | 11,88 | 18,5  |
| 2   | 60 | UdenarStCr10 | 33,58 | 1,17 | 39,12 | 22,28 | 10,70 | 20,77 |
| 3   | 60 | UdenarStCr10 | 16,67 | 0,84 | 24,13 | 16,11 | 5,87  | 24,47 |
| 4   | 60 | UdenarStCr10 | 25,53 | 1,22 | 30,42 | 24,67 | 1,33  | 21,72 |
| 1   | 70 | UdenarStCr10 | 20,19 | 1,16 | 57,97 | 33,59 | 19,69 | 16,54 |
| 2   | 70 | UdenarStCr10 | 21,00 | 1,16 | 38,56 | 26,46 | 10,09 | 16,98 |
| 3   | 70 | UdenarStCr10 | 26,61 | 1,20 | 34,29 | 22,38 | 9,84  | 15,91 |
| 4   | 70 | UdenarStCr10 | 13,31 | 0,85 | 21,19 | 14,61 | 3,98  | 18,49 |
| 1   | 80 | UdenarStCr10 | 31,92 | 1,34 | 66,92 | 35,19 | 20,77 | 25,18 |
| 2   | 80 | UdenarStCr10 | 19,72 | 1,05 | 35,00 | 23,80 | 9,17  | 25,46 |
| 3   | 80 | UdenarStCr10 | 21,82 | 1,18 | 33,70 | 22,69 | 8,57  | 21,84 |
| 4   | 80 | UdenarStCr10 | 14,25 | 0,94 | 23,54 | 17,40 | 4,06  | 21,62 |
| 1   | 0  | UdenarStCr40 | 28,15 | 0,54 | 27,12 | 11,35 | 8,08  | 26,86 |
| 2   | 0  | UdenarStCr40 | 17,12 | 0,41 | 13,63 | 7,45  | 4,51  | 29,51 |



|   |    |              |       |      |       |       |       |       |
|---|----|--------------|-------|------|-------|-------|-------|-------|
| 3 | 0  | UdenarStCr40 | 24,90 | 0,99 | 28,14 | 15,86 | 8,14  | 100   |
| 4 | 0  | UdenarStCr40 | 17,08 | 0,53 | 13,23 | 8,54  | 2,08  | 26,36 |
| 1 | 60 | UdenarStCr40 | 16,75 | 0,34 | 17,03 | 5,31  | 5,78  | 24,69 |
| 2 | 60 | UdenarStCr40 | 28,50 | 0,72 | 23,96 | 11,98 | 7,40  | 23,81 |
| 3 | 60 | UdenarStCr40 | 24,06 | 0,68 | 19,52 | 10,87 | 6,35  | 21,38 |
| 4 | 60 | UdenarStCr40 | 32,06 | 0,95 | 23,82 | 12,43 | 6,32  | 28,87 |
| 1 | 70 | UdenarStCr40 | 17,67 | 0,67 | 33,50 | 15,00 | 12,00 | 30,05 |
| 2 | 70 | UdenarStCr40 | 28,95 | 0,81 | 27,11 | 14,04 | 7,54  | 26,66 |
| 3 | 70 | UdenarStCr40 | 15,89 | 0,73 | 20,98 | 11,65 | 6,47  | 21,89 |
| 4 | 70 | UdenarStCr40 | 21,56 | 0,69 | 17,19 | 8,98  | 4,77  | 26,19 |
| 1 | 80 | UdenarStCr40 | 35,85 | 0,78 | 39,23 | 13,27 | 14,42 | 27,46 |
| 2 | 80 | UdenarStCr40 | 28,89 | 0,71 | 23,51 | 12,63 | 4,47  | 23,29 |
| 3 | 80 | UdenarStCr40 | 31,37 | 0,86 | 24,66 | 15,79 | 6,39  | 26,27 |
| 4 | 80 | UdenarStCr40 | 27,25 | 1,10 | 27,50 | 18,65 | 4,38  | 24,99 |
| 1 | 0  | UdenarStCr42 | 15,50 | 0,58 | 29,17 | 19,03 | 6,94  | 20,08 |
| 2 | 0  | UdenarStCr42 | 23,94 | 0,84 | 28,02 | 12,19 | 11,15 | 23,22 |
| 3 | 0  | UdenarStCr42 | 19,50 | 0,63 | 18,13 | 7,77  | 7,77  | 25,56 |
| 4 | 0  | UdenarStCr42 | 16,23 | 0,56 | 13,94 | 6,83  | 3,17  | 25,94 |
| 1 | 60 | UdenarStCr42 | 9,20  | 0,62 | 30,83 | 16,00 | 8,67  | 25,93 |
| 2 | 60 | UdenarStCr42 | 29,50 | 1,10 | 36,67 | 14,58 | 12,81 | 24,26 |
| 3 | 60 | UdenarStCr42 | 26,20 | 0,99 | 28,19 | 15,24 | 9,05  | 24,32 |
| 4 | 60 | UdenarStCr42 | 36,47 | 1,29 | 32,25 | 8,58  | 18,00 | 26,77 |
| 1 | 70 | UdenarStCr42 | 21,29 | 0,94 | 46,91 | 21,18 | 18,24 | 22,66 |
| 2 | 70 | UdenarStCr42 | 24,80 | 1,01 | 33,67 | 16,33 | 14,56 | 25,38 |
| 3 | 70 | UdenarStCr42 | 23,06 | 0,87 | 24,87 | 12,35 | 8,82  | 23,66 |
| 4 | 70 | UdenarStCr42 | 10,94 | 0,76 | 19,10 | 8,61  | 7,57  | 24,88 |
| 1 | 80 | UdenarStCr42 | 27,00 | 0,78 | 38,97 | 16,91 | 15,00 | 23,99 |
| 2 | 80 | UdenarStCr42 | 22,29 | 1,01 | 33,57 | 22,02 | 7,50  | 28,09 |
| 3 | 80 | UdenarStCr42 | 38,18 | 1,27 | 36,22 | 17,14 | 13,87 | 26,60 |
| 4 | 80 | UdenarStCr42 | 31,87 | 0,91 | 22,75 | 13,00 | 4,67  | 27,2  |
| 1 | 0  | UdenarStCr45 | 19,39 | 0,41 | 20,44 | 7,92  | 7,36  | 24,04 |
| 2 | 0  | UdenarStCr45 | 13,42 | 0,69 | 22,98 | 7,54  | 11,49 | 27,78 |
| 3 | 0  | UdenarStCr45 | 14,53 | 0,51 | 14,44 | 6,17  | 5,94  | 28,77 |
| 4 | 0  | UdenarStCr45 | 22,87 | 0,94 | 23,58 | 11,75 | 5,58  | 28,27 |
| 1 | 60 | UdenarStCr45 | 36,53 | 0,79 | 39,50 | 15,50 | 16,17 | 25,62 |
| 2 | 60 | UdenarStCr45 | 35,47 | 1,06 | 35,29 | 12,75 | 6,47  | 29,05 |
| 3 | 60 | UdenarStCr45 | 22,19 | 0,99 | 28,39 | 8,21  | 12,68 | 28,19 |
| 4 | 60 | UdenarStCr45 | 38,47 | 1,25 | 31,25 | 7,57  | 13,01 | 31,31 |
| 1 | 70 | UdenarStCr45 | 26,72 | 0,84 | 42,08 | 16,39 | 15,14 | 24,64 |
| 2 | 70 | UdenarStCr45 | 32,82 | 0,94 | 31,20 | 8,75  | 10,78 | 30,56 |
| 3 | 70 | UdenarStCr45 | 49,13 | 1,53 | 43,84 | 16,25 | 15,36 | 31,07 |
| 4 | 70 | UdenarStCr45 | 38,06 | 1,27 | 31,72 | 13,44 | 12,73 | 29,63 |
| 1 | 80 | UdenarStCr45 | 38,73 | 1,37 | 68,41 | 23,41 | 28,41 | 26,56 |

|   |    |              |       |      |       |       |       |        |
|---|----|--------------|-------|------|-------|-------|-------|--------|
| 2 | 80 | UdenarStCr45 | 39,80 | 1,60 | 53,44 | 27,22 | 16,78 | 28,87  |
| 3 | 80 | UdenarStCr45 | 27,95 | 1,07 | 30,54 | 14,68 | 11,88 | 27,17  |
| 4 | 80 | UdenarStCr45 | 22,86 | 1,17 | 29,20 | 16,88 | 7,23  | 27,59  |
| 1 | 0  | UdenarStCr46 | 18,06 | 0,47 | 23,28 | 10,00 | 8,44  | 24,85  |
| 2 | 0  | UdenarStCr46 | 10,26 | 0,54 | 18,16 | 7,89  | 5,00  | 30,81  |
| 3 | 0  | UdenarStCr46 | 18,95 | 0,71 | 20,23 | 6,84  | 10,08 | 34,84  |
| 4 | 0  | UdenarStCr46 | 9,55  | 0,57 | 14,32 | 10,80 | 2,50  | 31,94  |
| 1 | 60 | UdenarStCr46 | 20,35 | 0,47 | 23,68 | 9,41  | 9,41  | 26,16  |
| 2 | 60 | UdenarStCr46 | 17,38 | 0,68 | 22,50 | 10,94 | 7,71  | 25,98  |
| 3 | 60 | UdenarStCr46 | 18,82 | 0,69 | 19,75 | 9,92  | 7,73  | 32,86  |
| 4 | 60 | UdenarStCr46 | 15,63 | 1,06 | 26,48 | 11,48 | 11,72 | 26,6   |
| 1 | 70 | UdenarStCr46 | 23,39 | 0,69 | 34,72 | 16,67 | 11,67 | 27,57  |
| 2 | 70 | UdenarStCr46 | 27,19 | 0,99 | 32,92 | 13,13 | 12,29 | 26,63  |
| 3 | 70 | UdenarStCr46 | 22,31 | 1,30 | 37,05 | 15,09 | 15,27 | 25,98  |
| 4 | 70 | UdenarStCr46 | 19,06 | 1,01 | 25,31 | 14,45 | 6,80  | 25,07  |
| 1 | 80 | UdenarStCr46 | 23,69 | 0,68 | 34,06 | 10,63 | 17,34 | 24,87  |
| 2 | 80 | UdenarStCr46 | 36,11 | 1,01 | 33,70 | 11,67 | 14,26 | 28,41  |
| 3 | 80 | UdenarStCr46 | 30,76 | 1,14 | 32,52 | 15,55 | 12,86 | 25,98  |
| 4 | 80 | UdenarStCr46 | 22,61 | 0,84 | 21,11 | 11,04 | 7,22  | 30,13  |
| 1 | 0  | UdenarStCr49 | 8,80  | 0,29 | 14,50 | 7,50  | 5,50  | 31,03  |
| 2 | 0  | UdenarStCr49 | 44,10 | 0,98 | 32,50 | 10,50 | 15,67 | 27,45  |
| 3 | 0  | UdenarStCr49 | 4,28  | 0,26 | 7,54  | 3,25  | 3,57  | 34,84  |
| 4 | 0  | UdenarStCr49 | 17,03 | 0,48 | 12,08 | 4,51  | 5,68  | 31,11  |
| 1 | 60 | UdenarStCr49 | 12,50 | 0,98 | 48,75 | 14,75 | 25,75 | 26,85  |
| 2 | 60 | UdenarStCr49 | 21,00 | 0,98 | 32,50 | 10,28 | 11,94 | 24,87  |
| 3 | 60 | UdenarStCr49 | 14,60 | 0,36 | 10,29 | 4,57  | 2,86  | 29,24  |
| 4 | 60 | UdenarStCr49 | 10,75 | 0,36 | 8,91  | 5,31  | 2,50  | 24,45  |
| 1 | 70 | UdenarStCr49 | 2,13  | 0,08 | 3,98  | 1,93  | 1,39  | 21,65  |
| 2 | 70 | UdenarStCr49 | 40,50 | 0,97 | 32,17 | 13,17 | 12,00 | 26,17  |
| 3 | 70 | UdenarStCr49 | 13,88 | 0,95 | 27,14 | 18,04 | 6,43  | 29,92  |
| 4 | 70 | UdenarStCr49 | 19,67 | 0,66 | 16,56 | 8,62  | 5,21  | 25,91  |
| 1 | 80 | UdenarStCr49 | 14,00 | 0,53 | 26,43 | 12,86 | 8,21  | 27,72  |
| 2 | 80 | UdenarStCr49 | 34,10 | 0,96 | 32,00 | 20,00 | 8,83  | 27,72  |
| 3 | 80 | UdenarStCr49 | 36,00 | 2,04 | 58,29 | 32,86 | 15,71 | 31,755 |
| 4 | 80 | UdenarStCr49 | 29,57 | 1,12 | 27,98 | 16,13 | 7,80  | 29,74  |
| 1 | 0  | UdenarStCr54 | 26,13 | 0,40 | 20,16 | 3,59  | 9,06  | 23,43  |
| 2 | 0  | UdenarStCr54 | 15,35 | 0,64 | 21,37 | 6,47  | 8,82  | 20,43  |
| 3 | 0  | UdenarStCr54 | 17,63 | 0,48 | 13,76 | 5,56  | 6,02  | 26,95  |
| 4 | 0  | UdenarStCr54 | 34,07 | 0,95 | 23,75 | 10,25 | 7,08  | 22,9   |
| 1 | 60 | UdenarStCr54 | 39,94 | 0,60 | 30,00 | 14,06 | 10,31 | 26,01  |
| 2 | 60 | UdenarStCr54 | 50,32 | 0,76 | 25,44 | 3,16  | 10,26 | 26,77  |
| 3 | 60 | UdenarStCr54 | 27,89 | 0,97 | 27,70 | 9,76  | 13,41 | 31,26  |
| 4 | 60 | UdenarStCr54 | 29,89 | 0,86 | 21,45 | 9,54  | 4,01  | 27,51  |
| 1 | 70 | UdenarStCr54 | 29,24 | 0,71 | 35,74 | 7,79  | 17,35 | 25,94  |

|   |    |               |       |      |       |       |       |        |
|---|----|---------------|-------|------|-------|-------|-------|--------|
| 2 | 70 | UdenarStCr54  | 39,37 | 0,86 | 28,68 | 8,25  | 8,77  | 26,5   |
| 3 | 70 | UdenarStCr54  | 30,94 | 0,85 | 24,29 | 9,84  | 9,13  | 28,38  |
| 4 | 70 | UdenarStCr54  | 36,94 | 1,08 | 26,88 | 9,69  | 7,11  | 27,13  |
| 1 | 80 | UdenarStCr54  | 41,72 | 0,72 | 35,97 | 3,61  | 17,50 | 27,95  |
| 2 | 80 | UdenarStCr54  | 46,00 | 0,99 | 32,96 | 6,11  | 14,17 | 26,41  |
| 3 | 80 | UdenarStCr54  | 32,59 | 0,99 | 28,40 | 10,59 | 13,28 | 27,07  |
| 4 | 80 | UdenarStCr54  | 27,94 | 0,74 | 18,60 | 8,09  | 6,32  | 27,07  |
| 1 | 0  | UdenarStCr63  | 14,94 | 0,38 | 18,75 | 8,06  | 5,97  | 25,91  |
| 2 | 0  | UdenarStCr63  | 17,19 | 0,62 | 20,52 | 9,48  | 8,33  | 29,99  |
| 3 | 0  | UdenarStCr63  | 25,38 | 0,91 | 26,07 | 7,32  | 13,84 | 25,79  |
| 4 | 0  | UdenarStCr63  | 7,00  | 0,35 | 8,84  | 5,45  | 2,41  | 28,13  |
| 1 | 60 | UdenarStCr63  | 20,82 | 0,42 | 21,03 | 9,85  | 7,94  | 26,27  |
| 2 | 60 | UdenarStCr63  | 21,88 | 0,86 | 28,73 | 12,55 | 8,92  | 24,3   |
| 3 | 60 | UdenarStCr63  | 11,33 | 0,87 | 24,84 | 15,24 | 7,86  | 25,33  |
| 4 | 60 | UdenarStCr63  | 15,35 | 0,69 | 17,35 | 7,57  | 6,99  | 30,01  |
| 1 | 70 | UdenarStCr63  | 15,47 | 0,86 | 43,24 | 26,47 | 12,35 | 22,93  |
| 2 | 70 | UdenarStCr63  | 12,06 | 0,96 | 32,02 | 13,69 | 15,00 | 26,5   |
| 3 | 70 | UdenarStCr63  | 20,12 | 0,86 | 24,62 | 12,27 | 9,83  | 20,88  |
| 4 | 70 | UdenarStCr63  | 9,00  | 0,69 | 17,25 | 10,50 | 4,42  | 26,27  |
| 1 | 80 | UdenarStCr63  | 25,00 | 1,21 | 60,25 | 20,50 | 28,25 | 32,16  |
| 2 | 80 | UdenarStCr63  | 14,53 | 0,73 | 24,39 | 14,47 | 7,02  | 27,92  |
| 3 | 80 | UdenarStCr63  | 23,07 | 1,09 | 31,24 | 19,52 | 9,33  | 32,19  |
| 4 | 80 | UdenarStCr63  | 9,38  | 0,64 | 16,09 | 12,19 | 2,27  | 23,2   |
| 1 | 0  | UdenarStCr140 | 18,29 | 0,37 | 18,38 | 6,47  | 7,21  | 27,99  |
| 2 | 0  | UdenarStCr140 | 20,59 | 0,38 | 12,55 | 2,55  | 5,59  | 25,95  |
| 3 | 0  | UdenarStCr140 | 28,24 | 0,81 | 23,11 | 7,48  | 10,59 | 13,16  |
| 4 | 0  | UdenarStCr140 | 16,00 | 0,46 | 11,54 | 4,13  | 3,37  | 28,33  |
| 1 | 60 | UdenarStCr140 | 17,06 | 0,45 | 22,50 | 13,24 | 6,62  | 29,72  |
| 2 | 60 | UdenarStCr140 | 22,53 | 0,63 | 20,88 | 6,14  | 8,95  | 25,84  |
| 3 | 60 | UdenarStCr140 | 20,67 | 0,74 | 21,19 | 10,32 | 7,54  | 22,67  |
| 4 | 60 | UdenarStCr140 | 19,75 | 0,83 | 20,63 | 10,63 | 5,63  | 32,78  |
| 1 | 70 | UdenarStCr140 | 18,79 | 0,52 | 25,92 | 7,37  | 10,79 | 27,46  |
| 2 | 70 | UdenarStCr140 | 17,94 | 0,46 | 15,37 | 6,02  | 7,87  | 32,34  |
| 3 | 70 | UdenarStCr140 | 29,74 | 0,89 | 25,34 | 9,40  | 9,85  | 26,43  |
| 4 | 70 | UdenarStCr140 | 14,63 | 0,62 | 15,39 | 8,52  | 4,61  | 20,47  |
| 1 | 80 | UdenarStCr140 | 21,87 | 0,70 | 35,17 | 12,00 | 13,50 | 27,39  |
| 2 | 80 | UdenarStCr140 | 36,18 | 0,88 | 29,41 | 7,16  | 14,31 | 23,664 |
| 3 | 80 | UdenarStCr140 | 30,50 | 0,96 | 27,54 | 11,11 | 9,84  | 25,85  |
| 4 | 80 | UdenarStCr140 | 23,73 | 0,96 | 24,00 | 15,08 | 4,17  | 23,95  |

**Anexo 2.2**

*Datos Originales de Siete Variables de 36 Híbridos Obtenidos de un Dialélico de Nueve Líneas Doble Haploides de Uchuva (Physalis peruviana L.), Evaluado Bajo el Método IV de Griffing (1956) en Cuatro Localidades del Departamento de Nariño.*

| LOC       | HIB  | I | J  | REP | HIB | PCC  | PSC  | DE    | EP    | SST   | AA    | RTO   |
|-----------|------|---|----|-----|-----|------|------|-------|-------|-------|-------|-------|
| GUALMATÁN | 1x2  | 1 | 2  | 1   | 1   | 5,88 | 5,15 | 21,05 | 18,69 | 15,57 | 36,60 | 14,71 |
| GUALMATÁN | 1x2  | 1 | 2  | 2   | 1   | 6,69 | 5,99 | 22,20 | 20,54 | 15,35 | 34,80 | 10,24 |
| GUALMATÁN | 1x2  | 1 | 2  | 3   | 1   | 4,89 | 4,33 | 19,59 | 18,84 | 14,94 | 33,90 | 10,53 |
| GUALMATÁN | 1x2  | 1 | 2  | 4   | 1   | 7,16 | 6,37 | 21,54 | 20,49 | 13,93 | 37,80 | 14,50 |
| GUALMATÁN | 1x3  | 1 | 3  | 1   | 2   | 7,38 | 6,23 | 21,83 | 21,11 | 13,98 | 32,70 | 15,77 |
| GUALMATÁN | 1x3  | 1 | 3  | 2   | 2   | 4,31 | 3,91 | 18,44 | 18,28 | 15,94 | 36,60 | 10,99 |
| GUALMATÁN | 1x3  | 1 | 3  | 3   | 2   | 6,70 | 6,06 | 22,45 | 20,63 | 15,23 | 22,50 | 10,30 |
| GUALMATÁN | 1x3  | 1 | 3  | 4   | 2   | 6,25 | 5,53 | 20,62 | 20,27 | 14,66 | 39,90 | 10,79 |
| GUALMATÁN | 1x4  | 1 | 4  | 1   | 3   | 5,78 | 5,26 | 20,79 | 20,05 | 15,92 | 38,40 | 16,30 |
| GUALMATÁN | 1x4  | 1 | 4  | 2   | 3   | 7,83 | 6,79 | 22,50 | 22,21 | 15,63 | 36,00 | 12,18 |
| GUALMATÁN | 1x4  | 1 | 4  | 3   | 3   | 7,13 | 6,29 | 22,45 | 20,80 | 15,13 | 18,90 | 11,35 |
| GUALMATÁN | 1x4  | 1 | 4  | 4   | 3   | 7,47 | 6,46 | 22,61 | 21,70 | 13,85 | 43,20 | 16,24 |
| GUALMATÁN | 1x6  | 1 | 6  | 1   | 4   | 5,44 | 4,78 | 20,13 | 19,17 | 16,26 | 36,60 | 10,54 |
| GUALMATÁN | 1x6  | 1 | 6  | 2   | 4   | 6,16 | 5,42 | 21,82 | 20,15 | 15,04 | 35,40 | 11,62 |
| GUALMATÁN | 1x6  | 1 | 6  | 3   | 4   | 6,88 | 6,04 | 21,97 | 20,34 | 15,21 | 23,70 | 10,95 |
| GUALMATÁN | 1x6  | 1 | 6  | 4   | 4   | 7,21 | 6,43 | 22,51 | 20,24 | 14,75 | 45,00 | 16,41 |
| GUALMATÁN | 1x7  | 1 | 7  | 1   | 5   | 5,34 | 4,73 | 19,84 | 19,36 | 15,37 | 34,80 | 12,73 |
| GUALMATÁN | 1x7  | 1 | 7  | 2   | 5   | 7,25 | 6,49 | 22,31 | 25,01 | 14,54 | 38,40 | 11,47 |
| GUALMATÁN | 1x7  | 1 | 7  | 3   | 5   | 7,23 | 6,33 | 21,47 | 20,49 | 14,73 | 33,60 | 12,28 |
| GUALMATÁN | 1x7  | 1 | 7  | 4   | 5   | 6,13 | 5,20 | 19,69 | 19,48 | 13,39 | 47,10 | 14,30 |
| GUALMATÁN | 1x8  | 1 | 8  | 1   | 6   | 8,83 | 7,84 | 22,59 | 22,94 | 15,89 | 42,00 | 16,45 |
| GUALMATÁN | 1x8  | 1 | 8  | 2   | 6   | 6,31 | 5,43 | 20,74 | 20,20 | 14,59 | 36,00 | 14,71 |
| GUALMATÁN | 1x8  | 1 | 8  | 3   | 6   | 5,92 | 5,18 | 20,27 | 19,75 | 14,52 | 32,10 | 13,47 |
| GUALMATÁN | 1x8  | 1 | 8  | 4   | 6   | 7,91 | 7,35 | 23,67 | 22,36 | 13,88 | 44,10 | 13,45 |
| GUALMATÁN | 1x9  | 1 | 9  | 1   | 7   | 7,11 | 6,27 | 22,27 | 21,17 | 14,00 | 32,10 | 11,73 |
| GUALMATÁN | 1x9  | 1 | 9  | 2   | 7   | 7,82 | 6,75 | 22,54 | 21,23 | 15,22 | 37,80 | 14,69 |
| GUALMATÁN | 1x9  | 1 | 9  | 3   | 7   | 4,55 | 4,07 | 18,63 | 18,11 | 15,08 | 36,30 | 10,39 |
| GUALMATÁN | 1x9  | 1 | 9  | 4   | 7   | 7,97 | 6,71 | 22,49 | 21,20 | 14,33 | 44,40 | 15,47 |
| GUALMATÁN | 1x10 | 1 | 10 | 1   | 8   | 6,70 | 5,83 | 20,53 | 20,17 | 15,74 | 39,60 | 12,82 |
| GUALMATÁN | 1x10 | 1 | 10 | 2   | 8   | 4,19 | 3,71 | 18,51 | 17,07 | 15,11 | 36,30 | 11,22 |
| GUALMATÁN | 1x10 | 1 | 10 | 3   | 8   | 8,33 | 7,36 | 23,60 | 21,97 | 15,47 | 31,80 | 10,63 |
| GUALMATÁN | 1x10 | 1 | 10 | 4   | 8   | 5,22 | 4,61 | 19,80 | 19,41 | 14,71 | 42,00 | 12,40 |
| GUALMATÁN | 2x3  | 2 | 3  | 1   | 9   | 7,33 | 6,51 | 22,50 | 21,01 | 15,93 | 38,40 | 10,92 |
| GUALMATÁN | 2x3  | 2 | 3  | 2   | 9   | 6,06 | 5,44 | 22,29 | 21,79 | 15,67 | 34,50 | 12,61 |
| GUALMATÁN | 2x3  | 2 | 3  | 3   | 9   | 4,59 | 3,95 | 19,01 | 18,08 | 14,67 | 27,00 | 9,86  |
| GUALMATÁN | 2x3  | 2 | 3  | 4   | 9   | 7,19 | 6,44 | 22,17 | 21,08 | 14,87 | 40,20 | 9,47  |
| GUALMATÁN | 2x4  | 2 | 4  | 1   | 10  | 5,74 | 4,92 | 18,96 | 19,61 | 15,70 | 32,10 | 13,10 |
| GUALMATÁN | 2x4  | 2 | 4  | 2   | 10  | 6,43 | 5,75 | 21,16 | 20,00 | 15,23 | 39,30 | 15,28 |
| GUALMATÁN | 2x4  | 2 | 4  | 3   | 10  | 5,46 | 4,91 | 21,68 | 20,24 | 14,76 | 29,70 | 13,08 |
| GUALMATÁN | 2x4  | 2 | 4  | 4   | 10  | 7,26 | 6,21 | 21,64 | 21,21 | 14,11 | 46,50 | 11,57 |

|           |      |   |    |   |    |      |      |       |       |       |       |       |
|-----------|------|---|----|---|----|------|------|-------|-------|-------|-------|-------|
| GUALMATÁN | 2x6  | 2 | 6  | 1 | 11 | 6,95 | 6,11 | 21,49 | 21,27 | 15,77 | 37,80 | 11,94 |
| GUALMATÁN | 2x6  | 2 | 6  | 2 | 11 | 6,10 | 5,39 | 20,96 | 19,72 | 15,26 | 42,30 | 10,95 |
| GUALMATÁN | 2x6  | 2 | 6  | 3 | 11 | 5,74 | 5,27 | 20,00 | 19,07 | 14,99 | 30,30 | 9,31  |
| GUALMATÁN | 2x6  | 2 | 6  | 4 | 11 | 5,95 | 4,82 | 20,12 | 19,32 | 14,34 | 44,40 | 12,44 |
| GUALMATÁN | 2x7  | 2 | 7  | 1 | 12 | 6,15 | 5,38 | 20,94 | 20,55 | 14,74 | 36,90 | 13,35 |
| GUALMATÁN | 2x7  | 2 | 7  | 2 | 12 | 5,67 | 4,86 | 20,03 | 19,23 | 15,18 | 39,60 | 14,64 |
| GUALMATÁN | 2x7  | 2 | 7  | 3 | 12 | 6,39 | 5,78 | 21,27 | 20,20 | 15,07 | 34,20 | 14,62 |
| GUALMATÁN | 2x7  | 2 | 7  | 4 | 12 | 5,84 | 5,07 | 19,83 | 19,17 | 14,04 | 43,50 | 14,52 |
| GUALMATÁN | 2x8  | 2 | 8  | 1 | 13 | 6,10 | 5,43 | 21,02 | 20,62 | 15,82 | 36,60 | 14,40 |
| GUALMATÁN | 2x8  | 2 | 8  | 2 | 13 | 6,01 | 5,06 | 19,84 | 19,77 | 14,28 | 37,80 | 14,84 |
| GUALMATÁN | 2x8  | 2 | 8  | 3 | 13 | 6,73 | 5,91 | 21,37 | 20,68 | 14,99 | 34,50 | 13,20 |
| GUALMATÁN | 2x8  | 2 | 8  | 4 | 13 | 6,43 | 5,43 | 20,79 | 20,72 | 14,10 | 42,30 | 14,36 |
| GUALMATÁN | 2x9  | 2 | 9  | 1 | 14 | 7,54 | 6,68 | 22,79 | 21,40 | 15,47 | 40,50 | 12,34 |
| GUALMATÁN | 2x9  | 2 | 9  | 2 | 14 | 5,07 | 4,46 | 19,08 | 19,05 | 14,83 | 36,60 | 13,02 |
| GUALMATÁN | 2x9  | 2 | 9  | 3 | 14 | 6,23 | 5,52 | 20,44 | 20,56 | 14,91 | 24,90 | 13,36 |
| GUALMATÁN | 2x9  | 2 | 9  | 4 | 14 | 6,63 | 5,72 | 20,34 | 19,97 | 13,78 | 44,40 | 14,24 |
| GUALMATÁN | 2x10 | 2 | 10 | 1 | 15 | 6,44 | 5,49 | 20,64 | 20,03 | 15,36 | 37,80 | 14,17 |
| GUALMATÁN | 2x10 | 2 | 10 | 2 | 15 | 6,16 | 5,36 | 20,25 | 19,94 | 14,75 | 35,70 | 11,24 |
| GUALMATÁN | 2x10 | 2 | 10 | 3 | 15 | 6,47 | 5,68 | 21,14 | 19,94 | 14,50 | 36,90 | 12,44 |
| GUALMATÁN | 2x10 | 2 | 10 | 4 | 15 | 5,30 | 4,67 | 19,75 | 19,43 | 13,29 | 46,20 | 13,39 |
| GUALMATÁN | 3x4  | 3 | 4  | 1 | 16 | 7,52 | 6,71 | 22,37 | 20,24 | 16,26 | 36,60 | 12,26 |
| GUALMATÁN | 3x4  | 3 | 4  | 2 | 16 | 6,90 | 6,39 | 21,57 | 20,23 | 14,90 | 38,10 | 13,10 |
| GUALMATÁN | 3x4  | 3 | 4  | 3 | 16 | 5,87 | 5,19 | 20,16 | 19,75 | 13,51 | 35,40 | 10,24 |
| GUALMATÁN | 3x4  | 3 | 4  | 4 | 16 | 7,40 | 6,67 | 22,91 | 20,38 | 14,01 | 48,30 | 13,27 |
| GUALMATÁN | 3x6  | 3 | 6  | 1 | 17 | 7,10 | 6,21 | 21,71 | 21,31 | 15,73 | 38,70 | 12,08 |
| GUALMATÁN | 3x6  | 3 | 6  | 2 | 17 | 7,51 | 6,63 | 22,30 | 21,52 | 14,63 | 35,10 | 11,82 |
| GUALMATÁN | 3x6  | 3 | 6  | 3 | 17 | 6,12 | 5,36 | 20,65 | 20,19 | 14,89 | 33,60 | 11,05 |
| GUALMATÁN | 3x6  | 3 | 6  | 4 | 17 | 7,03 | 6,00 | 21,38 | 21,19 | 14,49 | 40,50 | 12,18 |
| GUALMATÁN | 3x7  | 3 | 7  | 1 | 18 | 6,92 | 6,71 | 22,91 | 21,40 | 14,94 | 41,10 | 11,03 |
| GUALMATÁN | 3x7  | 3 | 7  | 2 | 18 | 5,84 | 5,09 | 20,65 | 19,03 | 14,45 | 34,50 | 10,93 |
| GUALMATÁN | 3x7  | 3 | 7  | 3 | 18 | 5,97 | 5,30 | 19,92 | 19,11 | 14,02 | 34,80 | 11,68 |
| GUALMATÁN | 3x7  | 3 | 7  | 4 | 18 | 7,35 | 6,39 | 23,03 | 20,01 | 13,53 | 43,50 | 10,50 |
| GUALMATÁN | 3x8  | 3 | 8  | 1 | 19 | 5,55 | 4,97 | 19,37 | 19,66 | 15,34 | 40,20 | 11,04 |
| GUALMATÁN | 3x8  | 3 | 8  | 2 | 19 | 6,06 | 5,43 | 21,36 | 20,23 | 14,74 | 45,00 | 10,25 |
| GUALMATÁN | 3x8  | 3 | 8  | 3 | 19 | 6,12 | 5,46 | 21,29 | 19,89 | 14,47 | 39,90 | 11,80 |
| GUALMATÁN | 3x8  | 3 | 8  | 4 | 19 | 6,93 | 6,28 | 21,66 | 20,22 | 14,13 | 48,00 | 13,38 |
| GUALMATÁN | 3x9  | 3 | 9  | 1 | 20 | 7,14 | 6,19 | 22,10 | 20,83 | 14,26 | 41,70 | 11,76 |
| GUALMATÁN | 3x9  | 3 | 9  | 2 | 20 | 5,47 | 4,85 | 20,22 | 19,60 | 14,81 | 39,90 | 12,10 |
| GUALMATÁN | 3x9  | 3 | 9  | 3 | 20 | 9,97 | 8,91 | 21,08 | 19,91 | 15,16 | 36,60 | 11,07 |
| GUALMATÁN | 3x9  | 3 | 9  | 4 | 20 | 6,63 | 5,83 | 22,10 | 19,86 | 13,62 | 47,40 | 13,17 |
| GUALMATÁN | 3x10 | 3 | 10 | 1 | 21 | 5,88 | 5,34 | 19,61 | 18,96 | 13,87 | 45,60 | 11,18 |
| GUALMATÁN | 3x10 | 3 | 10 | 2 | 21 | 6,89 | 6,19 | 21,53 | 19,83 | 14,87 | 34,20 | 9,92  |
| GUALMATÁN | 3x10 | 3 | 10 | 3 | 21 | 6,54 | 5,85 | 20,42 | 20,62 | 14,95 | 37,50 | 10,93 |
| GUALMATÁN | 3x10 | 3 | 10 | 4 | 21 | 6,78 | 6,03 | 21,87 | 20,74 | 13,55 | 50,10 | 11,34 |
| GUALMATÁN | 4x6  | 4 | 6  | 1 | 22 | 6,45 | 5,74 | 21,44 | 19,62 | 15,39 | 35,70 | 12,91 |

|           |      |   |    |   |    |      |      |       |       |       |       |       |
|-----------|------|---|----|---|----|------|------|-------|-------|-------|-------|-------|
| GUALMATÁN | 4x6  | 4 | 6  | 2 | 22 | 4,76 | 4,11 | 18,10 | 17,94 | 14,77 | 42,90 | 11,69 |
| GUALMATÁN | 4x6  | 4 | 6  | 3 | 22 | 6,39 | 5,49 | 20,89 | 20,45 | 15,48 | 32,70 | 12,96 |
| GUALMATÁN | 4x6  | 4 | 6  | 4 | 22 | 5,19 | 4,50 | 19,34 | 18,63 | 13,51 | 39,90 | 12,98 |
| GUALMATÁN | 4x7  | 4 | 7  | 1 | 23 | 7,27 | 5,94 | 21,51 | 20,88 | 14,76 | 36,30 | 14,80 |
| GUALMATÁN | 4x7  | 4 | 7  | 2 | 23 | 6,18 | 5,22 | 20,63 | 19,90 | 14,55 | 34,80 | 13,98 |
| GUALMATÁN | 4x7  | 4 | 7  | 3 | 23 | 6,07 | 5,32 | 20,39 | 19,71 | 14,54 | 33,90 | 13,83 |
| GUALMATÁN | 4x7  | 4 | 7  | 4 | 23 | 6,45 | 5,69 | 20,93 | 20,37 | 13,81 | 45,00 | 14,89 |
| GUALMATÁN | 4x8  | 4 | 8  | 1 | 24 | 5,48 | 4,75 | 20,04 | 19,08 | 15,10 | 41,40 | 14,98 |
| GUALMATÁN | 4x8  | 4 | 8  | 2 | 24 | 6,89 | 6,04 | 20,45 | 20,83 | 14,14 | 36,00 | 10,78 |
| GUALMATÁN | 4x8  | 4 | 8  | 3 | 24 | 5,90 | 5,09 | 19,59 | 20,21 | 15,09 | 36,00 | 11,97 |
| GUALMATÁN | 4x8  | 4 | 8  | 4 | 24 | 7,13 | 6,24 | 21,34 | 21,02 | 14,25 | 40,80 | 16,69 |
| GUALMATÁN | 4x9  | 4 | 9  | 1 | 25 | 5,80 | 5,11 | 19,63 | 19,26 | 14,82 | 34,20 | 11,74 |
| GUALMATÁN | 4x9  | 4 | 9  | 2 | 25 | 7,45 | 6,63 | 21,39 | 20,71 | 14,95 | 38,40 | 12,25 |
| GUALMATÁN | 4x9  | 4 | 9  | 3 | 25 | 5,88 | 5,21 | 20,50 | 19,95 | 14,54 | 36,00 | 10,25 |
| GUALMATÁN | 4x9  | 4 | 9  | 4 | 25 | 4,36 | 3,83 | 18,16 | 18,14 | 14,53 | 45,00 | 13,37 |
| GUALMATÁN | 4x10 | 4 | 10 | 1 | 26 | 7,25 | 6,39 | 22,49 | 20,88 | 15,51 | 34,20 | 12,86 |
| GUALMATÁN | 4x10 | 4 | 10 | 2 | 26 | 5,66 | 4,90 | 20,11 | 19,40 | 15,25 | 33,30 | 11,78 |
| GUALMATÁN | 4x10 | 4 | 10 | 3 | 26 | 6,05 | 5,33 | 20,73 | 19,97 | 15,22 | 33,90 | 14,52 |
| GUALMATÁN | 4x10 | 4 | 10 | 4 | 26 | 4,11 | 3,81 | 18,73 | 17,56 | 13,34 | 37,80 | 11,09 |
| GUALMATÁN | 6x7  | 6 | 7  | 1 | 27 | 5,14 | 4,29 | 19,71 | 18,27 | 14,69 | 34,50 | 13,36 |
| GUALMATÁN | 6x7  | 6 | 7  | 2 | 27 | 5,75 | 5,03 | 20,52 | 19,49 | 14,75 | 37,80 | 12,99 |
| GUALMATÁN | 6x7  | 6 | 7  | 3 | 27 | 6,65 | 5,65 | 21,47 | 20,87 | 15,22 | 29,40 | 12,68 |
| GUALMATÁN | 6x7  | 6 | 7  | 4 | 27 | 6,83 | 5,82 | 20,96 | 20,34 | 14,66 | 44,40 | 13,51 |
| GUALMATÁN | 6x8  | 6 | 8  | 1 | 28 | 6,24 | 5,45 | 21,33 | 20,78 | 15,75 | 40,50 | 15,98 |
| GUALMATÁN | 6x8  | 6 | 8  | 2 | 28 | 6,76 | 5,74 | 21,26 | 20,92 | 15,55 | 38,70 | 15,42 |
| GUALMATÁN | 6x8  | 6 | 8  | 3 | 28 | 6,50 | 5,65 | 21,14 | 20,20 | 14,97 | 24,60 | 15,41 |
| GUALMATÁN | 6x8  | 6 | 8  | 4 | 28 | 6,93 | 6,13 | 22,23 | 21,33 | 13,96 | 40,20 | 15,99 |
| GUALMATÁN | 6x9  | 6 | 9  | 1 | 29 | 7,36 | 6,53 | 22,00 | 21,13 | 16,16 | 37,80 | 13,67 |
| GUALMATÁN | 6x9  | 6 | 9  | 2 | 29 | 6,03 | 5,33 | 20,45 | 19,91 | 14,26 | 42,90 | 13,21 |
| GUALMATÁN | 6x9  | 6 | 9  | 3 | 29 | 5,67 | 5,08 | 20,72 | 19,95 | 14,56 | 36,90 | 12,72 |
| GUALMATÁN | 6x9  | 6 | 9  | 4 | 29 | 7,47 | 6,69 | 22,22 | 21,86 | 14,67 | 43,50 | 12,36 |
| GUALMATÁN | 6x10 | 6 | 10 | 1 | 30 | 6,43 | 5,78 | 20,92 | 20,72 | 15,94 | 43,50 | 11,92 |
| GUALMATÁN | 6x10 | 6 | 10 | 2 | 30 | 7,21 | 6,35 | 21,80 | 20,70 | 15,17 | 38,10 | 12,95 |
| GUALMATÁN | 6x10 | 6 | 10 | 3 | 30 | 6,67 | 5,85 | 21,72 | 20,38 | 15,02 | 39,30 | 12,14 |
| GUALMATÁN | 6x10 | 6 | 10 | 4 | 30 | 6,70 | 5,96 | 22,39 | 19,84 | 14,61 | 42,30 | 14,11 |
| GUALMATÁN | 7x8  | 7 | 8  | 1 | 31 | 7,63 | 6,59 | 22,36 | 22,13 | 15,36 | 36,30 | 13,59 |
| GUALMATÁN | 7x8  | 7 | 8  | 2 | 31 | 6,28 | 5,51 | 21,11 | 21,05 | 14,88 | 33,90 | 11,11 |
| GUALMATÁN | 7x8  | 7 | 8  | 3 | 31 | 7,05 | 6,05 | 21,33 | 20,90 | 14,86 | 27,60 | 12,74 |
| GUALMATÁN | 7x8  | 7 | 8  | 4 | 31 | 7,02 | 6,03 | 21,90 | 21,00 | 13,87 | 41,10 | 12,37 |
| GUALMATÁN | 7x9  | 7 | 9  | 1 | 32 | 6,23 | 5,39 | 21,21 | 19,70 | 15,47 | 37,50 | 14,66 |
| GUALMATÁN | 7x9  | 7 | 9  | 2 | 32 | 7,11 | 6,19 | 21,54 | 20,29 | 15,46 | 37,20 | 14,80 |
| GUALMATÁN | 7x9  | 7 | 9  | 3 | 32 | 6,65 | 5,78 | 21,49 | 20,90 | 15,00 | 35,40 | 12,56 |
| GUALMATÁN | 7x9  | 7 | 9  | 4 | 32 | 7,39 | 6,30 | 21,56 | 20,61 | 14,35 | 43,80 | 15,05 |
| GUALMATÁN | 7x10 | 7 | 10 | 1 | 33 | 6,06 | 5,09 | 20,22 | 19,56 | 14,66 | 36,90 | 13,36 |
| GUALMATÁN | 7x10 | 7 | 10 | 2 | 33 | 6,97 | 6,05 | 22,05 | 20,85 | 15,15 | 38,10 | 13,74 |



|           |      |   |    |   |    |      |      |       |       |       |       |       |
|-----------|------|---|----|---|----|------|------|-------|-------|-------|-------|-------|
| GUALMATÁN | 7x10 | 7 | 10 | 3 | 33 | 7,05 | 6,03 | 21,06 | 20,36 | 14,89 | 32,10 | 12,97 |
| GUALMATÁN | 7x10 | 7 | 10 | 4 | 33 | 7,15 | 6,09 | 21,78 | 20,88 | 14,50 | 43,20 | 12,60 |
| GUALMATÁN | 8x9  | 8 | 9  | 1 | 34 | 7,74 | 6,96 | 22,25 | 22,41 | 15,48 | 43,20 | 12,68 |
| GUALMATÁN | 8x9  | 8 | 9  | 2 | 34 | 6,22 | 5,55 | 21,04 | 20,43 | 15,47 | 39,00 | 15,70 |
| GUALMATÁN | 8x9  | 8 | 9  | 3 | 34 | 7,59 | 6,53 | 22,29 | 21,72 | 14,95 | 35,70 | 12,24 |
| GUALMATÁN | 8x9  | 8 | 9  | 4 | 34 | 5,87 | 4,95 | 20,30 | 18,70 | 13,69 | 43,80 | 12,27 |
| GUALMATÁN | 8x10 | 8 | 10 | 1 | 35 | 6,75 | 5,94 | 21,91 | 20,76 | 15,67 | 38,10 | 11,35 |
| GUALMATÁN | 8x10 | 8 | 10 | 2 | 35 | 6,81 | 5,99 | 21,42 | 21,21 | 15,16 | 36,30 | 11,52 |
| GUALMATÁN | 8x10 | 8 | 10 | 3 | 35 | 6,79 | 5,89 | 21,83 | 20,45 | 15,04 | 34,50 | 11,32 |
| GUALMATÁN | 8x10 | 8 | 10 | 4 | 35 | 8,12 | 6,85 | 22,65 | 21,80 | 13,91 | 45,00 | 10,32 |
| GUALMATÁN | 9x10 | 9 | 10 | 1 | 36 | 6,22 | 5,27 | 20,26 | 18,69 | 15,57 | 36,90 | 9,45  |
| GUALMATÁN | 9x10 | 9 | 10 | 2 | 36 | 6,06 | 5,35 | 20,10 | 20,27 | 14,52 | 37,50 | 9,79  |
| GUALMATÁN | 9x10 | 9 | 10 | 3 | 36 | 9,40 | 8,25 | 24,37 | 22,40 | 15,40 | 39,60 | 10,10 |
| GUALMATÁN | 9x10 | 9 | 10 | 4 | 36 | 7,31 | 6,44 | 22,26 | 20,97 | 13,55 | 43,80 | 10,52 |
| IPIALES   | 1x2  | 1 | 2  | 1 | 1  | 6,72 | 5,93 | 19,56 | 17,68 | 13,35 | 27,20 | 21,98 |
| IPIALES   | 1x2  | 1 | 2  | 2 | 1  | 6,34 | 5,63 | 21,41 | 20,20 | 14,71 | 36,00 | 22,15 |
| IPIALES   | 1x2  | 1 | 2  | 3 | 1  | 5,75 | 5,15 | 19,79 | 19,07 | 14,83 | 47,34 | 19,49 |
| IPIALES   | 1x2  | 1 | 2  | 4 | 1  | 7,01 | 6,39 | 21,64 | 20,09 | 14,29 | 54,10 | 20,88 |
| IPIALES   | 1x3  | 1 | 3  | 1 | 2  | 6,23 | 5,53 | 21,65 | 20,00 | 14,79 | 28,20 | 21,76 |
| IPIALES   | 1x3  | 1 | 3  | 2 | 2  | 6,09 | 5,41 | 20,85 | 19,83 | 14,83 | 40,80 | 20,30 |
| IPIALES   | 1x3  | 1 | 3  | 3 | 2  | 6,25 | 5,59 | 21,36 | 19,61 | 14,56 | 47,34 | 23,30 |
| IPIALES   | 1x3  | 1 | 3  | 4 | 2  | 6,60 | 5,83 | 21,12 | 20,05 | 15,10 | 55,79 | 19,33 |
| IPIALES   | 1x4  | 1 | 4  | 1 | 3  | 6,26 | 5,53 | 20,38 | 19,89 | 12,14 | 26,80 | 18,89 |
| IPIALES   | 1x4  | 1 | 4  | 2 | 3  | 6,15 | 5,49 | 21,16 | 19,71 | 15,32 | 33,00 | 18,63 |
| IPIALES   | 1x4  | 1 | 4  | 3 | 3  | 5,93 | 5,23 | 20,52 | 19,25 | 14,57 | 43,11 | 20,32 |
| IPIALES   | 1x4  | 1 | 4  | 4 | 3  | 6,06 | 5,39 | 20,56 | 19,64 | 14,35 | 49,03 | 20,76 |
| IPIALES   | 1x6  | 1 | 6  | 1 | 4  | 6,41 | 5,65 | 20,65 | 19,71 | 15,36 | 27,20 | 14,47 |
| IPIALES   | 1x6  | 1 | 6  | 2 | 4  | 6,29 | 5,67 | 20,72 | 19,69 | 14,76 | 36,60 | 18,00 |
| IPIALES   | 1x6  | 1 | 6  | 3 | 4  | 5,57 | 4,98 | 20,27 | 19,26 | 15,16 | 48,19 | 17,00 |
| IPIALES   | 1x6  | 1 | 6  | 4 | 4  | 6,55 | 5,79 | 21,80 | 19,82 | 14,76 | 49,03 | 16,82 |
| IPIALES   | 1x7  | 1 | 7  | 1 | 5  | 6,00 | 5,43 | 20,41 | 19,47 | 14,65 | 28,60 | 19,28 |
| IPIALES   | 1x7  | 1 | 7  | 2 | 5  | 6,03 | 5,19 | 20,03 | 19,62 | 15,60 | 33,60 | 20,82 |
| IPIALES   | 1x7  | 1 | 7  | 3 | 5  | 6,85 | 6,07 | 21,72 | 20,69 | 14,54 | 49,88 | 23,56 |
| IPIALES   | 1x7  | 1 | 7  | 4 | 5  | 6,55 | 5,69 | 21,30 | 19,97 | 13,40 | 60,02 | 23,49 |
| IPIALES   | 1x8  | 1 | 8  | 1 | 6  | 5,17 | 4,71 | 19,12 | 18,36 | 15,70 | 26,00 | 17,31 |
| IPIALES   | 1x8  | 1 | 8  | 2 | 6  | 7,39 | 6,71 | 22,89 | 21,49 | 13,92 | 38,10 | 17,57 |
| IPIALES   | 1x8  | 1 | 8  | 3 | 6  | 6,38 | 5,58 | 20,89 | 20,19 | 15,14 | 54,95 | 18,07 |
| IPIALES   | 1x8  | 1 | 8  | 4 | 6  | 8,73 | 7,79 | 22,84 | 22,35 | 13,83 | 48,19 | 16,46 |
| IPIALES   | 1x9  | 1 | 9  | 1 | 7  | 5,32 | 4,65 | 18,82 | 18,47 | 14,11 | 27,80 | 18,29 |
| IPIALES   | 1x9  | 1 | 9  | 2 | 7  | 5,59 | 4,85 | 19,62 | 19,36 | 14,72 | 33,30 | 17,91 |
| IPIALES   | 1x9  | 1 | 9  | 3 | 7  | 5,79 | 4,95 | 19,92 | 19,59 | 15,37 | 47,34 | 20,67 |
| IPIALES   | 1x9  | 1 | 9  | 4 | 7  | 5,59 | 4,87 | 19,78 | 19,25 | 14,34 | 54,10 | 18,47 |
| IPIALES   | 1x10 | 1 | 10 | 1 | 8  | 5,84 | 5,23 | 20,85 | 19,47 | 15,26 | 28,00 | 30,06 |
| IPIALES   | 1x10 | 1 | 10 | 2 | 8  | 5,72 | 5,07 | 19,70 | 19,29 | 16,30 | 33,00 | 27,37 |
| IPIALES   | 1x10 | 1 | 10 | 3 | 8  | 5,33 | 4,89 | 20,11 | 18,93 | 14,17 | 43,96 | 24,86 |

|         |      |   |    |   |    |      |      |       |       |       |       |       |
|---------|------|---|----|---|----|------|------|-------|-------|-------|-------|-------|
| IPIALES | 1x10 | 1 | 10 | 4 | 8  | 7,73 | 6,90 | 22,23 | 21,00 | 13,80 | 53,26 | 22,89 |
| IPIALES | 2x3  | 2 | 3  | 1 | 9  | 4,73 | 4,26 | 19,25 | 17,67 | 15,79 | 25,80 | 16,31 |
| IPIALES | 2x3  | 2 | 3  | 2 | 9  | 5,91 | 5,24 | 20,83 | 19,40 | 15,73 | 32,40 | 19,54 |
| IPIALES | 2x3  | 2 | 3  | 3 | 9  | 7,09 | 5,99 | 21,68 | 20,68 | 14,98 | 50,72 | 15,02 |
| IPIALES | 2x3  | 2 | 3  | 4 | 9  | 6,31 | 5,59 | 21,25 | 20,24 | 14,67 | 55,79 | 15,49 |
| IPIALES | 2x4  | 2 | 4  | 1 | 10 | 5,79 | 5,07 | 19,68 | 19,59 | 15,12 | 26,40 | 20,10 |
| IPIALES | 2x4  | 2 | 4  | 2 | 10 | 5,86 | 5,15 | 20,17 | 19,50 | 14,80 | 36,30 | 18,65 |
| IPIALES | 2x4  | 2 | 4  | 3 | 10 | 5,43 | 4,71 | 19,33 | 18,84 | 14,46 | 43,96 | 20,72 |
| IPIALES | 2x4  | 2 | 4  | 4 | 10 | 6,14 | 5,41 | 20,62 | 20,22 | 14,49 | 53,26 | 17,17 |
| IPIALES | 2x6  | 2 | 6  | 1 | 11 | 5,74 | 5,10 | 19,89 | 18,81 | 13,86 | 28,80 | 14,11 |
| IPIALES | 2x6  | 2 | 6  | 2 | 11 | 6,43 | 5,79 | 21,25 | 20,19 | 15,09 | 35,70 | 14,17 |
| IPIALES | 2x6  | 2 | 6  | 3 | 11 | 6,27 | 5,29 | 21,45 | 20,05 | 14,62 | 61,82 | 15,45 |
| IPIALES | 2x6  | 2 | 6  | 4 | 11 | 7,56 | 6,75 | 22,54 | 20,96 | 15,05 | 48,19 | 15,90 |
| IPIALES | 2x7  | 2 | 7  | 1 | 12 | 6,03 | 4,91 | 19,89 | 18,98 | 14,76 | 28,80 | 17,88 |
| IPIALES | 2x7  | 2 | 7  | 2 | 12 | 5,51 | 4,93 | 19,93 | 19,12 | 15,12 | 32,70 | 17,57 |
| IPIALES | 2x7  | 2 | 7  | 3 | 12 | 6,17 | 5,30 | 20,60 | 19,82 | 14,44 | 43,11 | 20,78 |
| IPIALES | 2x7  | 2 | 7  | 4 | 12 | 7,09 | 6,18 | 21,90 | 20,58 | 13,62 | 54,95 | 22,38 |
| IPIALES | 2x8  | 2 | 8  | 1 | 13 | 5,48 | 4,87 | 19,72 | 18,99 | 14,64 | 25,00 | 16,50 |
| IPIALES | 2x8  | 2 | 8  | 2 | 13 | 5,71 | 5,09 | 20,33 | 19,66 | 14,03 | 33,30 | 18,15 |
| IPIALES | 2x8  | 2 | 8  | 3 | 13 | 6,55 | 5,72 | 20,54 | 19,72 | 14,36 | 46,50 | 21,84 |
| IPIALES | 2x8  | 2 | 8  | 4 | 13 | 5,93 | 5,32 | 19,58 | 19,16 | 14,47 | 55,79 | 21,11 |
| IPIALES | 2x9  | 2 | 9  | 1 | 14 | 5,32 | 4,66 | 19,25 | 18,97 | 14,99 | 27,60 | 17,79 |
| IPIALES | 2x9  | 2 | 9  | 2 | 14 | 5,67 | 4,98 | 20,50 | 19,71 | 15,18 | 37,20 | 20,20 |
| IPIALES | 2x9  | 2 | 9  | 3 | 14 | 6,29 | 5,47 | 20,36 | 20,30 | 14,53 | 44,80 | 20,91 |
| IPIALES | 2x9  | 2 | 9  | 4 | 14 | 7,12 | 6,39 | 22,09 | 21,12 | 14,38 | 53,26 | 16,76 |
| IPIALES | 2x10 | 2 | 10 | 1 | 15 | 6,52 | 5,81 | 21,09 | 20,24 | 12,55 | 27,80 | 19,62 |
| IPIALES | 2x10 | 2 | 10 | 2 | 15 | 6,23 | 5,50 | 21,23 | 20,15 | 15,06 | 24,90 | 22,77 |
| IPIALES | 2x10 | 2 | 10 | 3 | 15 | 5,98 | 5,33 | 18,07 | 19,75 | 14,75 | 48,19 | 19,73 |
| IPIALES | 2x10 | 2 | 10 | 4 | 15 | 6,69 | 5,97 | 21,54 | 20,37 | 14,75 | 55,79 | 20,76 |
| IPIALES | 3x4  | 3 | 4  | 1 | 16 | 6,35 | 5,60 | 21,54 | 19,13 | 12,82 | 27,80 | 17,57 |
| IPIALES | 3x4  | 3 | 4  | 2 | 16 | 5,73 | 5,05 | 20,32 | 19,18 | 13,96 | 36,00 | 20,88 |
| IPIALES | 3x4  | 3 | 4  | 3 | 16 | 6,31 | 5,57 | 20,54 | 19,87 | 13,99 | 49,03 | 22,66 |
| IPIALES | 3x4  | 3 | 4  | 4 | 16 | 6,09 | 5,65 | 20,57 | 18,80 | 13,47 | 54,95 | 17,96 |
| IPIALES | 3x6  | 3 | 6  | 1 | 17 | 5,45 | 4,85 | 19,98 | 19,07 | 12,25 | 27,60 | 17,36 |
| IPIALES | 3x6  | 3 | 6  | 2 | 17 | 5,67 | 5,12 | 19,86 | 18,76 | 15,45 | 39,00 | 16,08 |
| IPIALES | 3x6  | 3 | 6  | 3 | 17 | 6,41 | 5,60 | 20,73 | 20,17 | 14,59 | 45,65 | 21,43 |
| IPIALES | 3x6  | 3 | 6  | 4 | 17 | 7,15 | 6,32 | 21,78 | 20,04 | 15,04 | 54,95 | 19,72 |
| IPIALES | 3x7  | 3 | 7  | 1 | 18 | 6,60 | 5,61 | 20,99 | 19,22 | 14,46 | 24,20 | 18,78 |
| IPIALES | 3x7  | 3 | 7  | 2 | 18 | 6,47 | 5,73 | 21,28 | 19,72 | 13,97 | 37,50 | 20,13 |
| IPIALES | 3x7  | 3 | 7  | 3 | 18 | 6,29 | 5,29 | 20,61 | 20,06 | 13,41 | 54,10 | 20,27 |
| IPIALES | 3x7  | 3 | 7  | 4 | 18 | 6,12 | 5,35 | 20,60 | 18,80 | 13,94 | 54,95 | 18,76 |
| IPIALES | 3x8  | 3 | 8  | 1 | 19 | 6,47 | 5,77 | 21,22 | 19,92 | 14,78 | 28,80 | 18,64 |
| IPIALES | 3x8  | 3 | 8  | 2 | 19 | 6,45 | 5,74 | 21,30 | 19,59 | 14,50 | 36,90 | 16,60 |
| IPIALES | 3x8  | 3 | 8  | 3 | 19 | 7,38 | 6,41 | 22,24 | 20,89 | 14,44 | 46,50 | 19,73 |
| IPIALES | 3x8  | 3 | 8  | 4 | 19 | 5,48 | 4,81 | 19,91 | 18,73 | 14,43 | 55,79 | 18,52 |



|         |      |   |    |   |    |      |      |       |       |       |       |       |
|---------|------|---|----|---|----|------|------|-------|-------|-------|-------|-------|
| IPIALES | 3x9  | 3 | 9  | 1 | 20 | 5,89 | 5,16 | 21,21 | 19,97 | 14,33 | 29,00 | 17,89 |
| IPIALES | 3x9  | 3 | 9  | 2 | 20 | 6,53 | 5,74 | 21,90 | 19,76 | 14,58 | 40,80 | 20,15 |
| IPIALES | 3x9  | 3 | 9  | 3 | 20 | 5,93 | 5,23 | 21,04 | 19,43 | 14,07 | 61,82 | 18,06 |
| IPIALES | 3x9  | 3 | 9  | 4 | 20 | 5,22 | 4,51 | 19,78 | 18,19 | 14,43 | 53,26 | 18,77 |
| IPIALES | 3x10 | 3 | 10 | 1 | 21 | 5,68 | 5,05 | 21,22 | 18,62 | 14,43 | 26,00 | 18,93 |
| IPIALES | 3x10 | 3 | 10 | 2 | 21 | 6,18 | 5,43 | 20,81 | 19,86 | 14,28 | 35,40 | 19,95 |
| IPIALES | 3x10 | 3 | 10 | 3 | 21 | 4,97 | 4,45 | 19,35 | 18,98 | 13,10 | 55,79 | 18,56 |
| IPIALES | 3x10 | 3 | 10 | 4 | 21 | 5,81 | 5,31 | 19,91 | 19,97 | 13,78 | 51,57 | 18,49 |
| IPIALES | 4x6  | 4 | 6  | 1 | 22 | 5,08 | 4,51 | 18,84 | 18,64 | 14,63 | 29,20 | 18,08 |
| IPIALES | 4x6  | 4 | 6  | 2 | 22 | 6,37 | 5,38 | 20,88 | 19,72 | 14,80 | 34,50 | 20,62 |
| IPIALES | 4x6  | 4 | 6  | 3 | 22 | 6,63 | 5,92 | 21,19 | 20,49 | 14,36 | 40,58 | 21,03 |
| IPIALES | 4x6  | 4 | 6  | 4 | 22 | 5,76 | 5,00 | 19,39 | 19,18 | 13,71 | 49,03 | 20,52 |
| IPIALES | 4x7  | 4 | 7  | 1 | 23 | 5,21 | 4,53 | 19,27 | 18,42 | 14,25 | 27,40 | 23,45 |
| IPIALES | 4x7  | 4 | 7  | 2 | 23 | 6,39 | 5,65 | 21,91 | 20,12 | 14,02 | 33,30 | 21,38 |
| IPIALES | 4x7  | 4 | 7  | 3 | 23 | 5,44 | 4,63 | 19,52 | 19,10 | 14,59 | 46,50 | 20,11 |
| IPIALES | 4x7  | 4 | 7  | 4 | 23 | 5,86 | 5,05 | 20,15 | 19,42 | 13,48 | 49,03 | 21,09 |
| IPIALES | 4x8  | 4 | 8  | 1 | 24 | 5,03 | 4,36 | 19,06 | 18,77 | 13,75 | 28,60 | 18,09 |
| IPIALES | 4x8  | 4 | 8  | 2 | 24 | 5,43 | 4,75 | 19,12 | 18,64 | 14,85 | 33,00 | 19,95 |
| IPIALES | 4x8  | 4 | 8  | 3 | 24 | 5,61 | 4,83 | 19,26 | 18,95 | 14,44 | 58,01 | 19,69 |
| IPIALES | 4x8  | 4 | 8  | 4 | 24 | 6,50 | 5,36 | 19,94 | 19,69 | 14,14 | 44,80 | 17,72 |
| IPIALES | 4x9  | 4 | 9  | 1 | 25 | 5,07 | 4,45 | 19,00 | 19,04 | 13,12 | 27,80 | 19,37 |
| IPIALES | 4x9  | 4 | 9  | 2 | 25 | 5,05 | 4,24 | 18,74 | 17,22 | 14,88 | 35,70 | 17,92 |
| IPIALES | 4x9  | 4 | 9  | 3 | 25 | 5,15 | 4,44 | 19,44 | 18,57 | 14,27 | 47,34 | 19,11 |
| IPIALES | 4x9  | 4 | 9  | 4 | 25 | 5,97 | 5,21 | 20,07 | 19,79 | 14,98 | 54,95 | 18,10 |
| IPIALES | 4x10 | 4 | 10 | 1 | 26 | 5,11 | 4,49 | 18,93 | 18,86 | 14,74 | 26,00 | 18,62 |
| IPIALES | 4x10 | 4 | 10 | 2 | 26 | 5,08 | 4,42 | 19,70 | 18,96 | 14,98 | 37,50 | 23,08 |
| IPIALES | 4x10 | 4 | 10 | 3 | 26 | 5,67 | 5,01 | 20,43 | 19,43 | 14,11 | 52,41 | 19,73 |
| IPIALES | 4x10 | 4 | 10 | 4 | 26 | 6,72 | 5,93 | 21,28 | 20,27 | 14,36 | 57,49 | 22,56 |
| IPIALES | 6x7  | 6 | 7  | 1 | 27 | 5,99 | 5,17 | 20,63 | 19,81 | 14,99 | 24,80 | 22,79 |
| IPIALES | 6x7  | 6 | 7  | 2 | 27 | 7,38 | 6,52 | 22,27 | 19,75 | 14,74 | 33,30 | 18,55 |
| IPIALES | 6x7  | 6 | 7  | 3 | 27 | 5,17 | 4,53 | 19,58 | 18,39 | 13,72 | 48,19 | 22,27 |
| IPIALES | 6x7  | 6 | 7  | 4 | 27 | 5,84 | 4,91 | 19,83 | 19,31 | 14,03 | 50,72 | 20,54 |
| IPIALES | 6x8  | 6 | 8  | 1 | 28 | 4,94 | 4,59 | 19,26 | 18,95 | 14,85 | 25,80 | 20,21 |
| IPIALES | 6x8  | 6 | 8  | 2 | 28 | 5,88 | 5,27 | 21,14 | 20,28 | 14,45 | 31,80 | 22,21 |
| IPIALES | 6x8  | 6 | 8  | 3 | 28 | 6,49 | 5,74 | 19,40 | 20,15 | 14,70 | 44,80 | 24,54 |
| IPIALES | 6x8  | 6 | 8  | 4 | 28 | 5,77 | 4,99 | 20,12 | 19,42 | 14,84 | 52,41 | 21,77 |
| IPIALES | 6x9  | 6 | 9  | 1 | 29 | 6,03 | 5,29 | 20,59 | 19,54 | 15,56 | 28,60 | 16,05 |
| IPIALES | 6x9  | 6 | 9  | 2 | 29 | 6,19 | 5,51 | 20,51 | 19,86 | 15,25 | 37,80 | 18,36 |
| IPIALES | 6x9  | 6 | 9  | 3 | 29 | 5,75 | 5,15 | 19,90 | 19,96 | 14,76 | 52,41 | 19,72 |
| IPIALES | 6x9  | 6 | 9  | 4 | 29 | 6,19 | 5,33 | 20,32 | 19,74 | 14,92 | 51,57 | 17,70 |
| IPIALES | 6x10 | 6 | 10 | 1 | 30 | 6,43 | 5,61 | 20,55 | 19,76 | 13,72 | 25,80 | 21,64 |
| IPIALES | 6x10 | 6 | 10 | 2 | 30 | 6,63 | 5,73 | 21,58 | 20,03 | 15,22 | 30,90 | 22,43 |
| IPIALES | 6x10 | 6 | 10 | 3 | 30 | 6,07 | 5,41 | 20,47 | 19,92 | 14,34 | 45,65 | 22,97 |
| IPIALES | 6x10 | 6 | 10 | 4 | 30 | 7,13 | 6,20 | 22,20 | 19,82 | 14,20 | 54,10 | 19,84 |
| IPIALES | 7x8  | 7 | 8  | 1 | 31 | 5,83 | 5,11 | 19,87 | 19,12 | 12,22 | 24,20 | 21,37 |

|         |      |   |    |   |    |      |      |       |       |       |       |       |
|---------|------|---|----|---|----|------|------|-------|-------|-------|-------|-------|
| IPIALES | 7x8  | 7 | 8  | 2 | 31 | 5,80 | 5,03 | 20,05 | 19,44 | 14,97 | 36,00 | 20,52 |
| IPIALES | 7x8  | 7 | 8  | 3 | 31 | 6,14 | 5,33 | 21,07 | 20,15 | 14,15 | 47,34 | 20,85 |
| IPIALES | 7x8  | 7 | 8  | 4 | 31 | 6,03 | 5,33 | 20,25 | 19,67 | 13,51 | 49,88 | 22,22 |
| IPIALES | 7x9  | 7 | 9  | 1 | 32 | 5,67 | 4,99 | 20,56 | 19,18 | 14,79 | 26,40 | 19,76 |
| IPIALES | 7x9  | 7 | 9  | 2 | 32 | 6,30 | 5,48 | 21,06 | 19,64 | 14,69 | 35,10 | 20,32 |
| IPIALES | 7x9  | 7 | 9  | 3 | 32 | 5,63 | 4,93 | 20,13 | 19,19 | 14,84 | 47,34 | 20,32 |
| IPIALES | 7x9  | 7 | 9  | 4 | 32 | 5,89 | 5,05 | 20,19 | 19,39 | 14,96 | 55,79 | 20,77 |
| IPIALES | 7x10 | 7 | 10 | 1 | 33 | 5,29 | 4,72 | 19,86 | 19,11 | 13,51 | 26,80 | 17,80 |
| IPIALES | 7x10 | 7 | 10 | 2 | 33 | 5,65 | 4,98 | 19,58 | 19,01 | 15,12 | 33,60 | 17,89 |
| IPIALES | 7x10 | 7 | 10 | 3 | 33 | 5,92 | 5,11 | 19,86 | 19,27 | 14,66 | 62,77 | 17,41 |
| IPIALES | 7x10 | 7 | 10 | 4 | 33 | 6,55 | 5,63 | 19,98 | 19,47 | 14,50 | 54,10 | 15,66 |
| IPIALES | 8x9  | 8 | 9  | 1 | 34 | 5,56 | 4,87 | 19,90 | 19,80 | 14,25 | 27,60 | 17,12 |
| IPIALES | 8x9  | 8 | 9  | 2 | 34 | 5,97 | 5,33 | 19,70 | 19,81 | 15,31 | 32,40 | 19,12 |
| IPIALES | 8x9  | 8 | 9  | 3 | 34 | 6,61 | 5,78 | 21,79 | 20,70 | 14,53 | 46,50 | 21,90 |
| IPIALES | 8x9  | 8 | 9  | 4 | 34 | 6,33 | 5,57 | 20,65 | 20,29 | 13,67 | 52,41 | 19,29 |
| IPIALES | 8x10 | 8 | 10 | 1 | 35 | 7,03 | 6,15 | 21,75 | 20,33 | 14,42 | 24,40 | 15,88 |
| IPIALES | 8x10 | 8 | 10 | 2 | 35 | 6,49 | 5,70 | 21,10 | 20,10 | 14,21 | 35,10 | 18,09 |
| IPIALES | 8x10 | 8 | 10 | 3 | 35 | 7,72 | 6,79 | 22,88 | 22,09 | 14,83 | 47,34 | 19,15 |
| IPIALES | 8x10 | 8 | 10 | 4 | 35 | 7,10 | 6,19 | 21,90 | 20,86 | 14,73 | 53,26 | 17,20 |
| IPIALES | 9x10 | 9 | 10 | 1 | 36 | 5,79 | 5,09 | 20,69 | 19,37 | 15,25 | 26,80 | 13,75 |
| IPIALES | 9x10 | 9 | 10 | 2 | 36 | 5,66 | 4,95 | 19,38 | 18,99 | 14,62 | 34,20 | 14,82 |
| IPIALES | 9x10 | 9 | 10 | 3 | 36 | 7,55 | 6,57 | 22,03 | 20,82 | 14,70 | 43,96 | 15,31 |
| IPIALES | 9x10 | 9 | 10 | 4 | 36 | 5,81 | 5,04 | 19,96 | 19,53 | 14,64 | 54,10 | 12,79 |
| OBONUCO | 1x2  | 1 | 2  | 1 | 1  | 6,23 | 5,55 | 21,03 | 20,01 | 15,66 | 36,60 | 24,44 |
| OBONUCO | 1x2  | 1 | 2  | 2 | 1  | 6,06 | 5,58 | 21,81 | 20,38 | 15,67 | 38,70 | 22,50 |
| OBONUCO | 1x2  | 1 | 2  | 3 | 1  | 6,25 | 5,96 | 22,19 | 20,50 | 14,02 | 49,03 | 24,16 |
| OBONUCO | 1x2  | 1 | 2  | 4 | 1  | 7,01 | 6,47 | 22,75 | 20,90 | 15,31 | 51,57 | 24,48 |
| OBONUCO | 1x3  | 1 | 3  | 1 | 2  | 6,53 | 6,02 | 22,61 | 21,46 | 14,29 | 43,20 | 25,62 |
| OBONUCO | 1x3  | 1 | 3  | 2 | 2  | 6,57 | 6,26 | 21,36 | 20,96 | 15,11 | 31,80 | 23,78 |
| OBONUCO | 1x3  | 1 | 3  | 3 | 2  | 6,73 | 6,37 | 21,89 | 20,88 | 15,51 | 57,49 | 24,34 |
| OBONUCO | 1x3  | 1 | 3  | 4 | 2  | 5,94 | 5,37 | 20,46 | 19,47 | 15,66 | 49,88 | 21,34 |
| OBONUCO | 1x4  | 1 | 4  | 1 | 3  | 4,96 | 4,65 | 19,87 | 19,41 | 15,91 | 36,00 | 25,50 |
| OBONUCO | 1x4  | 1 | 4  | 2 | 3  | 6,37 | 5,88 | 21,81 | 20,94 | 15,57 | 36,00 | 30,88 |
| OBONUCO | 1x4  | 1 | 4  | 3 | 3  | 6,11 | 5,49 | 20,97 | 20,00 | 15,36 | 55,79 | 24,55 |
| OBONUCO | 1x4  | 1 | 4  | 4 | 3  | 5,90 | 5,41 | 20,64 | 19,53 | 15,52 | 50,72 | 26,16 |
| OBONUCO | 1x6  | 1 | 6  | 1 | 4  | 5,95 | 5,47 | 21,79 | 20,30 | 15,55 | 35,70 | 22,84 |
| OBONUCO | 1x6  | 1 | 6  | 2 | 4  | 6,26 | 5,58 | 21,27 | 19,85 | 15,06 | 37,80 | 33,20 |
| OBONUCO | 1x6  | 1 | 6  | 3 | 4  | 4,87 | 4,54 | 19,65 | 19,19 | 15,14 | 51,57 | 21,70 |
| OBONUCO | 1x6  | 1 | 6  | 4 | 4  | 6,26 | 5,63 | 21,05 | 20,02 | 15,11 | 47,34 | 23,20 |
| OBONUCO | 1x7  | 1 | 7  | 1 | 5  | 7,07 | 6,67 | 22,71 | 21,67 | 13,77 | 34,20 | 29,77 |
| OBONUCO | 1x7  | 1 | 7  | 2 | 5  | 7,37 | 6,55 | 22,02 | 20,93 | 15,45 | 38,40 | 32,99 |
| OBONUCO | 1x7  | 1 | 7  | 3 | 5  | 6,22 | 5,77 | 22,21 | 21,72 | 14,65 | 52,41 | 35,47 |
| OBONUCO | 1x7  | 1 | 7  | 4 | 5  | 5,74 | 5,23 | 20,92 | 19,72 | 14,69 | 47,34 | 31,45 |
| OBONUCO | 1x8  | 1 | 8  | 1 | 6  | 6,10 | 5,69 | 21,17 | 20,23 | 15,20 | 39,00 | 27,80 |
| OBONUCO | 1x8  | 1 | 8  | 2 | 6  | 5,67 | 5,37 | 20,47 | 19,97 | 14,91 | 32,70 | 29,21 |

|         |      |   |    |   |    |      |      |       |       |       |       |       |
|---------|------|---|----|---|----|------|------|-------|-------|-------|-------|-------|
| OBONUCO | 1x8  | 1 | 8  | 3 | 6  | 6,79 | 6,31 | 21,51 | 20,35 | 15,07 | 53,26 | 32,91 |
| OBONUCO | 1x8  | 1 | 8  | 4 | 6  | 6,49 | 6,02 | 21,03 | 20,23 | 14,73 | 52,41 | 29,68 |
| OBONUCO | 1x9  | 1 | 9  | 1 | 7  | 5,70 | 5,23 | 20,89 | 20,84 | 14,51 | 40,20 | 21,21 |
| OBONUCO | 1x9  | 1 | 9  | 2 | 7  | 5,81 | 5,49 | 20,76 | 20,07 | 14,63 | 33,00 | 22,59 |
| OBONUCO | 1x9  | 1 | 9  | 3 | 7  | 6,35 | 5,93 | 21,68 | 21,15 | 15,67 | 55,79 | 25,59 |
| OBONUCO | 1x9  | 1 | 9  | 4 | 7  | 6,80 | 6,23 | 21,99 | 21,03 | 15,60 | 51,57 | 23,47 |
| OBONUCO | 1x10 | 1 | 10 | 1 | 8  | 6,77 | 6,23 | 21,69 | 21,49 | 15,10 | 37,50 | 26,22 |
| OBONUCO | 1x10 | 1 | 10 | 2 | 8  | 7,47 | 6,79 | 23,23 | 21,47 | 15,08 | 35,10 | 29,97 |
| OBONUCO | 1x10 | 1 | 10 | 3 | 8  | 6,66 | 6,27 | 22,30 | 20,34 | 14,80 | 53,26 | 25,07 |
| OBONUCO | 1x10 | 1 | 10 | 4 | 8  | 5,76 | 5,33 | 20,77 | 18,72 | 14,60 | 44,80 | 27,68 |
| OBONUCO | 2x3  | 2 | 3  | 1 | 9  | 6,74 | 6,31 | 21,71 | 20,62 | 14,61 | 38,70 | 21,78 |
| OBONUCO | 2x3  | 2 | 3  | 2 | 9  | 6,01 | 5,71 | 20,60 | 19,78 | 14,67 | 31,20 | 22,46 |
| OBONUCO | 2x3  | 2 | 3  | 3 | 9  | 7,60 | 7,12 | 23,47 | 21,93 | 14,69 | 51,57 | 27,17 |
| OBONUCO | 2x3  | 2 | 3  | 4 | 9  | 6,17 | 5,53 | 21,50 | 19,32 | 15,42 | 49,88 | 21,21 |
| OBONUCO | 2x4  | 2 | 4  | 1 | 10 | 5,86 | 5,46 | 22,00 | 20,50 | 16,05 | 38,40 | 29,86 |
| OBONUCO | 2x4  | 2 | 4  | 2 | 10 | 5,87 | 5,33 | 21,58 | 20,97 | 15,73 | 39,60 | 25,19 |
| OBONUCO | 2x4  | 2 | 4  | 3 | 10 | 5,71 | 5,50 | 20,86 | 19,73 | 14,70 | 53,26 | 24,35 |
| OBONUCO | 2x4  | 2 | 4  | 4 | 10 | 5,92 | 5,39 | 21,01 | 19,39 | 15,00 | 46,50 | 27,89 |
| OBONUCO | 2x6  | 2 | 6  | 1 | 11 | 6,29 | 5,79 | 22,47 | 21,14 | 15,86 | 38,70 | 24,84 |
| OBONUCO | 2x6  | 2 | 6  | 2 | 11 | 6,37 | 5,74 | 22,45 | 21,22 | 15,94 | 31,20 | 25,33 |
| OBONUCO | 2x6  | 2 | 6  | 3 | 11 | 5,91 | 5,41 | 21,19 | 19,49 | 15,39 | 45,65 | 20,69 |
| OBONUCO | 2x6  | 2 | 6  | 4 | 11 | 6,48 | 5,56 | 21,73 | 20,83 | 14,62 | 49,88 | 30,54 |
| OBONUCO | 2x7  | 2 | 7  | 1 | 12 | 5,99 | 5,56 | 20,99 | 20,14 | 16,24 | 39,90 | 23,11 |
| OBONUCO | 2x7  | 2 | 7  | 2 | 12 | 6,24 | 5,81 | 21,27 | 20,74 | 15,19 | 34,80 | 25,22 |
| OBONUCO | 2x7  | 2 | 7  | 3 | 12 | 6,17 | 5,58 | 21,95 | 20,39 | 14,32 | 50,72 | 25,94 |
| OBONUCO | 2x7  | 2 | 7  | 4 | 12 | 6,36 | 5,82 | 21,29 | 20,60 | 15,64 | 50,72 | 27,66 |
| OBONUCO | 2x8  | 2 | 8  | 1 | 13 | 5,84 | 5,28 | 21,62 | 20,69 | 14,94 | 37,80 | 33,40 |
| OBONUCO | 2x8  | 2 | 8  | 2 | 13 | 5,94 | 5,57 | 21,29 | 20,81 | 15,47 | 31,50 | 28,57 |
| OBONUCO | 2x8  | 2 | 8  | 3 | 13 | 5,70 | 5,35 | 21,83 | 20,96 | 15,25 | 54,95 | 28,21 |
| OBONUCO | 2x8  | 2 | 8  | 4 | 13 | 5,96 | 5,71 | 21,49 | 20,56 | 13,78 | 49,03 | 36,83 |
| OBONUCO | 2x9  | 2 | 9  | 1 | 14 | 5,65 | 5,26 | 21,57 | 21,01 | 16,06 | 44,10 | 23,75 |
| OBONUCO | 2x9  | 2 | 9  | 2 | 14 | 5,99 | 5,37 | 21,32 | 21,08 | 14,81 | 40,20 | 20,74 |
| OBONUCO | 2x9  | 2 | 9  | 3 | 14 | 5,37 | 5,01 | 20,26 | 20,07 | 15,08 | 54,10 | 22,80 |
| OBONUCO | 2x9  | 2 | 9  | 4 | 14 | 5,59 | 5,05 | 20,17 | 19,78 | 15,79 | 50,72 | 20,74 |
| OBONUCO | 2x10 | 2 | 10 | 1 | 15 | 5,25 | 4,72 | 20,66 | 20,07 | 15,50 | 35,10 | 29,41 |
| OBONUCO | 2x10 | 2 | 10 | 2 | 15 | 6,25 | 5,76 | 21,17 | 20,15 | 14,69 | 30,00 | 29,66 |
| OBONUCO | 2x10 | 2 | 10 | 3 | 15 | 6,43 | 6,16 | 21,96 | 20,89 | 16,00 | 50,72 | 26,40 |
| OBONUCO | 2x10 | 2 | 10 | 4 | 15 | 6,15 | 5,72 | 21,35 | 20,08 | 14,78 | 48,19 | 27,20 |
| OBONUCO | 3x4  | 3 | 4  | 1 | 16 | 5,09 | 4,69 | 20,79 | 18,92 | 15,93 | 41,70 | 24,38 |
| OBONUCO | 3x4  | 3 | 4  | 2 | 16 | 6,08 | 5,55 | 21,00 | 20,54 | 14,11 | 44,40 | 23,44 |
| OBONUCO | 3x4  | 3 | 4  | 3 | 16 | 5,20 | 4,93 | 20,51 | 18,21 | 14,08 | 54,95 | 22,56 |
| OBONUCO | 3x4  | 3 | 4  | 4 | 16 | 5,94 | 5,62 | 20,53 | 19,74 | 15,48 | 53,26 | 21,40 |
| OBONUCO | 3x6  | 3 | 6  | 1 | 17 | 6,86 | 6,29 | 22,30 | 21,25 | 14,87 | 42,90 | 28,29 |
| OBONUCO | 3x6  | 3 | 6  | 2 | 17 | 5,85 | 5,37 | 21,20 | 20,29 | 14,92 | 30,60 | 29,28 |
| OBONUCO | 3x6  | 3 | 6  | 3 | 17 | 6,48 | 6,24 | 22,51 | 20,78 | 15,10 | 53,26 | 29,29 |

|         |      |   |    |   |    |      |      |       |       |       |       |       |
|---------|------|---|----|---|----|------|------|-------|-------|-------|-------|-------|
| OBONUCO | 3x6  | 3 | 6  | 4 | 17 | 6,66 | 5,78 | 21,27 | 20,40 | 15,37 | 46,50 | 27,68 |
| OBONUCO | 3x7  | 3 | 7  | 1 | 18 | 5,67 | 5,31 | 21,53 | 19,63 | 14,60 | 41,40 | 21,33 |
| OBONUCO | 3x7  | 3 | 7  | 2 | 18 | 6,77 | 6,31 | 22,29 | 20,48 | 14,36 | 30,60 | 23,14 |
| OBONUCO | 3x7  | 3 | 7  | 3 | 18 | 7,77 | 7,13 | 22,87 | 22,47 | 14,27 | 51,57 | 25,07 |
| OBONUCO | 3x7  | 3 | 7  | 4 | 18 | 6,09 | 5,46 | 20,97 | 19,75 | 14,79 | 54,95 | 21,56 |
| OBONUCO | 3x8  | 3 | 8  | 1 | 19 | 5,82 | 5,50 | 20,99 | 20,99 | 15,59 | 42,90 | 21,62 |
| OBONUCO | 3x8  | 3 | 8  | 2 | 19 | 5,93 | 5,41 | 20,81 | 20,04 | 14,00 | 36,00 | 18,32 |
| OBONUCO | 3x8  | 3 | 8  | 3 | 19 | 5,05 | 4,74 | 20,10 | 18,25 | 14,78 | 52,41 | 16,01 |
| OBONUCO | 3x8  | 3 | 8  | 4 | 19 | 6,97 | 6,43 | 22,61 | 20,24 | 14,98 | 53,26 | 20,33 |
| OBONUCO | 3x9  | 3 | 9  | 1 | 20 | 5,71 | 5,33 | 21,04 | 20,00 | 15,79 | 43,80 | 18,25 |
| OBONUCO | 3x9  | 3 | 9  | 2 | 20 | 5,38 | 5,08 | 20,11 | 19,21 | 15,03 | 41,70 | 23,29 |
| OBONUCO | 3x9  | 3 | 9  | 3 | 20 | 5,01 | 4,66 | 20,21 | 17,80 | 13,95 | 49,88 | 16,32 |
| OBONUCO | 3x9  | 3 | 9  | 4 | 20 | 6,19 | 5,82 | 20,30 | 20,21 | 14,92 | 45,65 | 19,04 |
| OBONUCO | 3x10 | 3 | 10 | 1 | 21 | 5,69 | 5,18 | 21,18 | 20,20 | 14,24 | 39,90 | 18,73 |
| OBONUCO | 3x10 | 3 | 10 | 2 | 21 | 6,45 | 5,77 | 21,66 | 20,36 | 14,40 | 35,70 | 22,74 |
| OBONUCO | 3x10 | 3 | 10 | 3 | 21 | 5,42 | 5,05 | 21,51 | 20,49 | 13,74 | 56,64 | 17,89 |
| OBONUCO | 3x10 | 3 | 10 | 4 | 21 | 6,25 | 5,72 | 21,50 | 20,01 | 14,14 | 43,11 | 17,89 |
| OBONUCO | 4x6  | 4 | 6  | 1 | 22 | 6,10 | 5,57 | 21,29 | 20,35 | 14,92 | 41,10 | 26,16 |
| OBONUCO | 4x6  | 4 | 6  | 2 | 22 | 6,27 | 5,83 | 21,22 | 20,07 | 15,37 | 33,30 | 28,70 |
| OBONUCO | 4x6  | 4 | 6  | 3 | 22 | 6,22 | 5,79 | 21,54 | 20,34 | 14,88 | 49,03 | 28,14 |
| OBONUCO | 4x6  | 4 | 6  | 4 | 22 | 5,65 | 5,09 | 20,62 | 18,64 | 14,13 | 45,65 | 25,97 |
| OBONUCO | 4x7  | 4 | 7  | 1 | 23 | 5,52 | 4,98 | 20,11 | 19,20 | 15,17 | 36,60 | 25,61 |
| OBONUCO | 4x7  | 4 | 7  | 2 | 23 | 5,13 | 4,66 | 20,66 | 19,89 | 15,49 | 35,70 | 24,79 |
| OBONUCO | 4x7  | 4 | 7  | 3 | 23 | 5,13 | 4,73 | 19,98 | 19,01 | 13,99 | 53,26 | 20,95 |
| OBONUCO | 4x7  | 4 | 7  | 4 | 23 | 6,87 | 5,96 | 21,03 | 20,30 | 15,41 | 53,26 | 21,68 |
| OBONUCO | 4x8  | 4 | 8  | 1 | 24 | 6,28 | 5,76 | 21,43 | 19,85 | 14,77 | 36,60 | 31,84 |
| OBONUCO | 4x8  | 4 | 8  | 2 | 24 | 5,86 | 5,51 | 20,64 | 19,10 | 14,79 | 34,80 | 24,69 |
| OBONUCO | 4x8  | 4 | 8  | 3 | 24 | 5,56 | 5,07 | 19,82 | 19,28 | 15,25 | 43,96 | 26,44 |
| OBONUCO | 4x8  | 4 | 8  | 4 | 24 | 5,62 | 4,99 | 20,13 | 19,82 | 15,51 | 50,72 | 29,05 |
| OBONUCO | 4x9  | 4 | 9  | 1 | 25 | 6,20 | 5,93 | 22,43 | 21,62 | 14,79 | 31,20 | 24,25 |
| OBONUCO | 4x9  | 4 | 9  | 2 | 25 | 5,85 | 5,49 | 20,73 | 19,96 | 14,92 | 34,50 | 27,95 |
| OBONUCO | 4x9  | 4 | 9  | 3 | 25 | 6,13 | 5,74 | 21,92 | 19,49 | 15,57 | 50,72 | 25,72 |
| OBONUCO | 4x9  | 4 | 9  | 4 | 25 | 6,59 | 5,98 | 21,96 | 20,38 | 15,56 | 47,34 | 23,98 |
| OBONUCO | 4x10 | 4 | 10 | 1 | 26 | 5,91 | 5,51 | 22,15 | 21,04 | 15,61 | 44,40 | 22,24 |
| OBONUCO | 4x10 | 4 | 10 | 2 | 26 | 5,00 | 4,57 | 20,16 | 19,82 | 14,77 | 35,40 | 25,27 |
| OBONUCO | 4x10 | 4 | 10 | 3 | 26 | 5,95 | 5,43 | 20,65 | 19,78 | 15,88 | 50,72 | 23,71 |
| OBONUCO | 4x10 | 4 | 10 | 4 | 26 | 5,40 | 4,73 | 20,08 | 19,78 | 15,72 | 43,96 | 29,73 |
| OBONUCO | 6x7  | 6 | 7  | 1 | 27 | 5,42 | 4,91 | 20,46 | 19,27 | 16,45 | 45,60 | 23,65 |
| OBONUCO | 6x7  | 6 | 7  | 2 | 27 | 5,61 | 5,07 | 20,41 | 19,59 | 14,02 | 35,70 | 23,24 |
| OBONUCO | 6x7  | 6 | 7  | 3 | 27 | 6,39 | 5,91 | 21,64 | 20,31 | 14,92 | 55,79 | 21,93 |
| OBONUCO | 6x7  | 6 | 7  | 4 | 27 | 6,07 | 5,50 | 21,35 | 19,63 | 14,74 | 47,34 | 25,75 |
| OBONUCO | 6x8  | 6 | 8  | 1 | 28 | 7,24 | 6,65 | 21,81 | 21,53 | 14,28 | 33,90 | 26,89 |
| OBONUCO | 6x8  | 6 | 8  | 2 | 28 | 6,08 | 5,67 | 21,45 | 20,38 | 14,86 | 36,00 | 23,47 |
| OBONUCO | 6x8  | 6 | 8  | 3 | 28 | 6,03 | 5,65 | 21,76 | 19,97 | 14,79 | 54,10 | 25,64 |
| OBONUCO | 6x8  | 6 | 8  | 4 | 28 | 6,11 | 5,43 | 20,41 | 20,38 | 15,92 | 50,72 | 26,12 |

|         |      |   |    |   |    |      |      |       |       |       |       |       |
|---------|------|---|----|---|----|------|------|-------|-------|-------|-------|-------|
| OBONUCO | 6x9  | 6 | 9  | 1 | 29 | 6,20 | 5,62 | 21,22 | 20,95 | 14,86 | 40,80 | 27,69 |
| OBONUCO | 6x9  | 6 | 9  | 2 | 29 | 5,85 | 5,45 | 20,67 | 20,30 | 14,78 | 32,10 | 27,60 |
| OBONUCO | 6x9  | 6 | 9  | 3 | 29 | 5,63 | 5,19 | 19,94 | 19,06 | 14,16 | 54,10 | 30,84 |
| OBONUCO | 6x9  | 6 | 9  | 4 | 29 | 6,23 | 5,78 | 21,43 | 21,19 | 15,70 | 50,72 | 27,22 |
| OBONUCO | 6x10 | 6 | 10 | 1 | 30 | 6,06 | 5,47 | 20,98 | 19,91 | 16,52 | 41,10 | 27,42 |
| OBONUCO | 6x10 | 6 | 10 | 2 | 30 | 7,33 | 6,83 | 22,55 | 21,06 | 15,19 | 34,20 | 30,78 |
| OBONUCO | 6x10 | 6 | 10 | 3 | 30 | 7,18 | 6,74 | 21,73 | 20,49 | 14,80 | 44,80 | 30,15 |
| OBONUCO | 6x10 | 6 | 10 | 4 | 30 | 7,42 | 6,79 | 21,99 | 20,80 | 15,30 | 51,57 | 22,40 |
| OBONUCO | 7x8  | 7 | 8  | 1 | 31 | 6,95 | 6,36 | 21,37 | 22,78 | 12,91 | 33,60 | 27,02 |
| OBONUCO | 7x8  | 7 | 8  | 2 | 31 | 6,09 | 5,67 | 20,84 | 20,61 | 14,56 | 39,00 | 26,20 |
| OBONUCO | 7x8  | 7 | 8  | 3 | 31 | 6,45 | 5,97 | 21,23 | 20,90 | 15,02 | 54,10 | 23,05 |
| OBONUCO | 7x8  | 7 | 8  | 4 | 31 | 6,96 | 6,23 | 21,96 | 19,79 | 14,61 | 50,72 | 29,00 |
| OBONUCO | 7x9  | 7 | 9  | 1 | 32 | 6,57 | 5,97 | 22,65 | 21,72 | 14,77 | 37,50 | 22,79 |
| OBONUCO | 7x9  | 7 | 9  | 2 | 32 | 6,60 | 6,02 | 21,51 | 20,84 | 15,08 | 29,40 | 23,16 |
| OBONUCO | 7x9  | 7 | 9  | 3 | 32 | 6,12 | 5,53 | 21,05 | 20,19 | 15,12 | 53,26 | 25,65 |
| OBONUCO | 7x9  | 7 | 9  | 4 | 32 | 5,43 | 4,98 | 20,09 | 19,59 | 15,98 | 51,57 | 22,20 |
| OBONUCO | 7x10 | 7 | 10 | 1 | 33 | 6,91 | 6,25 | 22,73 | 20,75 | 14,29 | 37,50 | 29,37 |
| OBONUCO | 7x10 | 7 | 10 | 2 | 33 | 5,77 | 5,43 | 20,70 | 18,80 | 14,79 | 31,50 | 23,36 |
| OBONUCO | 7x10 | 7 | 10 | 3 | 33 | 5,20 | 4,81 | 19,92 | 18,96 | 15,01 | 50,72 | 20,75 |
| OBONUCO | 7x10 | 7 | 10 | 4 | 33 | 6,19 | 5,69 | 21,15 | 19,94 | 14,65 | 52,41 | 31,98 |
| OBONUCO | 8x9  | 8 | 9  | 1 | 34 | 5,90 | 5,49 | 20,89 | 19,95 | 16,21 | 39,30 | 26,74 |
| OBONUCO | 8x9  | 8 | 9  | 2 | 34 | 6,98 | 6,19 | 22,33 | 21,78 | 15,46 | 35,40 | 26,17 |
| OBONUCO | 8x9  | 8 | 9  | 3 | 34 | 6,13 | 5,76 | 21,57 | 21,39 | 15,04 | 57,49 | 26,68 |
| OBONUCO | 8x9  | 8 | 9  | 4 | 34 | 6,33 | 5,95 | 21,10 | 21,03 | 15,27 | 49,88 | 27,67 |
| OBONUCO | 8x10 | 8 | 10 | 1 | 35 | 9,31 | 8,41 | 23,11 | 25,12 | 14,53 | 39,30 | 18,97 |
| OBONUCO | 8x10 | 8 | 10 | 2 | 35 | 7,11 | 6,73 | 22,26 | 21,45 | 15,39 | 34,50 | 18,42 |
| OBONUCO | 8x10 | 8 | 10 | 3 | 35 | 7,95 | 7,47 | 23,54 | 22,40 | 15,07 | 51,57 | 21,30 |
| OBONUCO | 8x10 | 8 | 10 | 4 | 35 | 6,79 | 6,28 | 22,34 | 21,55 | 13,95 | 50,72 | 18,47 |
| OBONUCO | 9x10 | 9 | 10 | 1 | 36 | 7,04 | 6,55 | 22,38 | 21,23 | 15,44 | 36,60 | 19,30 |
| OBONUCO | 9x10 | 9 | 10 | 2 | 36 | 6,53 | 6,15 | 22,31 | 21,13 | 14,66 | 40,20 | 20,95 |
| OBONUCO | 9x10 | 9 | 10 | 3 | 36 | 8,54 | 8,17 | 24,00 | 23,10 | 15,03 | 51,57 | 18,62 |
| OBONUCO | 9x10 | 9 | 10 | 4 | 36 | 8,51 | 7,62 | 23,54 | 22,06 | 16,07 | 49,03 | 22,64 |
| PUERRES | 1x2  | 1 | 2  | 1 | 1  | 7,40 | 6,45 | 22,15 | 20,73 | 15,28 | 34,20 | 10,46 |
| PUERRES | 1x2  | 1 | 2  | 2 | 1  | 7,79 | 6,81 | 18,20 | 16,80 | 15,33 | 43,20 | 9,91  |
| PUERRES | 1x2  | 1 | 2  | 3 | 1  | 8,78 | 7,86 | 24,39 | 22,60 | 14,42 | 29,10 | 9,04  |
| PUERRES | 1x2  | 1 | 2  | 4 | 1  | 8,93 | 7,91 | 23,07 | 21,69 | 15,30 | 43,20 | 9,96  |
| PUERRES | 1x3  | 1 | 3  | 1 | 2  | 8,59 | 7,77 | 23,76 | 21,76 | 15,42 | 28,20 | 10,33 |
| PUERRES | 1x3  | 1 | 3  | 2 | 2  | 7,56 | 6,74 | 22,60 | 21,13 | 14,81 | 39,30 | 7,29  |
| PUERRES | 1x3  | 1 | 3  | 3 | 2  | 7,76 | 6,89 | 21,87 | 20,51 | 14,60 | 25,20 | 7,84  |
| PUERRES | 1x3  | 1 | 3  | 4 | 2  | 7,02 | 6,19 | 21,67 | 19,83 | 14,80 | 44,10 | 11,04 |
| PUERRES | 1x4  | 1 | 4  | 1 | 3  | 7,35 | 6,44 | 21,94 | 20,57 | 15,80 | 27,00 | 9,51  |
| PUERRES | 1x4  | 1 | 4  | 2 | 3  | 6,84 | 5,97 | 21,61 | 20,77 | 15,16 | 36,60 | 9,99  |
| PUERRES | 1x4  | 1 | 4  | 3 | 3  | 7,54 | 6,51 | 22,47 | 21,11 | 13,82 | 26,40 | 10,39 |
| PUERRES | 1x4  | 1 | 4  | 4 | 3  | 7,23 | 6,43 | 21,27 | 20,70 | 14,59 | 43,80 | 11,13 |
| PUERRES | 1x6  | 1 | 6  | 1 | 4  | 8,26 | 7,26 | 23,60 | 21,84 | 15,46 | 25,20 | 9,82  |

|         |      |   |    |   |    |       |      |       |       |       |       |       |
|---------|------|---|----|---|----|-------|------|-------|-------|-------|-------|-------|
| PUERRES | 1x6  | 1 | 6  | 2 | 4  | 6,80  | 5,98 | 21,37 | 20,69 | 15,63 | 41,70 | 10,59 |
| PUERRES | 1x6  | 1 | 6  | 3 | 4  | 7,55  | 6,67 | 22,09 | 21,35 | 15,26 | 27,90 | 13,98 |
| PUERRES | 1x6  | 1 | 6  | 4 | 4  | 7,31  | 6,43 | 20,96 | 20,74 | 13,98 | 45,30 | 8,39  |
| PUERRES | 1x7  | 1 | 7  | 1 | 5  | 10,03 | 8,95 | 25,41 | 23,01 | 14,99 | 32,40 | 13,03 |
| PUERRES | 1x7  | 1 | 7  | 2 | 5  | 7,60  | 6,53 | 22,45 | 20,99 | 14,36 | 39,30 | 8,78  |
| PUERRES | 1x7  | 1 | 7  | 3 | 5  | 6,85  | 5,94 | 20,96 | 19,93 | 14,19 | 45,30 | 10,96 |
| PUERRES | 1x7  | 1 | 7  | 4 | 5  | 8,27  | 7,21 | 23,27 | 22,27 | 14,80 | 46,20 | 9,26  |
| PUERRES | 1x8  | 1 | 8  | 1 | 6  | 7,76  | 6,77 | 21,83 | 20,71 | 15,14 | 24,00 | 12,35 |
| PUERRES | 1x8  | 1 | 8  | 2 | 6  | 7,54  | 6,65 | 22,62 | 22,13 | 14,67 | 33,30 | 10,60 |
| PUERRES | 1x8  | 1 | 8  | 3 | 6  | 8,29  | 7,24 | 20,41 | 18,95 | 15,22 | 36,90 | 12,46 |
| PUERRES | 1x8  | 1 | 8  | 4 | 6  | 7,15  | 6,46 | 22,05 | 21,19 | 13,99 | 40,80 | 11,47 |
| PUERRES | 1x9  | 1 | 9  | 1 | 7  | 7,58  | 6,73 | 22,27 | 20,81 | 15,83 | 28,80 | 10,39 |
| PUERRES | 1x9  | 1 | 9  | 2 | 7  | 5,98  | 5,29 | 20,42 | 19,44 | 15,07 | 35,40 | 9,38  |
| PUERRES | 1x9  | 1 | 9  | 3 | 7  | 6,99  | 6,12 | 21,78 | 20,78 | 14,27 | 32,70 | 10,65 |
| PUERRES | 1x9  | 1 | 9  | 4 | 7  | 7,88  | 6,77 | 22,55 | 20,40 | 14,43 | 45,90 | 11,57 |
| PUERRES | 1x10 | 1 | 10 | 1 | 8  | 7,26  | 6,37 | 22,50 | 20,77 | 14,74 | 19,80 | 8,98  |
| PUERRES | 1x10 | 1 | 10 | 2 | 8  | 8,30  | 7,33 | 22,65 | 21,32 | 14,72 | 36,90 | 9,18  |
| PUERRES | 1x10 | 1 | 10 | 3 | 8  | 7,98  | 7,15 | 22,93 | 21,34 | 14,58 | 35,10 | 10,49 |
| PUERRES | 1x10 | 1 | 10 | 4 | 8  | 6,86  | 6,03 | 21,78 | 20,79 | 14,56 | 44,10 | 9,22  |
| PUERRES | 2x3  | 2 | 3  | 1 | 9  | 8,96  | 8,00 | 23,62 | 21,87 | 14,65 | 31,20 | 10,39 |
| PUERRES | 2x3  | 2 | 3  | 2 | 9  | 8,20  | 7,23 | 20,47 | 18,52 | 15,37 | 34,50 | 9,22  |
| PUERRES | 2x3  | 2 | 3  | 3 | 9  | 7,63  | 6,73 | 23,01 | 21,28 | 14,91 | 27,30 | 11,87 |
| PUERRES | 2x3  | 2 | 3  | 4 | 9  | 6,72  | 5,86 | 21,54 | 20,06 | 14,99 | 44,70 | 10,67 |
| PUERRES | 2x4  | 2 | 4  | 1 | 10 | 7,08  | 6,20 | 22,35 | 19,73 | 15,07 | 24,60 | 9,75  |
| PUERRES | 2x4  | 2 | 4  | 2 | 10 | 6,58  | 5,89 | 21,38 | 20,50 | 15,01 | 33,60 | 8,52  |
| PUERRES | 2x4  | 2 | 4  | 3 | 10 | 7,86  | 7,13 | 21,68 | 20,24 | 14,37 | 42,00 | 7,34  |
| PUERRES | 2x4  | 2 | 4  | 4 | 10 | 6,50  | 5,72 | 21,32 | 20,48 | 15,63 | 41,70 | 10,45 |
| PUERRES | 2x6  | 2 | 6  | 1 | 11 | 7,82  | 6,97 | 22,58 | 21,17 | 15,52 | 22,20 | 11,39 |
| PUERRES | 2x6  | 2 | 6  | 2 | 11 | 8,25  | 7,32 | 23,39 | 22,07 | 15,25 | 35,70 | 10,12 |
| PUERRES | 2x6  | 2 | 6  | 3 | 11 | 7,85  | 7,01 | 19,47 | 17,91 | 15,01 | 42,30 | 12,35 |
| PUERRES | 2x6  | 2 | 6  | 4 | 11 | 6,98  | 6,13 | 21,19 | 20,75 | 15,39 | 39,90 | 11,75 |
| PUERRES | 2x7  | 2 | 7  | 1 | 12 | 7,74  | 6,62 | 22,56 | 20,73 | 16,12 | 21,60 | 10,44 |
| PUERRES | 2x7  | 2 | 7  | 2 | 12 | 7,56  | 6,50 | 22,11 | 20,51 | 14,54 | 37,80 | 11,28 |
| PUERRES | 2x7  | 2 | 7  | 3 | 12 | 7,34  | 6,23 | 22,37 | 20,69 | 14,72 | 30,90 | 11,85 |
| PUERRES | 2x7  | 2 | 7  | 4 | 12 | 7,99  | 6,95 | 23,27 | 20,53 | 14,31 | 39,90 | 11,42 |
| PUERRES | 2x8  | 2 | 8  | 1 | 13 | 8,15  | 7,29 | 22,58 | 21,04 | 14,46 | 33,60 | 12,54 |
| PUERRES | 2x8  | 2 | 8  | 2 | 13 | 6,83  | 5,94 | 21,69 | 20,33 | 15,15 | 26,40 | 9,83  |
| PUERRES | 2x8  | 2 | 8  | 3 | 13 | 7,02  | 6,16 | 20,73 | 20,25 | 13,69 | 29,10 | 10,90 |
| PUERRES | 2x8  | 2 | 8  | 4 | 13 | 8,40  | 7,28 | 22,55 | 21,37 | 15,02 | 40,50 | 11,97 |
| PUERRES | 2x9  | 2 | 9  | 1 | 14 | 7,85  | 6,87 | 21,92 | 21,18 | 15,25 | 48,60 | 11,44 |
| PUERRES | 2x9  | 2 | 9  | 2 | 14 | 7,22  | 6,33 | 21,59 | 20,57 | 15,64 | 39,30 | 11,52 |
| PUERRES | 2x9  | 2 | 9  | 3 | 14 | 7,09  | 6,15 | 21,82 | 20,78 | 15,13 | 45,90 | 10,34 |
| PUERRES | 2x9  | 2 | 9  | 4 | 14 | 8,32  | 7,28 | 20,45 | 19,32 | 14,78 | 46,80 | 10,06 |
| PUERRES | 2x10 | 2 | 10 | 1 | 15 | 6,81  | 6,09 | 21,44 | 20,19 | 15,01 | 21,00 | 10,16 |
| PUERRES | 2x10 | 2 | 10 | 2 | 15 | 7,53  | 6,67 | 22,95 | 21,39 | 15,13 | 33,30 | 10,67 |



|         |      |   |    |   |    |      |      |       |       |       |       |       |
|---------|------|---|----|---|----|------|------|-------|-------|-------|-------|-------|
| PUERRES | 2x10 | 2 | 10 | 3 | 15 | 7,18 | 6,31 | 21,82 | 20,48 | 14,40 | 29,10 | 10,08 |
| PUERRES | 2x10 | 2 | 10 | 4 | 15 | 7,46 | 6,61 | 23,01 | 21,05 | 15,41 | 45,30 | 8,42  |
| PUERRES | 3x4  | 3 | 4  | 1 | 16 | 6,49 | 5,71 | 20,89 | 19,83 | 14,01 | 31,80 | 7,67  |
| PUERRES | 3x4  | 3 | 4  | 2 | 16 | 7,22 | 6,52 | 23,04 | 19,89 | 13,69 | 43,80 | 9,78  |
| PUERRES | 3x4  | 3 | 4  | 3 | 16 | 6,61 | 5,85 | 18,31 | 17,09 | 13,65 | 34,20 | 11,93 |
| PUERRES | 3x4  | 3 | 4  | 4 | 16 | 7,76 | 6,91 | 23,30 | 21,08 | 14,40 | 46,80 | 7,59  |
| PUERRES | 3x6  | 3 | 6  | 1 | 17 | 8,41 | 7,48 | 23,87 | 21,33 | 15,45 | 33,60 | 10,06 |
| PUERRES | 3x6  | 3 | 6  | 2 | 17 | 8,53 | 7,67 | 24,09 | 21,47 | 14,07 | 38,40 | 9,63  |
| PUERRES | 3x6  | 3 | 6  | 3 | 17 | 8,51 | 7,57 | 23,59 | 21,92 | 14,67 | 33,30 | 8,64  |
| PUERRES | 3x6  | 3 | 6  | 4 | 17 | 8,42 | 7,75 | 23,52 | 21,28 | 14,61 | 46,50 | 8,23  |
| PUERRES | 3x7  | 3 | 7  | 1 | 18 | 7,17 | 6,34 | 22,60 | 20,36 | 13,90 | 31,80 | 8,54  |
| PUERRES | 3x7  | 3 | 7  | 2 | 18 | 7,79 | 7,11 | 23,98 | 20,96 | 14,56 | 40,80 | 6,84  |
| PUERRES | 3x7  | 3 | 7  | 3 | 18 | 7,20 | 6,38 | 23,15 | 20,16 | 14,80 | 37,80 | 9,28  |
| PUERRES | 3x7  | 3 | 7  | 4 | 18 | 8,61 | 7,59 | 23,09 | 21,56 | 14,65 | 47,40 | 8,00  |
| PUERRES | 3x8  | 3 | 8  | 1 | 19 | 8,14 | 7,17 | 23,49 | 21,35 | 15,14 | 21,00 | 11,36 |
| PUERRES | 3x8  | 3 | 8  | 2 | 19 | 8,48 | 7,56 | 24,11 | 22,20 | 14,62 | 42,90 | 8,88  |
| PUERRES | 3x8  | 3 | 8  | 3 | 19 | 7,59 | 6,84 | 22,70 | 20,23 | 14,40 | 37,20 | 6,96  |
| PUERRES | 3x8  | 3 | 8  | 4 | 19 | 8,15 | 7,31 | 23,53 | 21,06 | 14,88 | 45,30 | 8,06  |
| PUERRES | 3x9  | 3 | 9  | 1 | 20 | 6,77 | 6,15 | 22,79 | 19,62 | 15,43 | 28,20 | 8,60  |
| PUERRES | 3x9  | 3 | 9  | 2 | 20 | 7,89 | 7,01 | 22,03 | 20,29 | 15,22 | 41,70 | 8,32  |
| PUERRES | 3x9  | 3 | 9  | 3 | 20 | 7,71 | 6,78 | 19,61 | 17,57 | 14,64 | 28,80 | 9,84  |
| PUERRES | 3x9  | 3 | 9  | 4 | 20 | 7,35 | 6,43 | 19,69 | 17,27 | 14,35 | 51,30 | 8,14  |
| PUERRES | 3x10 | 3 | 10 | 1 | 21 | 6,95 | 6,10 | 22,41 | 19,41 | 14,28 | 26,40 | 7,16  |
| PUERRES | 3x10 | 3 | 10 | 2 | 21 | 7,49 | 6,67 | 22,26 | 19,67 | 14,51 | 42,90 | 6,64  |
| PUERRES | 3x10 | 3 | 10 | 3 | 21 | 6,54 | 5,85 | 18,64 | 16,15 | 13,81 | 27,90 | 7,14  |
| PUERRES | 3x10 | 3 | 10 | 4 | 21 | 8,10 | 6,97 | 22,57 | 21,48 | 14,00 | 47,40 | 8,25  |
| PUERRES | 4x6  | 4 | 6  | 1 | 22 | 6,70 | 5,85 | 21,57 | 20,57 | 14,90 | 36,00 | 11,31 |
| PUERRES | 4x6  | 4 | 6  | 2 | 22 | 6,82 | 6,00 | 21,74 | 20,56 | 15,54 | 39,90 | 8,80  |
| PUERRES | 4x6  | 4 | 6  | 3 | 22 | 7,58 | 6,59 | 22,06 | 20,89 | 14,01 | 37,50 | 11,25 |
| PUERRES | 4x6  | 4 | 6  | 4 | 22 | 6,65 | 5,82 | 21,63 | 20,25 | 14,54 | 40,20 | 9,09  |
| PUERRES | 4x7  | 4 | 7  | 1 | 23 | 5,96 | 5,16 | 20,38 | 19,84 | 14,93 | 21,00 | 12,21 |
| PUERRES | 4x7  | 4 | 7  | 2 | 23 | 5,77 | 5,08 | 20,37 | 19,30 | 14,82 | 39,90 | 10,02 |
| PUERRES | 4x7  | 4 | 7  | 3 | 23 | 7,68 | 6,61 | 21,98 | 20,62 | 13,85 | 22,80 | 9,14  |
| PUERRES | 4x7  | 4 | 7  | 4 | 23 | 7,99 | 7,11 | 23,38 | 22,50 | 14,83 | 43,80 | 9,40  |
| PUERRES | 4x8  | 4 | 8  | 1 | 24 | 6,49 | 5,84 | 20,83 | 19,71 | 14,90 | 28,20 | 7,91  |
| PUERRES | 4x8  | 4 | 8  | 2 | 24 | 6,17 | 5,42 | 21,92 | 20,13 | 14,77 | 32,70 | 11,58 |
| PUERRES | 4x8  | 4 | 8  | 3 | 24 | 7,09 | 6,12 | 20,95 | 20,17 | 14,34 | 38,40 | 11,65 |
| PUERRES | 4x8  | 4 | 8  | 4 | 24 | 7,40 | 6,60 | 21,89 | 21,69 | 14,85 | 42,30 | 9,34  |
| PUERRES | 4x9  | 4 | 9  | 1 | 25 | 6,40 | 5,58 | 20,89 | 19,82 | 14,98 | 21,00 | 7,41  |
| PUERRES | 4x9  | 4 | 9  | 2 | 25 | 6,79 | 6,01 | 22,03 | 20,97 | 16,08 | 36,90 | 8,58  |
| PUERRES | 4x9  | 4 | 9  | 3 | 25 | 7,18 | 6,32 | 22,03 | 20,56 | 14,83 | 32,40 | 8,44  |
| PUERRES | 4x9  | 4 | 9  | 4 | 25 | 8,25 | 7,41 | 22,58 | 20,51 | 14,99 | 42,60 | 7,67  |
| PUERRES | 4x10 | 4 | 10 | 1 | 26 | 6,64 | 5,71 | 20,99 | 20,05 | 14,95 | 22,80 | 8,48  |
| PUERRES | 4x10 | 4 | 10 | 2 | 26 | 5,89 | 5,19 | 20,84 | 19,21 | 14,71 | 37,50 | 10,18 |
| PUERRES | 4x10 | 4 | 10 | 3 | 26 | 7,11 | 6,13 | 21,00 | 20,54 | 13,58 | 38,70 | 7,68  |

|         |      |   |    |   |    |      |      |       |       |       |       |       |
|---------|------|---|----|---|----|------|------|-------|-------|-------|-------|-------|
| PUERRES | 4x10 | 4 | 10 | 4 | 26 | 6,82 | 6,10 | 21,47 | 19,97 | 15,27 | 42,00 | 10,85 |
| PUERRES | 6x7  | 6 | 7  | 1 | 27 | 8,37 | 7,33 | 22,78 | 21,38 | 14,95 | 20,40 | 10,71 |
| PUERRES | 6x7  | 6 | 7  | 2 | 27 | 8,34 | 7,15 | 22,73 | 20,35 | 14,46 | 36,60 | 11,35 |
| PUERRES | 6x7  | 6 | 7  | 3 | 27 | 7,50 | 6,46 | 22,43 | 20,83 | 13,90 | 34,50 | 10,00 |
| PUERRES | 6x7  | 6 | 7  | 4 | 27 | 8,13 | 7,25 | 22,24 | 20,51 | 14,58 | 45,00 | 10,09 |
| PUERRES | 6x8  | 6 | 8  | 1 | 28 | 7,79 | 6,74 | 21,95 | 21,17 | 15,10 | 31,20 | 10,49 |
| PUERRES | 6x8  | 6 | 8  | 2 | 28 | 7,00 | 6,08 | 21,81 | 20,89 | 15,47 | 33,30 | 7,36  |
| PUERRES | 6x8  | 6 | 8  | 3 | 28 | 8,33 | 7,20 | 23,02 | 22,19 | 13,81 | 27,30 | 10,79 |
| PUERRES | 6x8  | 6 | 8  | 4 | 28 | 8,23 | 7,38 | 22,96 | 21,70 | 14,86 | 46,50 | 8,05  |
| PUERRES | 6x9  | 6 | 9  | 1 | 29 | 7,43 | 6,52 | 22,27 | 21,00 | 15,59 | 33,60 | 7,49  |
| PUERRES | 6x9  | 6 | 9  | 2 | 29 | 6,81 | 6,13 | 21,77 | 20,99 | 15,60 | 39,00 | 11,45 |
| PUERRES | 6x9  | 6 | 9  | 3 | 29 | 8,15 | 7,07 | 23,01 | 21,77 | 15,06 | 28,50 | 11,02 |
| PUERRES | 6x9  | 6 | 9  | 4 | 29 | 7,34 | 6,49 | 22,89 | 20,94 | 15,28 | 43,50 | 11,01 |
| PUERRES | 6x10 | 6 | 10 | 1 | 30 | 6,89 | 6,01 | 21,69 | 20,17 | 15,86 | 27,00 | 9,04  |
| PUERRES | 6x10 | 6 | 10 | 2 | 30 | 7,46 | 6,62 | 22,21 | 21,07 | 15,74 | 40,50 | 8,38  |
| PUERRES | 6x10 | 6 | 10 | 3 | 30 | 7,92 | 6,93 | 22,80 | 21,46 | 15,24 | 32,70 | 11,08 |
| PUERRES | 6x10 | 6 | 10 | 4 | 30 | 6,59 | 5,75 | 21,63 | 21,09 | 14,80 | 42,00 | 10,06 |
| PUERRES | 7x8  | 7 | 8  | 1 | 31 | 7,88 | 6,63 | 22,57 | 21,25 | 15,75 | 19,80 | 10,96 |
| PUERRES | 7x8  | 7 | 8  | 2 | 31 | 8,04 | 6,98 | 22,33 | 21,35 | 14,75 | 33,90 | 10,97 |
| PUERRES | 7x8  | 7 | 8  | 3 | 31 | 8,39 | 7,19 | 22,32 | 20,90 | 14,03 | 34,50 | 8,59  |
| PUERRES | 7x8  | 7 | 8  | 4 | 31 | 8,52 | 7,27 | 23,58 | 21,99 | 13,91 | 41,70 | 9,03  |
| PUERRES | 7x9  | 7 | 9  | 1 | 32 | 7,50 | 6,39 | 22,00 | 20,55 | 16,12 | 40,20 | 8,44  |
| PUERRES | 7x9  | 7 | 9  | 2 | 32 | 6,96 | 5,96 | 19,52 | 16,97 | 14,67 | 32,70 | 12,87 |
| PUERRES | 7x9  | 7 | 9  | 3 | 32 | 8,20 | 7,24 | 23,43 | 21,79 | 14,03 | 28,20 | 11,52 |
| PUERRES | 7x9  | 7 | 9  | 4 | 32 | 8,06 | 6,98 | 23,31 | 21,28 | 14,43 | 46,80 | 12,25 |
| PUERRES | 7x10 | 7 | 10 | 1 | 33 | 7,33 | 6,49 | 22,43 | 20,94 | 15,23 | 34,20 | 8,34  |
| PUERRES | 7x10 | 7 | 10 | 2 | 33 | 7,34 | 6,29 | 22,28 | 20,70 | 15,17 | 33,60 | 10,27 |
| PUERRES | 7x10 | 7 | 10 | 3 | 33 | 7,89 | 6,80 | 22,78 | 20,96 | 14,05 | 36,90 | 9,46  |
| PUERRES | 7x10 | 7 | 10 | 4 | 33 | 8,17 | 7,17 | 23,50 | 21,21 | 14,68 | 41,10 | 8,43  |
| PUERRES | 8x9  | 8 | 9  | 1 | 34 | 7,26 | 6,21 | 22,05 | 21,19 | 15,36 | 26,40 | 9,80  |
| PUERRES | 8x9  | 8 | 9  | 2 | 34 | 7,49 | 6,47 | 22,13 | 21,61 | 14,82 | 42,60 | 8,29  |
| PUERRES | 8x9  | 8 | 9  | 3 | 34 | 8,77 | 7,64 | 23,01 | 22,22 | 13,60 | 32,10 | 9,06  |
| PUERRES | 8x9  | 8 | 9  | 4 | 34 | 9,20 | 8,01 | 23,65 | 22,44 | 14,82 | 46,50 | 11,33 |
| PUERRES | 8x10 | 8 | 10 | 1 | 35 | 8,28 | 7,27 | 23,16 | 21,09 | 14,84 | 33,00 | 8,58  |
| PUERRES | 8x10 | 8 | 10 | 2 | 35 | 8,78 | 7,58 | 22,91 | 21,19 | 15,62 | 37,80 | 9,80  |
| PUERRES | 8x10 | 8 | 10 | 3 | 35 | 7,80 | 6,73 | 22,43 | 21,15 | 14,83 | 34,20 | 9,13  |
| PUERRES | 8x10 | 8 | 10 | 4 | 35 | 8,00 | 6,93 | 22,79 | 21,91 | 13,20 | 42,90 | 10,28 |
| PUERRES | 9x10 | 9 | 10 | 1 | 36 | 7,84 | 7,07 | 22,35 | 21,09 | 14,94 | 37,20 | 10,06 |
| PUERRES | 9x10 | 9 | 10 | 2 | 36 | 7,76 | 6,73 | 22,66 | 21,04 | 15,54 | 37,20 | 10,75 |
| PUERRES | 9x10 | 9 | 10 | 3 | 36 | 7,13 | 6,00 | 22,33 | 20,67 | 14,81 | 38,10 | 11,30 |
| PUERRES | 9x10 | 9 | 10 | 4 | 36 | 7,66 | 6,59 | 22,59 | 21,74 | 14,19 | 45,60 | 8,48  |

*Nota.* LOC = localidad, HIB = híbrido, I = padre i-ésimo, J = padre j-ésimo, REP= repetición o bloque, PCC= peso en gramos de fruto fresco con cáliz, PSC= peso en gramos de fruto seco sin cáliz, DE= diámetro ecuatorial en mm del fruto, EP= eje polar en mm del fruto, SST= sólidos solubles totales, AA= ácido ascórbico, RTO= rendimiento en t/ha.



### Anexo 2.3

ANDEVA, Componentes de Varianza y Heredabilidad Para Siete Variables de 36 Híbridos Provenientes de un Dialélico Entre Nueve LDH [Método 4 Griffing (1956)], Evaluados en la Localidad de Gualmatán.

| FV            | GL  | PCC       | PSC       | DE        | EP         | SST         | AA         | RTO       |
|---------------|-----|-----------|-----------|-----------|------------|-------------|------------|-----------|
| Bloques       | 3   | 0,88      | 0,55      | 1,13      | 0,20       | 10,31*      | 717,3*     | 11,04*    |
| Cruzas        | 35  | 0,75      | 0,59      | 1,26      | 1,19       | 0,28        | 20,12*     | 6,15*     |
| ACG           | 8   | 1,17      | 0,99      | 1,41      | 1,71       | 0,45        | 30,32      | 12,97*    |
| ACE           | 27  | 0,63      | 0,48      | 1,22      | 1,04       | 0,23        | 17,09*     | 4,13*     |
| Error         | 105 | 0,93      | 0,74      | 1,40      | 1,22       | 0,22        | 10,25      | 1,72      |
| Media         |     | 6,51      | 5,71      | 21,12     | 20,29      | 20,29       | 37,89      | 12,67     |
| $\sigma_e^2$  |     | 0,93±0,09 | 0,74±0,07 | 1,40±0,14 | 1,22±0,12  | 0,22±0,02   | 10,25±0,99 | 1,72±0,17 |
| $\sigma_g^2$  |     | 0,02±0,02 | 0,02±0,02 | 0,01±0,03 | 0,02±0,03  | 0,01±0,01   | 0,47±0,51  | 0,32±0,21 |
| $\sigma_s^2$  |     | -0,08±0,0 | -0,07±0,0 | -0,05±0,0 | -0,04±0,0  | 0,001±0,004 | 1,71±0,31  | 0,60±0,07 |
| $\sigma_A^2$  |     | 0,04±0,04 | 0,04±0,03 | 0,01±0,05 | 0,05±0,06  | 0,02±0,02   | 0,94±1,02  | 0,64±0,42 |
| $\sigma_D^2$  |     | -0,08±0,0 | -0,07±0,0 | -0,05±0,0 | -0,04±0,0  | 0,001±0,004 | 1,71±0,31  | 0,60±0,07 |
| $\sigma_C^2$  |     | -0,05±0,0 | 0,0±0,0   | -0,04±0,0 | -0,01±0,0  | 0,01±0,003  | 2,47±0,18  | 1,11±0,05 |
| $\sigma_G^2$  |     | 0,04±0,02 | 0,04±0,02 | -0,03±0,0 | 0,004±0,03 | 0,02±0,004  | 2,66±0,28  | 1,23±0,21 |
| $\sigma_F^2$  |     | 0,27±0,02 | 0,16±0,02 | 0,32±0,03 | 0,31±0,03  | 0,07±0,01   | 5,22±0,27  | 1,66±0,21 |
| $\hat{h}_c^2$ |     | 0,0±0,0   | 0,0±0,0   | 0,0±0,0   | -0,02±0,0  | 0,21±0,04   | 0,49±0,04  | 0,72±0,03 |
| $\hat{h}_a^2$ |     | 0,14±0,10 | 0,17±0,07 | 0,04±0,07 | 0,01±0,09  | 0,24±0,10   | 0,51±0,10  | 0,74±0,13 |
| $\hat{h}_e^2$ |     | 0,14±0,20 | 0,17±0,21 | 0,04±0,16 | 0,15±0,19  | 0,22±0,21   | 0,18±0,20  | 0,38±0,25 |
| CVe           |     | 14,82     | 15,05     | 5,61      | 5,44       | 2,31        | 8,45       | 10,34     |
| CVF           |     | 8,00      | 8,25      | 2,67      | 2,74       | 1,33        | 6,03       | 10,18     |
| CVG           |     | 3,02      | 3,37      | 0,55      | 0,30       | 0,65        | 4,30       | 8,77      |

Nota: PCC= peso en gramos de fruto fresco con cáliz, PSC= peso en gramos de fruto seco sin cáliz, DE= diámetro ecuatorial en mm del fruto, EP= eje polar en mm del fruto, SST= sólidos solubles totales, AA= ácido ascórbico, RTO= rendimiento en t/ha.

**Anexo 2.4**

ANDEVA, Componentes de Varianza y Heredabilidad Para Siete Variables de 36 Híbridos de *Physalis Peruviana* L. Provenientes de un Dialélico Entre Nueve LDH [Método 4 Griffing (1956)], Evaluados en la Localidad de Ipiales.

| FV            | GL  | PCC          | PSC          | DE           | EP           | SST          | AA             | RTO           |
|---------------|-----|--------------|--------------|--------------|--------------|--------------|----------------|---------------|
| Bloques       | 3   | <b>2,46*</b> | <b>1,80*</b> | <b>2,96*</b> | <b>3,26*</b> | <b>2,33*</b> | <b>5298,3*</b> | <b>12,44*</b> |
| Cruzas        | 35  | <b>0,53*</b> | <b>0,48*</b> | <b>1,29*</b> | <b>0,70*</b> | 0,54         | 13,38          | <b>19,48*</b> |
| ACG           | 8   | <b>0,93*</b> | <b>1,00*</b> | 2,09         | <b>1,23*</b> | 0,89         | 18,73          | 16,67         |
| ACE           | 27  | 0,41         | 0,33         | 1,05         | 0,55         | 0,44         | 11,80          | <b>20,31*</b> |
| Error         | 105 | 0,33         | 0,26         | 0,74         | 0,45         | 0,40         | 12,40          | 2,35          |
| Media         |     | 6,10         | 5,36         | 20,52        | 19,61        | 14,47        | 41,01          | 19,41         |
| $\sigma_e^2$  |     | 0,33±0,03    | 0,26±0,02    | 0,74±0,07    | 0,45±0,04    | 0,40±0,04    | 12,40±1,20     | 2,35±0,23     |
| $\sigma_g^2$  |     | 0,02±0,02    | 0,02±0,02    | 0,04±0,03    | 0,02±0,02    | 0,02±0,01    | 0,25±0,32      | -0,13±0,0     |
| $\sigma_s^2$  |     | 0,02±0,01    | 0,02±0,01    | 0,08±0,02    | 0,03±0,01    | 0,01±0,01    | -0,15±0,0      | 4,49±0,36     |
| $\sigma_A^2$  |     | 0,04±0,03    | 0,05±0,03    | 0,07±0,07    | 0,05±0,04    | 0,03±0,03    | 0,50±0,64      | -0,26±0,0     |
| $\sigma_D^2$  |     | 0,02±0,01    | 0,02±0,01    | 0,08±0,02    | 0,03±0,01    | 0,01±0,01    | -0,60±0,0      | 4,49±0,36     |
| $\sigma_c^2$  |     | 0,05±0,01    | 0,06±0,004   | 0,14±0,01    | 0,06±0,01    | 0,04±0,01    | 0,25±0,13      | 4,28±0,16     |
| $\sigma_G^2$  |     | 0,06±0,02    | 0,07±0,02    | 0,15±0,03    | 0,07±0,02    | 0,04±0,01    | 0,35±0,32      | 4,23±0,33     |
| $\sigma_F^2$  |     | 0,14±0,02    | 0,13±0,02    | 0,34±0,03    | 0,19±0,02    | 0,14±0,01    | 0,35±0,10      | 4,82±0,35     |
| $\hat{h}_c^2$ |     | 0,37±0,04    | 0,47±0,04    | 0,42±0,04    | 0,37±0,04    | 0,26±0,04    | 0,07±0,04      | 0,88±0,03     |
| $\hat{h}_a^2$ |     | 0,40±0,11    | 0,51±0,13    | 0,45±0,10    | 0,40±0,11    | 0,30±0,10    | 0,10±0,09      | 0,88±0,07     |
| $\hat{h}_e^2$ |     | 0,26±0,22    | 0,37±0,25    | 0,22±0,21    | 0,26±0,22    | 0,32±0,21    | 0,14±0,19      | -0,03±0,0     |
| CVe           |     | 9,49         | 9,44         | 4,2          | 3,41         | 4,36         | 8,59           | 7,90          |
| CVF           |     | 6,13         | 6,72         | 2,83         | 2,20         | 2,60         | 4,53           | 11,31         |
| CVG           |     | 3,89         | 4,79         | 1,89         | 1,39         | 1,42         | 1,43           | 10,59         |

Nota. PCC= peso en gramos de fruto fresco con cáliz, PSC= peso en gramos de fruto seco sin cáliz, DE= diámetro ecuatorial en mm del fruto, EP= eje polar en mm del fruto, SST= sólidos solubles totales, AA= ácido ascórbico, RTO= rendimiento en t/ha.

## Anexo 2.5

ANDEVA, componentes de varianza y heredabilidad para siete variables de 36 híbridos de *Physalis peruviana* L., provenientes de un dialélico entre nueve LDH [método 4 Griffing (1956)], evaluados en la localidad de Obonuco (Pasto).

| FV            | GL  | PCC          | PSC          | DE           | EP           | SST        | AA             | RTO           |
|---------------|-----|--------------|--------------|--------------|--------------|------------|----------------|---------------|
| Bloques       | 3   | 0,11         | 0,02         | 0,65         | <b>2,12*</b> | 0,58       | <b>2456,5*</b> | 5,13          |
| Cruzas        | 35  | <b>1,05*</b> | <b>0,95*</b> | <b>1,41*</b> | <b>1,73*</b> | 0,46       | 10,76          | <b>44,43*</b> |
| ACG           | 8   | 1,54         | 1,41         | 1,78         | 2,82         | 0,94       | 11,80          | 73,40         |
| ACE           | 27  | <b>0,90*</b> | <b>0,82*</b> | <b>1,30*</b> | <b>1,40*</b> | 0,31       | 10,45          | <b>35,85*</b> |
| Error         | 105 | 0,33         | 0,27         | 0,52         | 0,65         | 0,36       | 10,52          | 6,53          |
| Media         |     | 6,22         | 5,73         | 21,39        | 20,39        | 15,04      | 43,97          | 25,12         |
| $\sigma_e^2$  |     | 0,33±0,03    | 0,27±0,03    | 0,52±0,05    | 0,65±0,06    | 0,36±0,03  | 10,52±1,02     | 6,53±0,90     |
| $\sigma_g^2$  |     | 0,02±0,03    | 0,02±0,02    | 0,02±0,03    | 0,05±0,05    | 0,02±0,02  | 0,05±0,21      | 1,34±1,22     |
| $\sigma_s^2$  |     | 0,14±0,02    | 0,14±0,01    | 0,19±0,02    | 0,19±0,03    | -0,01±0,0  | -0,02±0,0      | 7,33±0,64     |
| $\sigma_A^2$  |     | 0,05±0,05    | 0,04±0,05    | 0,03±0,06    | 0,10±0,09    | 0,04±0,03  | 0,10±0,42      | 2,68±2,44     |
| $\sigma_D^2$  |     | 0,14±0,02    | 0,14±0,01    | 0,19±0,02    | 0,19±0,03    | -0,01±0,0  | -0,02±0,0      | 7,33±0,64     |
| $\sigma_c^2$  |     | 0,18±0,01    | 0,17±0,01    | 0,22±0,01    | 0,27±0,02    | 0,03±0,004 | 0,06±0,10      | 9,48±0,38     |
| $\sigma_G^2$  |     | 0,19±0,01    | 0,18±0,02    | 0,23±0,03    | 0,29±0,05    | 0,03±0,02  | 0,08±0,13      | 10,01±0,64    |
| $\sigma_F^2$  |     | 0,27±0,03    | 0,25±0,03    | 0,36±0,03    | 0,45±0,5     | 0,12±0,02  | 2,71±0,05      | 11,64±1,27    |
| $\hat{h}_c^2$ |     | 0,68±0,03    | 0,72±0,03    | 0,63±0,03    | 0,62±0,03    | 0,22±0,04  | 0,02±0,04      | 0,85±0,03     |
| $\hat{h}_a^2$ |     | 0,69±0,10    | 0,73±0,10    | 0,64±0,09    | 0,64±0,10    | 0,28±0,12  | 0,03±0,08      | 0,86±0,11     |
| $\hat{h}_e^2$ |     | 0,17±0,19    | 0,17±0,19    | 0,10±0,17    | 0,23±0,21    | 0,36±0,25  | 0,04±0,16      | 0,23±0,21     |
| CVe           |     | 9,27         | 9,07         | 3,38         | 3,96         | 3,96       | 7,38           | 10,17         |
| CVF           |     | 8,37         | 8,68         | 2,80         | 3,30         | 2,33       | 3,74           | 13,59         |
| CVG           |     | 6,97         | 7,40         | 2,24         | 2,64         | 1,23       | 0,64           | 12,60         |

Nota: PCC= peso en gramos de fruto fresco con cáliz, PSC= peso en gramos de fruto seco sin cáliz, DE= diámetro ecuatorial en mm del fruto, EP= eje polar en mm del fruto, SST= sólidos solubles totales, AA= ácido ascórbico, RTO= rendimiento en t/ha.

## Anexo 2.6

ANDEVA, componentes de varianza y heredabilidad para siete variables de 36 híbridos de *Physalis peruviana* L., provenientes de un dialélico entre nueve LDH [método 4 Griffing (1956)], evaluados en la localidad de Puerres.

| FV            | GL  | PCC          | PSC          | DE         | EP           | SST          | AA             | RTO          |
|---------------|-----|--------------|--------------|------------|--------------|--------------|----------------|--------------|
| Bloques       | 3   | 0,84         | 0,65         | 1,94       | 1,83         | <b>4,06*</b> | <b>1576,7*</b> | 1,52         |
| Cruzas        | 35  | <b>0,86*</b> | <b>0,66*</b> | 1,68       | <b>1,70*</b> | <b>0,38*</b> | 30,25          | <b>4,00*</b> |
| ACG           | 8   | <b>2,45*</b> | <b>1,86*</b> | 3,23       | <b>3,43*</b> | <b>0,90*</b> | 26,78          | <b>9,76*</b> |
| ACE           | 27  | 0,39         | 0,31         | 1,22       | 1,18         | 0,22         | 31,28          | 2,29         |
| Error         | 105 | 0,39         | 0,34         | 1,19       | 1,08         | 0,22         | 22,10          | 1,70         |
| Media         |     | 7,57         | 6,65         | 22,17      | 20,68        | 14,81        | 35,89          | 9,85         |
| $\sigma_e^2$  |     | 0,39±0,04    | 0,34±0,03    | 1,19±0,11  | 1,08±0,10    | 0,22±0,02    | 22,10±2,14     | 1,70±0,23    |
| $\sigma_g^2$  |     | 0,07±0,04    | 0,06±0,03    | 0,07±0,05  | 0,08±0,06    | 0,02±0,01    | -0,16±0,0      | 0,27±0,16    |
| $\sigma_s^2$  |     | 0,00±0,0     | -0,01±0,0    | 0,01±0,02  | 0,03±0,02    | 0,00±0,0     | 2,30±0,57      | 0,15±0,04    |
| $\sigma_A^2$  |     | 0,15±0,08    | 0,11±0,06    | 0,14±0,11  | 0,16±0,11    | 0,05±0,03    | -0,32±0,0      | 0,53±0,04    |
| $\sigma_D^2$  |     | 0,00±0,0     | -0,01±0,0    | 0,007±0,02 | 0,03±0,02    | 0,00±0,0     | 2,30±0,57      | 0,15±0,04    |
| $\sigma_c^2$  |     | 0,12±0,01    | 0,08±0,01    | 0,12±0,02  | 0,15±0,02    | 0,04±0,003   | 2,04±0,28      | 0,57±0,03    |
| $\sigma_G^2$  |     | 0,15±0,04    | 0,10±0,03    | 0,15±0,05  | 0,19±0,06    | 0,05±0,01    | 1,97±0,52      | 0,68±0,07    |
| $\sigma_F^2$  |     | 0,25±0,04    | 0,19±0,03    | 0,45±0,05  | 0,46±0,06    | 0,10±0,01    | 7,50±0,35      | 1,11±0,16    |
| $\hat{h}_c^2$ |     | 0,54±0,03    | 0,49±0,04    | 0,29±0,04  | 0,36±0,04    | 0,41±0,04    | 0,27±0,04      | 0,57±0,03    |
| $\hat{h}_a^2$ |     | 0,60±0,16    | 0,55±0,16    | 0,34±0,12  | 0,41±0,12    | 0,47±0,14    | 0,26±0,07      | 0,62±0,14    |
| $\hat{h}_e^2$ |     | 0,60±0,32    | 0,59±0,32    | 0,32±0,24  | 0,35±0,24    | 0,47±0,28    | -0,04±0,0      | 0,48±0,28    |
| CVe           |     | 8,30         | 8,73         | 4,92       | 5,02         | 3,17         | 13,1           | 13,25        |
| CVF           |     | 6,54         | 6,53         | 3,02       | 3,27         | 2,18         | 7,63           | 10,68        |
| CVG           |     | 6,06         | 4,85         | 1,75       | 2,09         | 1,49         | 3,91           | 8,38         |

Nota: PCC= Peso en gramos de fruto fresco con cáliz, PSC= peso en gramos de fruto seco sin cáliz, DE= diámetro ecuatorial en mm del fruto, EP= eje polar en mm del fruto, SST= sólidos solubles totales, AA= ácido ascórbico, RTO= rendimiento en t/ha.

**Anexo 3.1**

Medias de ocho características de un dialélico parcial circulante de 48 parentales de tomate de árbol (*Solanum betaceum* Cav.), evaluados en Pasto, Nariño.

| Híbridos | Trat | FPP   | PF     | DE    | EP    | Rto   | CJ    | Bx    | AC   |
|----------|------|-------|--------|-------|-------|-------|-------|-------|------|
| 1x24     | 1    | 36,16 | 126,26 | 51,75 | 62,42 | 7,49  | 43,54 | 9,98  | 2,08 |
| 1x25     | 2    | 47,41 | 134,25 | 53,57 | 69,09 | 9,34  | 36,75 | 8,73  | 2,01 |
| 1x26     | 3    | 61,14 | 126,12 | 48,00 | 60,85 | 11,52 | 30,84 | 9,08  | 1,94 |
| 2x25     | 4    | 50,55 | 130,50 | 51,37 | 68,18 | 9,89  | 35,54 | 9,27  | 1,74 |
| 2x26     | 5    | 71,73 | 108,34 | 49,79 | 64,63 | 12,82 | 29,09 | 9,69  | 2,39 |
| 2x27     | 6    | 25,70 | 138,42 | 49,89 | 65,30 | 5,41  | 34,09 | 8,92  | 1,93 |
| 3x26     | 7    | 52,12 | 94,42  | 45,90 | 63,48 | 7,52  | 33,34 | 9,14  | 2,05 |
| 3x27     | 8    | 21,11 | 167,72 | 52,41 | 65,54 | 4,98  | 39,33 | 9,61  | 2,26 |
| 3x28     | 9    | 76,19 | 109,72 | 47,89 | 63,53 | 12,84 | 30,34 | 9,68  | 2,54 |
| 4x27     | 10   | 16,29 | 182,16 | 57,00 | 72,32 | 3,37  | 43,50 | 8,58  | 1,76 |
| 4x28     | 11   | 66,21 | 157,97 | 55,90 | 71,19 | 14,47 | 41,59 | 8,95  | 1,85 |
| 4x29     | 12   | 31,11 | 175,43 | 55,02 | 73,82 | 7,19  | 41,84 | 7,92  | 2,36 |
| 5x28     | 13   | 53,68 | 150,87 | 56,79 | 72,28 | 12,58 | 52,59 | 8,81  | 1,98 |
| 5x29     | 14   | 23,95 | 70,27  | 54,57 | 70,22 | 5,60  | 29,60 | 9,35  | 2,03 |
| 5x30     | 15   | 35,67 | 160,56 | 55,11 | 66,14 | 7,76  | 40,42 | 8,84  | 2,02 |
| 6x29     | 16   | 30,25 | 157,79 | 51,47 | 68,65 | 6,62  | 39,55 | 9,38  | 2,01 |
| 6x30     | 17   | 33,74 | 166,74 | 53,22 | 70,81 | 6,95  | 31,83 | 9,66  | 2,10 |
| 6x31     | 18   | 59,57 | 153,08 | 46,48 | 64,29 | 10,12 | 22,42 | 8,30  | 1,89 |
| 7x30     | 19   | 45,63 | 132,52 | 54,01 | 67,88 | 9,54  | 33,67 | 9,96  | 2,32 |
| 7x31     | 20   | 59,06 | 132,64 | 51,58 | 66,09 | 11,73 | 38,34 | 9,45  | 2,24 |
| 7x32     | 21   | 40,12 | 126,71 | 51,23 | 63,79 | 8,05  | 37,30 | 9,38  | 2,12 |
| 8x31     | 22   | 38,19 | 131,98 | 47,39 | 61,63 | 7,88  | 49,50 | 8,84  | 1,96 |
| 8x32     | 23   | 22,63 | 120,28 | 52,15 | 67,63 | 4,41  | 37,92 | 8,93  | 1,68 |
| 8x33     | 24   | 62,51 | 108,91 | 50,12 | 65,08 | 10,02 | 35,30 | 9,46  | 2,17 |
| 9x32     | 25   | 39,43 | 133,71 | 53,73 | 66,55 | 8,02  | 41,50 | 9,11  | 1,75 |
| 9x33     | 26   | 35,59 | 131,67 | 50,39 | 63,25 | 6,88  | 26,34 | 8,34  | 2,01 |
| 9x34     | 27   | 42,75 | 132,64 | 53,56 | 64,99 | 8,42  | 40,75 | 9,55  | 1,77 |
| 10x33    | 28   | 62,42 | 116,18 | 46,42 | 63,31 | 10,48 | 29,67 | 9,79  | 2,30 |
| 10x34    | 29   | 35,68 | 142,62 | 48,76 | 65,14 | 7,23  | 34,09 | 8,55  | 2,07 |
| 10x35    | 30   | 55,08 | 111,42 | 45,99 | 66,01 | 9,58  | 33,67 | 9,03  | 2,17 |
| 11x34    | 31   | 46,07 | 124,69 | 49,54 | 67,99 | 8,69  | 36,09 | 10,20 | 2,08 |
| 11x35    | 32   | 72,08 | 102,75 | 47,89 | 64,19 | 11,92 | 30,08 | 10,48 | 2,33 |
| 11x36    | 33   | 49,64 | 150,57 | 52,55 | 70,66 | 10,65 | 33,63 | 9,47  | 1,99 |
| 12x35    | 34   | 73,22 | 129,81 | 52,36 | 64,44 | 14,80 | 40,59 | 9,99  | 2,29 |
| 12x36    | 35   | 51,22 | 113,97 | 51,06 | 65,31 | 9,50  | 42,50 | 10,88 | 2,20 |
| 12x37    | 36   | 34,46 | 141,05 | 53,86 | 67,90 | 6,76  | 36,25 | 9,09  | 2,07 |
| 13x36    | 37   | 41,91 | 149,57 | 57,57 | 69,62 | 9,36  | 38,09 | 9,59  | 2,05 |
| 13x37    | 38   | 32,00 | 70,99  | 54,29 | 72,54 | 7,31  | 31,83 | 9,56  | 2,03 |
| 13x38    | 39   | 34,73 | 120,31 | 48,39 | 63,63 | 6,67  | 39,92 | 9,69  | 2,19 |
| 14x37    | 40   | 40,30 | 139,71 | 54,51 | 68,13 | 8,65  | 43,42 | 10,51 | 2,02 |
| 14x38    | 41   | 49,73 | 139,29 | 56,06 | 64,49 | 10,62 | 31,50 | 9,54  | 2,02 |

| 14x39    | 42   | 22,46 | 187,09 | 56,24 | 72,41 | 6,08  | 44,17 | 9,47  | 2,33 |
|----------|------|-------|--------|-------|-------|-------|-------|-------|------|
| 15x38    | 43   | 57,04 | 115,22 | 49,69 | 67,55 | 9,76  | 32,09 | 8,31  | 2,26 |
| 15x39    | 44   | 45,46 | 148,55 | 51,46 | 67,91 | 10,23 | 31,29 | 10,03 | 2,25 |
| 15x40    | 45   | 44,86 | 140,07 | 51,87 | 67,62 | 8,87  | 31,42 | 9,63  | 1,87 |
| 16x39    | 46   | 38,61 | 153,03 | 51,68 | 67,76 | 8,63  | 33,34 | 10,14 | 1,81 |
| 16x40    | 47   | 35,61 | 170,57 | 53,10 | 66,02 | 8,56  | 30,92 | 8,69  | 1,87 |
| 16x41    | 48   | 39,85 | 143,13 | 51,65 | 64,51 | 6,76  | 32,34 | 9,97  | 2,09 |
| 17x40    | 49   | 35,25 | 182,05 | 55,91 | 70,52 | 9,97  | 35,00 | 9,04  | 1,81 |
| 17x41    | 50   | 26,52 | 114,94 | 51,98 | 68,79 | 5,23  | 34,17 | 10,13 | 1,66 |
| 17x42    | 51   | 41,74 | 145,51 | 55,87 | 68,68 | 8,74  | 31,75 | 8,38  | 2,11 |
| 18x41    | 52   | 63,49 | 140,86 | 53,53 | 70,27 | 12,77 | 38,87 | 8,97  | 2,32 |
| 18x42    | 53   | 41,15 | 149,05 | 53,52 | 66,74 | 9,40  | 41,75 | 9,18  | 2,08 |
| 18x43    | 54   | 44,31 | 140,29 | 52,72 | 66,75 | 9,26  | 41,35 | 10,59 | 2,37 |
| 19x42    | 55   | 25,54 | 152,66 | 54,41 | 70,55 | 6,31  | 35,84 | 9,12  | 1,94 |
| 19x43    | 56   | 36,55 | 62,58  | 51,23 | 65,53 | 7,37  | 26,83 | 10,13 | 1,75 |
| 19x44    | 57   | 42,61 | 129,95 | 52,00 | 69,70 | 8,45  | 39,59 | 8,67  | 1,99 |
| 20x43    | 58   | 50,02 | 137,03 | 52,56 | 65,14 | 9,72  | 40,67 | 9,51  | 2,22 |
| 20x44    | 59   | 41,95 | 144,79 | 56,28 | 74,50 | 9,21  | 43,33 | 9,90  | 2,27 |
| 20x45    | 60   | 31,33 | 136,73 | 53,02 | 71,63 | 6,59  | 46,67 | 10,01 | 2,03 |
| 21x44    | 61   | 55,16 | 146,02 | 52,10 | 68,96 | 10,26 | 36,09 | 9,94  | 2,04 |
| 21x45    | 62   | 32,24 | 133,35 | 49,34 | 66,18 | 5,40  | 34,67 | 9,01  | 1,87 |
| 21x46    | 63   | 60,40 | 122,48 | 49,19 | 66,44 | 11,24 | 31,42 | 9,32  | 1,97 |
| 22x45    | 64   | 38,06 | 113,86 | 49,42 | 64,22 | 6,48  | 29,79 | 9,21  | 2,03 |
| 22x46    | 65   | 46,98 | 122,69 | 52,76 | 64,41 | 9,10  | 32,09 | 9,12  | 1,87 |
| 22x47    | 66   | 41,22 | 167,71 | 55,41 | 68,11 | 8,93  | 40,00 | 8,44  | 1,79 |
| 23x46    | 67   | 44,21 | 132,62 | 53,22 | 69,23 | 9,26  | 40,00 | 9,63  | 2,05 |
| 23x47    | 68   | 44,22 | 139,22 | 55,04 | 66,90 | 9,89  | 41,75 | 10,37 | 2,37 |
| 23x48    | 69   | 52,94 | 135,06 | 51,84 | 69,13 | 10,58 | 33,33 | 9,87  | 2,00 |
| 24x47    | 70   | 54,69 | 135,25 | 53,37 | 66,98 | 10,12 | 37,88 | 9,16  | 2,21 |
| 24x48    | 71   | 48,52 | 125,93 | 49,90 | 51,93 | 9,58  | 37,75 | 9,09  | 2,00 |
| 25x48    | 72   | 49,01 | 156,03 | 59,96 | 58,40 | 9,96  | 34,00 | 8,74  | 1,84 |
| Testigos | Trat | FPP   | PF     | DE    | EP    | Rto   | CJ    | Bx    | AC   |
| CBc14    | 73   | 79,50 | 115,40 | 50,54 | 61,77 | 14,53 | 32,34 | 9,09  | 2,08 |
| CBco39   | 74   | 32,59 | 162,35 | 51,56 | 72,81 | 6,90  | 32,50 | 9,13  | 2,18 |
| CBco42   | 75   | 38,98 | 156,80 | 54,22 | 69,78 | 8,83  | 40,17 | 9,48  | 2,15 |
| CBco46   | 76   | 48,15 | 146,51 | 51,00 | 66,85 | 9,39  | 36,04 | 10,16 | 2,04 |
| CBI80    | 77   | 41,99 | 129,66 | 50,89 | 64,91 | 8,65  | 36,75 | 10,11 | 2,63 |
| CBI81    | 78   | 46,21 | 139,86 | 47,88 | 58,98 | 7,77  | 44,75 | 8,86  | 2,07 |
| CBp19    | 79   | 68,63 | 103,00 | 49,38 | 62,67 | 10,71 | 26,25 | 9,41  | 2,28 |
| CBsb01   | 80   | 22,96 | 170,39 | 55,96 | 69,72 | 5,38  | 44,00 | 10,59 | 1,82 |
| CBsj36   | 81   | 30,78 | 173,13 | 51,76 | 69,49 | 7,68  | 37,00 | 9,15  | 2,15 |
| Media    |      | 44,43 | 136,25 | 52,13 | 66,83 | 8,84  | 36,39 | 9,39  | 2,06 |
| CV       |      | 30,71 | 17,41  | 5,50  | 5,50  | 25,87 | 15,10 | 6,46  | 9,51 |

Nota: Trat= tratamiento FPP = frutos por planta, PF= peso de frutos en g, DE= diámetro ecuatorial de fruto en mm, EP= eje polar de fruto en mm, Rto= rendimiento en t/ha, CJ= contenido de fruto en mm por fruto, SST= sólidos solubles totales en °Brix, AC= ácido cítrico en porcentaje.

**Anexo 3.2**

*Medias de Ocho Variables de Solanum betaceum de una Muestra Aleatoria de 12 Individuos por Localidad para el Análisis de Regresión Múltiple.*

| <b>Loc</b> | <b>Gen</b> | <b>Trat</b> | <b>FPP</b> | <b>PF</b> | <b>DE</b> | <b>EP</b> | <b>CJ</b> | <b>Bx</b> | <b>AC</b> | <b>Rto</b> |
|------------|------------|-------------|------------|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|------------|
| Pasto      | 16x40      | 47          | 51,33      | 138,63    | 56,56     | 71,18     | 36,33     | 9,87      | 1,75      | 11,39      |
| Pasto      | 22x46      | 65          | 69,33      | 116,24    | 53,38     | 63,08     | 26,67     | 10,33     | 1,71      | 12,89      |
| Pasto      | 17x40      | 49          | 47,00      | 174,65    | 55,16     | 68,31     | 31,50     | 9,47      | 1,55      | 13,13      |
| Pasto      | 1x24       | 1           | 31,00      | 129,30    | 49,83     | 60,81     | 35,40     | 9,50      | 2,42      | 6,41       |
| Pasto      | 16x41      | 48          | 73,67      | 102,92    | 51,61     | 63,21     | 34,67     | 11,23     | 1,78      | 12,13      |
| Pasto      | 6x29       | 16          | 8,33       | 179,22    | 54,37     | 73,89     | 47,50     | 8,65      | 2,53      | 2,39       |
| Pasto      | 7x30       | 19          | 54,00      | 127,66    | 52,23     | 65,64     | 30,17     | 9,33      | 1,73      | 11,03      |
| Pasto      | 1x24       | 1           | 50,67      | 123,21    | 53,67     | 64,03     | 51,67     | 10,45     | 1,74      | 9,99       |
| Pasto      | 6x31       | 18          | 116,67     | 106,16    | 47,31     | 61,71     | 23,83     | 9,10      | 2,11      | 19,82      |
| Pasto      | CBco46     | 76          | 15,50      | 181,41    | 54,40     | 70,67     | 41,75     | 9,70      | 2,26      | 4,50       |
| Pasto      | 10x35      | 30          | 29,33      | 120,74    | 45,94     | 64,83     | 30,00     | 7,75      | 2,00      | 5,67       |
| Pasto      | 2x27       | 6           | 47,67      | 126,84    | 50,01     | 61,63     | 33,17     | 10,23     | 1,81      | 9,67       |
| Ipiales    | 24x48      | 71          | 112,33     | 126,33    | 52,33     | 74,54     | 43,67     | 9,90      | 2,62      | 22,71      |
| Ipiales    | 3x26       | 7           | 134,00     | 73,89     | 62,06     | 43,50     | 23,67     | 10,10     | 1,73      | 15,84      |
| Ipiales    | 8x32       | 23          | 65,00      | 83,59     | 50,27     | 73,84     | 8,33      | 9,50      | 2,05      | 8,69       |
| Ipiales    | 7x32       | 21          | 75,67      | 149,40    | 71,84     | 52,30     | 40,33     | 8,20      | 2,37      | 18,09      |
| Ipiales    | 23x48      | 69          | 103,00     | 116,25    | 50,88     | 62,26     | 40,00     | 9,03      | 1,64      | 19,16      |
| Ipiales    | 10x35      | 30          | 93,00      | 114,08    | 53,70     | 74,56     | 33,67     | 10,10     | 3,33      | 16,98      |
| Ipiales    | 7x30       | 19          | 57,00      | 201,86    | 53,68     | 69,98     | 49,33     | 8,77      | 2,18      | 18,41      |
| Ipiales    | 1x26       | 3           | 97,50      | 80,51     | 40,24     | 61,77     | 17,00     | 10,10     | 2,69      | 12,56      |
| Ipiales    | 11x34      | 31          | 53,50      | 108,51    | 49,63     | 77,48     | 47,00     | 10,10     | 1,92      | 9,29       |
| Ipiales    | CBsj36     | 81          | 68,00      | 100,83    | 44,84     | 63,69     | 23,67     | 7,10      | 3,33      | 10,97      |
| Ipiales    | 22x47      | 66          | 97,67      | 139,17    | 53,37     | 69,16     | 33,67     | 10,60     | 2,18      | 21,75      |
| Ipiales    | 7x31       | 20          | 88,67      | 128,05    | 54,66     | 71,13     | 28,33     | 7,90      | 1,77      | 18,17      |
| Tangua     | 2x27       | 6           | 66,33      | 121,61    | 48,83     | 76,10     | 29,00     | 10,90     | 2,24      | 12,91      |
| Tangua     | 21x44      | 61          | 44,33      | 89,91     | 49,63     | 66,34     | 22,50     | 9,30      | 2,11      | 6,38       |
| Tangua     | 17x40      | 49          | 30,00      | 104,39    | 58,77     | 75,53     | 40,00     | 11,93     | 1,64      | 5,01       |
| Tangua     | 11x35      | 32          | 66,33      | 86,04     | 47,07     | 63,33     | 40,00     | 9,47      | 2,15      | 9,13       |
| Tangua     | 23x48      | 69          | 63,33      | 139,63    | 41,15     | 61,10     | 14,00     | 7,53      | 2,08      | 14,15      |
| Tangua     | 2x25       | 4           | 64,67      | 105,87    | 48,76     | 66,88     | 43,33     | 12,57     | 1,75      | 10,95      |
| Tangua     | 6x31       | 18          | 47,00      | 114,33    | 53,45     | 71,74     | 47,00     | 10,80     | 1,79      | 8,60       |
| Tangua     | 10x34      | 29          | 44,00      | 117,76    | 51,90     | 72,47     | 39,00     | 10,80     | 1,73      | 8,29       |
| Tangua     | CBi81      | 78          | 48,67      | 110,55    | 49,58     | 66,84     | 25,00     | 9,63      | 2,22      | 8,61       |
| Tangua     | 21x45      | 62          | 62,33      | 110,30    | 49,34     | 64,66     | 30,00     | 10,53     | 2,90      | 11,00      |
| Tangua     | 3x26       | 7           | 88,33      | 89,54     | 44,64     | 63,23     | 30,00     | 10,10     | 1,86      | 12,66      |
| Tangua     | 15x40      | 45          | 28,33      | 107,21    | 47,70     | 68,10     | 30,00     | 11,37     | 1,41      | 4,86       |

*Nota:* Loc= localidad, Gen= genotipo, Trat= tratamiento FPP = frutos por planta, PF= peso de frutos en g, DE= diámetro ecuatorial de fruto en mm, EP= eje polar de fruto en mm, Rto= rendimiento en t/ha, CJ= contenido de fruto en mm por fruto, SST= sólidos solubles totales en °Brix, AC= ácido cítrico en porcentaje.

### Anexo 3.3

Datos de Cinco Variables Relacionadas con los Componentes del Rendimiento de un Dialélico Parcial de 48 Parentales de *Solanum betaceum*, Evaluados en los Municipios de Ipiales, Pasto y Tangua, Departamento de Nariño.

| H    | Ipiales |       |       |      |      |      | Pasto |       |       |      |      |      | Tangua |      |       |      |      |      |
|------|---------|-------|-------|------|------|------|-------|-------|-------|------|------|------|--------|------|-------|------|------|------|
|      | R       | FPP   | PF    | DE   | EP   | Rto  | R     | FPP   | PF    | DE   | EP   | Rto  | R      | FPP  | PF    | DE   | EP   | Rto  |
| 1x24 | 1       | 79,3  | 117,4 | 51,3 | 68,6 | 14,9 | 1     | 50,7  | 123,2 | 53,7 | 64,0 | 10,0 | 1      | 62,3 | 101,5 | 47,9 | 66,1 | 10,1 |
| 1x24 | 2       | 51,0  | 107,7 | 55,3 | 76,9 | 8,8  | 2     | 31,0  | 129,3 | 49,8 | 60,8 | 6,4  | 2      | 50,0 | 97,2  | 54,8 | 69,4 | 7,8  |
| 1x25 | 1       | 87,7  | 136,3 | 64,8 | 52,6 | 19,1 | 1     | 68,0  | 102,5 | 53,4 | 68,3 | 11,2 | 1      | 47,3 | 121,7 | 56,4 | 70,5 | 9,2  |
| 1x25 | 2       | 44,0  | 150,9 | 61,5 | 67,6 | 10,6 | 2     | 25,3  | 166,0 | 53,8 | 69,8 | 6,7  | 2      | 50,0 | 129,9 | 55,7 | 74,7 | 10,4 |
| 1x26 | 1       | 103,0 | 97,1  | 44,8 | 68,7 | 16,0 | 1     | 100,7 | 109,5 | 51,4 | 64,8 | 17,6 | 1      | 86,3 | 107,8 | 48,0 | 67,9 | 14,9 |
| 1x26 | 2       | 97,5  | 80,5  | 40,2 | 61,8 | 12,6 | 2     | 22,7  | 142,8 | 44,6 | 56,9 | 5,2  | 2      | 42,3 | 121,3 | 49,2 | 68,5 | 8,2  |
| 2x25 | 1       | 77,0  | 121,1 | 52,3 | 63,9 | 14,9 | 1     | 74,7  | 106,2 | 51,7 | 68,1 | 12,7 | 1      | 56,7 | 117,4 | 53,8 | 65,5 | 10,6 |
| 2x25 | 2       | 77,3  | 119,3 | 56,5 | 68,2 | 14,8 | 2     | 28,3  | 154,8 | 51,1 | 68,3 | 7,0  | 2      | 64,7 | 105,9 | 48,8 | 66,9 | 11,0 |
| 2x26 | 1       | 159,3 | 72,5  | 46,8 | 58,7 | 18,5 | 1     | 101,3 | 110,8 | 47,6 | 64,2 | 18,0 | 1      | 97,7 | 69,0  | 40,9 | 60,1 | 10,8 |
| 2x26 | 2       | 0,0   | 0,0   | 46,8 | 58,7 | 0,0  | 2     | 48,5  | 105,9 | 52,0 | 65,1 | 8,2  | 2      | 55,0 | 91,6  | 44,5 | 63,9 | 8,1  |
| 2x27 | 1       | 59,7  | 135,4 | 74,6 | 54,7 | 12,9 | 1     | 47,7  | 126,8 | 50,0 | 61,6 | 9,7  | 1      | 90,3 | 105,6 | 46,6 | 63,8 | 15,3 |
| 2x27 | 2       | 71,0  | 125,7 | 70,5 | 36,5 | 14,3 | 2     | 4,0   | 150,0 | 49,8 | 69,0 | 1,0  | 2      | 66,3 | 121,6 | 48,8 | 76,1 | 12,9 |
| 3x26 | 1       | 134,0 | 73,9  | 62,1 | 43,5 | 15,8 | 1     | 79,0  | 83,4  | 44,5 | 59,3 | 10,5 | 1      | 81,0 | 88,4  | 45,6 | 68,2 | 11,5 |
| 3x26 | 2       | 24,0  | 69,8  | 41,7 | 68,0 | 2,7  | 2     | 19,7  | 105,5 | 47,3 | 67,6 | 3,3  | 2      | 88,3 | 89,5  | 44,6 | 63,2 | 12,7 |
| 3x27 | 1       | 44,0  | 131,8 | 72,8 | 53,1 | 9,3  | 1     | 43,7  | 135,4 | 52,4 | 65,5 | 9,5  | 1      | 60,3 | 107,9 | 52,8 | 66,6 | 10,4 |
| 3x27 | 2       | 56,3  | 109,2 | 45,7 | 63,8 | 9,8  | 2     | 1,0   | 200,0 | 52,4 | 65,5 | 0,3  | 2      | 58,7 | 132,2 | 57,2 | 74,8 | 12,4 |
| 3x28 | 1       | 99,5  | 102,1 | 66,5 | 50,5 | 16,3 | 1     | 121,0 | 101,2 | 47,0 | 62,9 | 19,6 | 1      | 22,7 | 113,9 | 54,9 | 70,2 | 4,1  |
| 3x28 | 2       | 149,0 | 101,0 | 50,4 | 61,4 | 24,1 | 2     | 28,5  | 118,2 | 48,8 | 64,1 | 5,4  | 2      | 70,7 | 119,6 | 46,5 | 67,1 | 13,5 |
| 4x27 | 1       | 69,3  | 154,7 | 77,9 | 62,1 | 17,2 | 1     | 43,3  | 124,3 | 55,1 | 68,8 | 8,6  | 1      | 53,0 | 115,7 | 53,3 | 72,6 | 9,8  |
| 4x27 | 2       | 81,5  | 139,7 | 77,6 | 58,8 | 18,2 | 2     | 2,0   | 240,0 | 58,9 | 75,8 | 0,8  | 2      | 43,3 | 135,5 | 53,3 | 74,6 | 9,4  |
| 4x28 | 1       | 54,5  | 105,8 | 71,7 | 57,4 | 9,2  | 1     | 109,7 | 124,3 | 55,0 | 69,2 | 21,8 | 1      | 45,0 | 116,2 | 54,7 | 72,6 | 8,4  |
| 4x28 | 2       | 48,7  | 131,8 | 57,7 | 77,9 | 10,3 | 2     | 24,7  | 191,7 | 56,8 | 73,2 | 7,6  | 2      | 50,0 | 116,1 | 55,8 | 68,5 | 9,3  |
| 4x29 | 1       | 84,7  | 137,7 | 53,7 | 71,5 | 18,7 | 1     | 56,7  | 130,8 | 51,8 | 66,7 | 11,9 | 1      | 46,3 | 128,0 | 53,4 | 70,8 | 9,5  |
| 4x29 | 2       | 54,5  | 148,9 | 69,2 | 53,6 | 13,0 | 2     | 10,0  | 220,0 | 58,3 | 80,9 | 3,5  | 2      | 27,7 | 124,6 | 56,2 | 78,2 | 5,5  |
| 5x28 | 1       | 92,0  | 143,4 | 53,7 | 64,4 | 21,1 | 1     | 77,7  | 138,0 | 58,6 | 72,8 | 17,1 | 1      | 49,5 | 109,8 | 55,4 | 72,9 | 8,7  |
| 5x28 | 2       | 84,5  | 119,4 | 57,0 | 73,0 | 16,1 | 2     | 35,0  | 163,7 | 55,0 | 71,7 | 9,2  | 2      | 24,5 | 123,6 | 54,9 | 72,5 | 4,8  |
| 5x29 | 1       | 96,0  | 147,4 | 51,3 | 67,5 | 22,6 | 1     | 57,7  | 140,5 | 54,6 | 70,2 | 13,0 | 1      | 40,0 | 129,5 | 56,1 | 72,6 | 8,3  |
| 5x29 | 2       | 85,0  | 155,4 | 60,1 | 77,5 | 21,1 | 2     | 57,0  | 140,0 | 54,6 | 70,2 | 13,0 | 2      | 36,0 | 138,4 | 52,3 | 69,4 | 8,0  |
| 5x30 | 1       | 62,7  | 134,7 | 55,3 | 73,5 | 13,5 | 1     | 59,7  | 122,2 | 55,5 | 67,1 | 11,7 | 1      | 63,0 | 123,0 | 56,7 | 73,7 | 12,4 |
| 5x30 | 2       | 65,7  | 146,1 | 57,4 | 78,2 | 15,3 | 2     | 15,3  | 198,9 | 54,8 | 65,2 | 4,9  | 2      | 52,7 | 121,6 | 57,7 | 70,9 | 10,2 |
| 6x29 | 1       | 49,0  | 159,9 | 75,8 | 53,3 | 12,5 | 1     | 50,0  | 136,3 | 48,6 | 63,4 | 10,9 | 1      | 47,3 | 117,4 | 53,1 | 71,3 | 8,9  |
| 6x29 | 2       | 52,5  | 120,9 | 44,7 | 78,4 | 10,2 | 2     | 8,3   | 179,2 | 54,4 | 73,9 | 2,4  | 2      | 30,0 | 100,0 | 43,5 | 60,1 | 4,8  |
| 6x30 | 1       | 120,0 | 130,0 | 76,1 | 55,1 | 25,0 | 1     | 71,3  | 125,2 | 53,2 | 70,8 | 14,3 | 1      | 42,7 | 110,7 | 51,6 | 69,5 | 7,6  |
| 6x30 | 2       | 84,3  | 138,0 | 66,9 | 53,4 | 18,6 | 2     | 2,0   | 208,3 | 53,2 | 70,8 | 0,7  | 2      | 37,7 | 114,4 | 56,8 | 74,2 | 6,9  |
| 6x31 | 1       | 110,3 | 112,4 | 49,6 | 62,6 | 19,8 | 1     | 116,7 | 106,2 | 47,3 | 61,7 | 19,8 | 1      | 80,7 | 101,5 | 52,8 | 63,6 | 13,1 |
| 6x31 | 2       | 85,3  | 128,2 | 51,3 | 69,2 | 17,5 | 2     | 3,0   | 200,0 | 45,7 | 66,9 | 1,0  | 2      | 47,0 | 114,3 | 53,4 | 71,7 | 8,6  |
| 7x30 | 1       | 57,0  | 201,9 | 53,7 | 70,0 | 18,4 | 1     | 54,0  | 127,7 | 52,2 | 65,6 | 11,0 | 1      | 21,3 | 126,7 | 50,0 | 71,3 | 4,3  |
| 7x30 | 2       | 67,0  | 157,6 | 57,2 | 67,2 | 16,9 | 2     | 38,7  | 137,4 | 55,8 | 70,1 | 8,5  | 2      | 47,5 | 121,2 | 51,5 | 68,0 | 9,2  |
| 7x31 | 1       | 88,7  | 128,0 | 54,7 | 71,1 | 18,2 | 1     | 78,7  | 115,0 | 49,8 | 66,1 | 14,5 | 1      | 58,0 | 120,7 | 57,8 | 75,8 | 11,2 |



|       |   |       |       |      |      |      |   |       |       |      |      |      |   |       |       |      |      |      |
|-------|---|-------|-------|------|------|------|---|-------|-------|------|------|------|---|-------|-------|------|------|------|
| 7x31  | 2 | 44,0  | 130,1 | 57,0 | 71,2 | 9,2  | 2 | 30,0  | 150,3 | 53,3 | 66,1 | 7,2  | 2 | 62,7  | 105,7 | 48,7 | 66,2 | 10,6 |
| 7x32  | 1 | 75,7  | 149,4 | 71,8 | 52,3 | 18,1 | 1 | 43,7  | 127,6 | 53,7 | 66,3 | 8,9  | 1 | 47,0  | 105,4 | 47,1 | 63,2 | 7,9  |
| 7x32  | 2 | 77,7  | 106,6 | 52,7 | 76,9 | 13,2 | 2 | 29,7  | 125,9 | 48,7 | 61,3 | 6,0  | 2 | 49,0  | 98,7  | 51,2 | 64,6 | 7,7  |
| 8x31  | 1 | 98,5  | 107,4 | 70,2 | 56,3 | 16,9 | 1 | 67,3  | 130,6 | 52,4 | 66,5 | 14,1 | 1 | 44,5  | 115,2 | 61,1 | 71,3 | 8,2  |
| 8x31  | 2 | 77,5  | 142,7 | 57,4 | 78,9 | 17,7 | 2 | 3,0   | 133,3 | 42,4 | 56,8 | 0,6  | 2 | 58,0  | 109,8 | 53,1 | 65,7 | 10,2 |
| 8x32  | 1 | 130,7 | 105,6 | 64,7 | 51,6 | 22,1 | 1 | 26,0  | 118,8 | 54,5 | 70,5 | 4,9  | 1 | 134,5 | 82,1  | 44,7 | 63,6 | 17,7 |
| 8x32  | 2 | 65,0  | 83,6  | 50,3 | 73,8 | 8,7  | 2 | 17,7  | 121,8 | 49,8 | 64,8 | 3,4  | 2 | 66,3  | 129,7 | 53,3 | 65,2 | 13,8 |
| 8x33  | 1 | 110,7 | 101,8 | 51,1 | 64,1 | 18,0 | 1 | 97,0  | 96,0  | 51,6 | 65,5 | 14,9 | 1 | 61,7  | 95,6  | 51,1 | 62,7 | 9,4  |
| 8x33  | 2 | 81,0  | 83,2  | 44,2 | 58,3 | 10,8 | 2 | 20,3  | 121,8 | 48,7 | 64,7 | 4,0  | 2 | 39,5  | 93,5  | 47,7 | 69,5 | 5,9  |
| 9x32  | 1 | 62,0  | 162,3 | 40,5 | 59,6 | 16,1 | 1 | 39,3  | 129,6 | 57,1 | 68,1 | 8,2  | 1 | 58,5  | 135,0 | 56,8 | 69,4 | 12,6 |
| 9x32  | 2 | 41,5  | 115,2 | 52,7 | 65,8 | 7,6  | 2 | 26,0  | 137,8 | 50,4 | 65,0 | 5,7  | 2 | 61,0  | 100,6 | 50,6 | 64,8 | 9,8  |
| 9x33  | 1 | 104,7 | 110,2 | 65,9 | 50,6 | 18,5 | 1 | 53,7  | 113,3 | 50,8 | 64,1 | 9,7  | 1 | 70,0  | 103,7 | 51,7 | 67,2 | 11,6 |
| 9x33  | 2 | 132,3 | 103,7 | 55,1 | 70,8 | 22,0 | 2 | 12,0  | 150,0 | 50,0 | 62,4 | 2,9  | 2 | 64,7  | 110,5 | 56,8 | 60,8 | 11,4 |
| 9x34  | 1 | 102,7 | 127,3 | 70,3 | 61,2 | 20,9 | 1 | 59,3  | 122,9 | 51,4 | 63,9 | 11,7 | 1 | 47,0  | 108,0 | 52,8 | 62,5 | 8,1  |
| 9x34  | 2 | 57,0  | 124,4 | 55,6 | 65,8 | 11,3 | 2 | 15,3  | 142,4 | 55,7 | 66,1 | 3,5  | 2 | 31,0  | 100,9 | 45,4 | 55,4 | 5,0  |
| 10x33 | 1 | 97,3  | 109,7 | 49,5 | 60,7 | 17,1 | 1 | 105,3 | 95,7  | 43,9 | 61,0 | 16,1 | 1 | 71,7  | 108,9 | 48,8 | 70,1 | 12,5 |
| 10x33 | 2 | 57,5  | 85,8  | 47,9 | 68,4 | 7,9  | 2 | 30,0  | 136,6 | 49,0 | 65,6 | 6,6  | 2 | 52,7  | 100,4 | 42,8 | 59,3 | 8,5  |
| 10x34 | 1 | 62,0  | 116,0 | 74,3 | 55,0 | 11,5 | 1 | 69,3  | 121,9 | 54,4 | 72,0 | 13,5 | 1 | 44,0  | 117,8 | 51,9 | 72,5 | 8,3  |
| 10x34 | 2 | 48,7  | 143,8 | 53,0 | 76,2 | 11,2 | 2 | 1,7   | 163,3 | 43,2 | 58,2 | 0,4  | 2 | 38,3  | 101,8 | 49,1 | 71,3 | 6,2  |
| 10x35 | 1 | 126,0 | 99,0  | 43,9 | 65,0 | 20,0 | 1 | 83,0  | 102,1 | 46,0 | 67,2 | 13,6 | 1 | 42,0  | 89,5  | 47,3 | 66,5 | 6,0  |
| 10x35 | 2 | 93,0  | 114,1 | 53,7 | 74,6 | 17,0 | 2 | 29,3  | 120,7 | 45,9 | 64,8 | 5,7  | 2 | 81,0  | 89,1  | 50,3 | 72,9 | 11,5 |
| 11x34 | 1 | 85,7  | 98,5  | 54,2 | 70,2 | 13,5 | 1 | 77,7  | 110,5 | 53,8 | 69,5 | 13,7 | 1 | 67,5  | 115,7 | 48,7 | 64,7 | 12,5 |
| 11x34 | 2 | 53,5  | 108,5 | 49,6 | 77,5 | 9,3  | 2 | 17,5  | 138,9 | 45,2 | 66,5 | 3,9  | 2 | 71,3  | 87,2  | 47,1 | 64,1 | 9,9  |
| 11x35 | 1 | 83,7  | 108,6 | 49,9 | 63,1 | 14,5 | 1 | 88,3  | 96,6  | 47,6 | 64,9 | 13,6 | 1 | 93,3  | 97,5  | 46,0 | 65,5 | 14,6 |
| 11x35 | 2 | 67,0  | 109,3 | 48,2 | 66,4 | 11,7 | 2 | 63,3  | 108,9 | 48,2 | 63,5 | 11,0 | 2 | 66,3  | 86,0  | 47,1 | 63,3 | 9,1  |
| 11x36 | 1 | 148,0 | 90,2  | 73,5 | 52,4 | 21,4 | 1 | 81,3  | 121,9 | 53,5 | 69,7 | 15,9 | 1 | 64,5  | 119,7 | 50,1 | 68,5 | 12,4 |
| 11x36 | 2 | 126,0 | 120,5 | 54,2 | 74,2 | 24,3 | 2 | 19,3  | 179,3 | 51,6 | 71,6 | 5,5  | 2 | 48,5  | 107,2 | 47,6 | 68,0 | 8,3  |
| 12x35 | 1 | 69,7  | 127,1 | 47,6 | 64,6 | 14,2 | 1 | 105,7 | 123,0 | 53,0 | 64,2 | 20,8 | 1 | 61,7  | 103,7 | 52,6 | 65,1 | 10,2 |
| 12x35 | 2 | 63,5  | 123,2 | 52,7 | 68,1 | 12,5 | 2 | 36,3  | 136,6 | 51,7 | 64,7 | 7,9  | 2 | 55,0  | 99,6  | 48,2 | 66,4 | 8,8  |
| 12x36 | 1 | 103,3 | 126,2 | 48,7 | 67,6 | 20,9 | 1 | 67,0  | 109,5 | 50,8 | 64,9 | 11,7 | 1 | 51,7  | 112,1 | 47,8 | 65,1 | 9,3  |
| 12x36 | 2 | 57,5  | 109,7 | 72,2 | 49,5 | 10,1 | 2 | 39,0  | 118,4 | 51,3 | 65,8 | 7,4  | 2 | 101,0 | 109,4 | 51,2 | 68,5 | 17,7 |
| 12x37 | 1 | 41,0  | 151,5 | 76,3 | 58,4 | 9,9  | 1 | 62,5  | 119,2 | 54,2 | 66,6 | 11,9 | 1 | 78,0  | 111,5 | 53,3 | 72,6 | 13,9 |
| 12x37 | 2 | 68,0  | 134,3 | 58,3 | 69,1 | 14,6 | 2 | 4,7   | 162,9 | 53,6 | 69,2 | 1,2  | 2 | 25,7  | 126,0 | 53,6 | 72,5 | 5,2  |
| 13x36 | 1 | 90,3  | 144,6 | 53,5 | 67,9 | 20,9 | 1 | 65,3  | 130,5 | 57,2 | 66,8 | 13,6 | 1 | 53,5  | 120,7 | 51,6 | 71,7 | 10,3 |
| 13x36 | 2 | 97,3  | 145,9 | 63,7 | 76,4 | 22,7 | 2 | 20,7  | 168,6 | 57,9 | 72,4 | 5,6  | 2 | 53,0  | 120,4 | 54,2 | 70,2 | 10,2 |
| 13x37 | 1 | 97,0  | 124,0 | 54,4 | 66,6 | 19,2 | 1 | 55,3  | 142,0 | 54,3 | 72,5 | 12,6 | 1 | 51,3  | 130,4 | 54,1 | 75,8 | 10,7 |
| 13x37 | 2 | 46,7  | 100,1 | 50,6 | 66,3 | 7,5  | 2 | 55,0  | 141,0 | 54,3 | 72,5 | 0,3  | 2 | 31,0  | 120,5 | 50,4 | 69,6 | 6,0  |
| 13x38 | 1 | 67,7  | 114,8 | 44,5 | 60,7 | 12,4 | 1 | 46,3  | 119,8 | 52,3 | 67,5 | 8,9  | 1 | 79,3  | 105,1 | 49,1 | 61,3 | 13,3 |
| 13x38 | 2 | 72,3  | 96,8  | 47,0 | 59,7 | 11,2 | 2 | 17,0  | 120,8 | 44,5 | 59,7 | 3,3  | 2 | 86,7  | 86,8  | 52,5 | 69,8 | 12,0 |
| 14x37 | 1 | 48,7  | 129,9 | 75,4 | 59,1 | 10,1 | 1 | 47,0  | 121,9 | 57,2 | 71,0 | 9,2  | 1 | 43,5  | 107,8 | 55,3 | 67,2 | 7,5  |
| 14x37 | 2 | 39,3  | 144,5 | 59,6 | 83,9 | 9,1  | 2 | 28,3  | 157,6 | 51,8 | 65,2 | 7,1  | 2 | 46,7  | 118,8 | 53,6 | 70,3 | 8,9  |
| 14x38 | 1 | 45,3  | 157,6 | 73,7 | 59,7 | 11,4 | 1 | 68,3  | 120,6 | 49,5 | 63,1 | 13,2 | 1 | 27,5  | 128,2 | 54,0 | 73,8 | 5,6  |
| 14x38 | 2 | 100,0 | 122,2 | 52,6 | 66,8 | 19,6 | 2 | 30,3  | 158,0 | 62,6 | 65,9 | 7,7  | 2 | 59,3  | 110,8 | 50,1 | 65,1 | 10,5 |
| 14x39 | 1 | 70,0  | 156,2 | 79,3 | 59,0 | 17,5 | 1 | 24,0  | 166,7 | 58,9 | 69,9 | 6,4  | 1 | 24,5  | 131,5 | 54,7 | 71,9 | 5,2  |
| 14x39 | 2 | 19,0  | 157,1 | 69,3 | 57,2 | 4,8  | 2 | 14,0  | 207,5 | 53,6 | 74,9 | 4,6  | 2 | 64,0  | 107,6 | 51,0 | 70,1 | 11,0 |

|       |   |       |       |      |      |      |   |       |       |      |      |      |   |      |       |      |      |      |
|-------|---|-------|-------|------|------|------|---|-------|-------|------|------|------|---|------|-------|------|------|------|
| 15x38 | 1 | 117,0 | 120,8 | 74,4 | 54,1 | 22,6 | 1 | 83,3  | 103,2 | 53,4 | 69,4 | 13,8 | 1 | 41,7 | 84,9  | 43,9 | 62,7 | 5,7  |
| 15x38 | 2 | 17,0  | 100,0 | 74,4 | 54,1 | 2,7  | 2 | 18,0  | 127,2 | 46,0 | 65,7 | 3,7  | 2 | 65,0 | 80,0  | 44,8 | 68,0 | 8,3  |
| 15x39 | 1 | 127,3 | 95,3  | 39,0 | 64,4 | 19,4 | 1 | 55,9  | 120,8 | 51,6 | 69,8 | 10,8 | 1 | 69,0 | 97,3  | 49,6 | 67,1 | 10,7 |
| 15x39 | 2 | 101,3 | 108,8 | 48,8 | 67,8 | 17,6 | 2 | 30,3  | 176,3 | 51,4 | 66,0 | 8,6  | 2 | 95,7 | 111,1 | 49,3 | 70,4 | 17,0 |
| 15x40 | 1 | 58,0  | 113,6 | 69,2 | 48,6 | 10,5 | 1 | 67,0  | 120,1 | 52,8 | 64,4 | 12,9 | 1 | 37,3 | 104,7 | 47,1 | 63,4 | 6,3  |
| 15x40 | 2 | 76,5  | 111,9 | 68,9 | 52,7 | 13,7 | 2 | 12,7  | 160,0 | 50,9 | 70,8 | 3,2  | 2 | 28,3 | 107,2 | 47,7 | 68,1 | 4,9  |
| 16x39 | 1 | 60,3  | 121,8 | 59,7 | 73,2 | 11,8 | 1 | 56,7  | 116,9 | 51,2 | 65,9 | 10,6 | 1 | 30,3 | 124,9 | 52,2 | 68,8 | 6,1  |
| 16x39 | 2 | 44,0  | 100,0 | 52,2 | 64,8 | 7,0  | 2 | 26,5  | 189,2 | 52,2 | 69,6 | 8,0  | 2 | 44,5 | 98,1  | 50,6 | 69,3 | 7,0  |
| 16x40 | 1 | 81,0  | 135,6 | 71,5 | 52,3 | 17,6 | 1 | 51,3  | 138,6 | 56,6 | 71,2 | 11,4 | 1 | 35,0 | 130,3 | 56,3 | 75,5 | 7,3  |
| 16x40 | 2 | 43,0  | 124,4 | 52,6 | 66,7 | 8,6  | 2 | 15,0  | 202,5 | 49,6 | 60,8 | 4,9  | 2 | 51,3 | 121,6 | 51,2 | 74,5 | 10,0 |
| 16x41 | 1 | 85,0  | 95,1  | 43,9 | 57,2 | 12,9 | 1 | 73,7  | 102,9 | 51,6 | 63,2 | 12,1 | 1 | 81,5 | 117,3 | 54,2 | 70,3 | 15,3 |
| 16x41 | 2 | 160,3 | 106,1 | 44,9 | 55,3 | 27,2 | 2 | 3,7   | 183,3 | 51,7 | 65,8 | 1,1  | 2 | 69,7 | 102,0 | 42,3 | 64,9 | 11,4 |
| 17x40 | 1 | 91,3  | 156,8 | 78,8 | 61,7 | 22,9 | 1 | 47,0  | 174,7 | 55,2 | 68,3 | 13,1 | 1 | 30,0 | 104,4 | 58,8 | 75,5 | 5,0  |
| 17x40 | 2 | 69,7  | 148,5 | 62,7 | 79,8 | 16,5 | 2 | 22,0  | 189,4 | 56,7 | 72,7 | 6,7  | 2 | 35,7 | 131,1 | 61,9 | 74,2 | 7,5  |
| 17x41 | 1 | 55,7  | 120,7 | 49,5 | 48,5 | 10,7 | 1 | 51,0  | 123,6 | 50,3 | 67,9 | 10,1 | 1 | 25,0 | 149,3 | 55,3 | 75,5 | 6,0  |
| 17x41 | 2 | 72,0  | 136,9 | 53,6 | 68,0 | 15,8 | 2 | 5,0   | 106,3 | 53,6 | 69,7 | 0,9  | 2 | 55,0 | 123,2 | 52,6 | 72,3 | 10,8 |
| 17x42 | 1 | 69,7  | 149,2 | 76,3 | 58,2 | 16,6 | 1 | 66,3  | 127,7 | 54,4 | 68,0 | 13,6 | 1 | 40,7 | 156,1 | 54,7 | 72,6 | 10,2 |
| 17x42 | 2 | 56,3  | 143,3 | 58,2 | 65,8 | 12,9 | 2 | 14,0  | 163,3 | 57,3 | 69,4 | 3,7  | 2 | 39,0 | 121,7 | 53,8 | 65,2 | 7,6  |
| 18x41 | 1 | 65,3  | 141,8 | 77,2 | 56,7 | 14,8 | 1 | 98,0  | 122,4 | 51,9 | 69,4 | 19,2 | 1 | 39,0 | 129,8 | 52,6 | 72,6 | 8,1  |
| 18x41 | 2 | 54,3  | 135,0 | 57,7 | 85,3 | 11,7 | 2 | 20,0  | 159,3 | 55,2 | 71,2 | 5,1  | 2 | 52,0 | 117,1 | 56,3 | 77,8 | 9,7  |
| 18x42 | 1 | 102,5 | 113,6 | 54,6 | 69,5 | 18,6 | 1 | 62,7  | 137,3 | 53,6 | 66,3 | 13,8 | 1 | 52,0 | 138,3 | 58,8 | 73,3 | 11,5 |
| 18x42 | 2 | 139,5 | 160,2 | 57,2 | 77,8 | 35,8 | 2 | 18,7  | 160,8 | 53,5 | 67,2 | 4,8  | 2 | 32,7 | 127,5 | 50,7 | 72,1 | 6,7  |
| 18x43 | 1 | 114,7 | 130,0 | 59,1 | 77,2 | 23,8 | 1 | 56,7  | 125,6 | 53,0 | 68,4 | 11,4 | 1 | 66,5 | 115,6 | 53,3 | 71,8 | 12,3 |
| 18x43 | 2 | 54,5  | 173,8 | 56,8 | 78,8 | 15,2 | 2 | 25,7  | 154,9 | 52,5 | 65,1 | 6,4  | 2 | 52,3 | 120,9 | 54,2 | 67,5 | 10,1 |
| 19x42 | 1 | 72,3  | 205,5 | 70,3 | 55,2 | 23,8 | 1 | 41,0  | 139,2 | 59,1 | 75,1 | 9,1  | 1 | 43,7 | 115,7 | 58,3 | 73,6 | 8,1  |
| 19x42 | 2 | 68,0  | 168,2 | 61,1 | 78,8 | 18,3 | 2 | 21,5  | 166,1 | 49,8 | 66,0 | 5,7  | 2 | 33,7 | 124,2 | 49,6 | 70,5 | 6,7  |
| 19x43 | 1 | 73,7  | 132,6 | 78,6 | 55,4 | 15,6 | 1 | 73,7  | 125,2 | 51,2 | 65,5 | 14,8 | 1 | 63,3 | 126,4 | 57,6 | 75,6 | 12,8 |
| 19x43 | 2 | 129,0 | 146,4 | 58,7 | 79,9 | 30,2 | 2 | 73,6  | 125,0 | 51,2 | 65,5 | 0,0  | 2 | 45,3 | 123,5 | 49,4 | 66,5 | 9,0  |
| 19x44 | 1 | 115,7 | 135,8 | 58,1 | 73,8 | 25,1 | 1 | 61,3  | 113,6 | 52,1 | 67,6 | 11,1 | 1 | 58,5 | 117,6 | 50,8 | 66,6 | 11,0 |
| 19x44 | 2 | 74,7  | 115,6 | 55,4 | 77,5 | 13,8 | 2 | 27,0  | 146,3 | 51,9 | 71,8 | 6,3  | 2 | 41,3 | 107,9 | 49,9 | 63,7 | 7,1  |
| 20x43 | 1 | 108,7 | 146,7 | 78,3 | 58,2 | 25,5 | 1 | 90,7  | 115,7 | 52,7 | 64,1 | 16,8 | 1 | 46,0 | 143,2 | 52,5 | 70,6 | 10,5 |
| 20x43 | 2 | 64,7  | 143,0 | 60,8 | 76,3 | 14,8 | 2 | 13,3  | 158,3 | 52,5 | 66,2 | 3,4  | 2 | 46,3 | 128,3 | 57,8 | 75,6 | 9,5  |
| 20x44 | 1 | 102,0 | 141,5 | 69,8 | 53,9 | 23,1 | 1 | 70,0  | 123,4 | 54,2 | 75,3 | 13,8 | 1 | 39,0 | 126,5 | 55,0 | 73,2 | 7,9  |
| 20x44 | 2 | 77,7  | 135,5 | 54,7 | 66,0 | 16,8 | 2 | 22,3  | 166,2 | 58,3 | 73,7 | 5,9  | 2 | 48,3 | 114,1 | 52,1 | 65,8 | 8,8  |
| 20x45 | 1 | 87,3  | 132,5 | 56,7 | 73,1 | 18,5 | 1 | 56,0  | 131,0 | 55,4 | 67,4 | 11,7 | 1 | 28,7 | 112,2 | 52,0 | 74,1 | 5,1  |
| 20x45 | 2 | 58,3  | 115,4 | 57,4 | 76,9 | 10,8 | 2 | 9,0   | 142,5 | 50,6 | 75,8 | 2,1  | 2 | 56,3 | 113,7 | 49,7 | 68,0 | 10,3 |
| 21x44 | 1 | 128,0 | 97,5  | 50,6 | 71,2 | 20,0 | 1 | 105,3 | 117,0 | 49,9 | 67,8 | 19,7 | 1 | 68,3 | 101,0 | 47,8 | 63,8 | 11,0 |
| 21x44 | 2 | 46,5  | 114,7 | 73,9 | 51,6 | 8,5  | 2 | 1,5   | 175,0 | 54,3 | 70,2 | 0,4  | 2 | 44,3 | 89,9  | 49,6 | 66,3 | 6,4  |
| 21x45 | 1 | 85,3  | 88,2  | 65,1 | 45,2 | 12,0 | 1 | 67,0  | 101,7 | 49,8 | 65,5 | 10,9 | 1 | 62,3 | 110,3 | 49,3 | 64,7 | 11,0 |
| 21x45 | 2 | 70,5  | 104,8 | 57,0 | 68,2 | 11,8 | 2 | 2,0   | 165,0 | 48,9 | 66,8 | 0,5  | 2 | 27,5 | 101,9 | 47,7 | 64,5 | 4,5  |
| 21x46 | 1 | 122,7 | 115,2 | 50,0 | 62,0 | 22,6 | 1 | 84,3  | 110,6 | 48,5 | 65,7 | 14,9 | 1 | 63,3 | 117,0 | 51,9 | 70,9 | 11,9 |
| 21x46 | 2 | 61,0  | 99,8  | 48,6 | 59,7 | 9,7  | 2 | 35,7  | 134,3 | 49,9 | 67,2 | 7,7  | 2 | 64,0 | 103,2 | 50,7 | 72,5 | 10,6 |
| 22x45 | 1 | 87,3  | 114,8 | 49,1 | 65,2 | 16,0 | 1 | 72,3  | 104,6 | 49,6 | 65,8 | 12,1 | 1 | 63,0 | 98,0  | 48,9 | 64,0 | 9,9  |
| 22x45 | 2 | 93,5  | 84,7  | 45,1 | 56,0 | 12,7 | 2 | 16,3  | 123,2 | 49,2 | 62,7 | 3,2  | 2 | 59,0 | 127,4 | 53,0 | 72,3 | 12,0 |
| 22x46 | 1 | 47,0  | 107,7 | 52,1 | 65,4 | 8,1  | 1 | 69,3  | 116,2 | 53,4 | 63,1 | 12,9 | 1 | 42,3 | 110,6 | 49,3 | 59,4 | 7,5  |

|        |   |       |       |      |      |      |   |       |       |      |      |      |   |       |       |      |      |      |
|--------|---|-------|-------|------|------|------|---|-------|-------|------|------|------|---|-------|-------|------|------|------|
| 22x46  | 2 | 104,0 | 115,2 | 52,8 | 66,1 | 19,2 | 2 | 26,3  | 129,1 | 52,1 | 65,7 | 5,4  | 2 | 89,3  | 101,3 | 51,8 | 66,4 | 14,5 |
| 22x47  | 1 | 106,0 | 116,7 | 76,2 | 53,6 | 19,8 | 1 | 81,0  | 128,8 | 54,3 | 68,1 | 16,7 | 1 | 83,0  | 115,6 | 51,8 | 61,8 | 15,4 |
| 22x47  | 2 | 97,7  | 139,2 | 53,4 | 69,2 | 21,7 | 2 | 5,7   | 206,7 | 56,6 | 68,2 | 1,9  | 2 | 54,5  | 117,4 | 52,8 | 65,5 | 10,2 |
| 23x46  | 1 | 90,7  | 123,4 | 81,6 | 56,3 | 17,9 | 1 | 68,0  | 125,9 | 53,1 | 67,1 | 13,7 | 1 | 56,7  | 110,8 | 56,8 | 72,5 | 10,0 |
| 23x46  | 2 | 150,3 | 120,4 | 56,5 | 74,2 | 29,0 | 2 | 25,5  | 139,4 | 53,4 | 71,3 | 5,7  | 2 | 40,7  | 107,3 | 48,2 | 65,2 | 7,0  |
| 23x47  | 1 | 77,3  | 129,4 | 54,3 | 77,2 | 16,0 | 1 | 66,0  | 128,6 | 55,5 | 66,6 | 13,6 | 1 | 58,3  | 106,8 | 50,3 | 67,5 | 10,0 |
| 23x47  | 2 | 88,3  | 135,1 | 50,3 | 64,7 | 19,1 | 2 | 32,0  | 149,9 | 54,6 | 67,2 | 7,7  | 2 | 76,3  | 103,2 | 56,3 | 72,6 | 12,6 |
| 23x48  | 1 | 103,0 | 116,2 | 50,9 | 62,3 | 19,2 | 1 | 90,0  | 119,7 | 52,9 | 69,3 | 17,2 | 1 | 63,3  | 139,6 | 41,2 | 61,1 | 14,1 |
| 23x48  | 2 | 163,3 | 102,6 | 45,6 | 64,7 | 26,8 | 2 | 19,3  | 150,4 | 50,8 | 68,9 | 4,7  | 2 | 40,0  | 100,3 | 49,7 | 63,8 | 6,4  |
| 24x47  | 1 | 87,0  | 133,8 | 54,9 | 69,6 | 18,6 | 1 | 94,0  | 111,0 | 52,0 | 66,1 | 16,7 | 1 | 64,5  | 107,5 | 51,4 | 62,4 | 11,1 |
| 24x47  | 2 | 64,3  | 125,4 | 56,6 | 72,4 | 12,9 | 2 | 13,0  | 159,5 | 54,7 | 67,8 | 3,3  | 2 | 44,0  | 129,8 | 55,2 | 70,8 | 9,1  |
| 24x48  | 1 | 100,0 | 93,3  | 46,4 | 66,4 | 14,9 | 1 | 88,0  | 119,4 | 51,5 | 67,6 | 16,8 | 1 | 64,3  | 98,4  | 50,2 | 65,8 | 10,1 |
| 24x48  | 2 | 112,3 | 126,3 | 52,3 | 74,5 | 22,7 | 2 | 14,7  | 132,5 | 48,3 | 36,2 | 3,1  | 2 | 181,0 | 117,9 | 51,5 | 67,3 | 34,1 |
| 25x48  | 1 | 53,0  | 113,6 | 66,9 | 52,9 | 9,6  | 1 | 80,3  | 112,0 | 53,2 | 68,2 | 14,4 | 1 | 72,3  | 123,1 | 54,2 | 72,1 | 14,2 |
| 25x48  | 2 | 110,5 | 121,4 | 50,6 | 78,2 | 21,5 | 2 | 18,0  | 200,0 | 66,7 | 48,6 | 5,8  | 2 | 64,7  | 105,5 | 46,1 | 68,2 | 10,9 |
| CBc14  | 1 | 55,0  | 104,7 | 57,4 | 49,9 | 9,2  | 1 | 81,7  | 120,5 | 52,8 | 65,0 | 15,7 | 1 | 42,0  | 94,8  | 52,8 | 60,9 | 6,4  |
| CBc14  | 2 | 26,0  | 105,8 | 45,5 | 54,1 | 4,4  | 2 | 84,0  | 110,3 | 48,3 | 58,5 | 14,8 | 2 | 63,0  | 113,1 | 49,6 | 60,2 | 11,4 |
| CBco39 | 1 | 77,0  | 131,7 | 57,2 | 77,6 | 16,2 | 1 | 57,3  | 130,3 | 52,4 | 68,7 | 11,9 | 1 | 34,3  | 133,7 | 57,7 | 73,5 | 7,3  |
| CBco39 | 2 | 67,3  | 129,6 | 75,7 | 55,7 | 14,0 | 2 | 3,7   | 194,4 | 50,7 | 76,9 | 1,1  | 2 | 45,7  | 152,4 | 51,0 | 75,2 | 11,1 |
| CBco42 | 1 | 93,0  | 130,1 | 66,8 | 51,1 | 19,4 | 1 | 66,3  | 138,6 | 55,6 | 68,6 | 14,7 | 1 | 41,0  | 127,6 | 56,0 | 78,0 | 8,4  |
| CBco42 | 2 | 37,3  | 133,3 | 66,8 | 51,1 | 8,0  | 2 | 10,0  | 175,0 | 52,9 | 71,0 | 2,8  | 2 | 41,0  | 126,3 | 49,1 | 64,0 | 8,3  |
| CBco46 | 1 | 43,3  | 158,1 | 62,7 | 74,5 | 11,0 | 1 | 80,0  | 111,6 | 47,6 | 63,0 | 14,3 | 1 | 46,0  | 124,4 | 53,4 | 70,8 | 9,2  |
| CBco46 | 2 | 23,5  | 164,6 | 62,7 | 74,5 | 6,2  | 2 | 15,5  | 181,4 | 54,4 | 70,7 | 4,5  | 2 | 0,0   | 0,0   | 53,4 | 70,8 | 0,0  |
| CBI80  | 1 | 85,3  | 118,5 | 53,0 | 68,8 | 16,2 | 1 | 67,3  | 126,2 | 50,2 | 63,9 | 13,6 | 1 | 57,7  | 114,2 | 51,0 | 65,7 | 10,5 |
| CBI80  | 2 | 86,7  | 123,7 | 53,2 | 72,2 | 17,2 | 2 | 20,3  | 133,1 | 51,6 | 65,9 | 4,3  | 2 | 75,3  | 105,8 | 47,2 | 65,1 | 12,8 |
| CBI81  | 1 | 91,7  | 124,8 | 55,1 | 77,9 | 18,3 | 1 | 78,0  | 95,3  | 43,8 | 53,2 | 11,9 | 1 | 45,0  | 99,8  | 50,5 | 71,8 | 7,2  |
| CBI81  | 2 | 41,7  | 112,9 | 45,9 | 68,3 | 7,5  | 2 | 12,0  | 184,4 | 52,0 | 64,8 | 3,5  | 2 | 48,7  | 110,5 | 49,6 | 66,8 | 8,6  |
| CBp19  | 1 | 91,3  | 104,4 | 44,8 | 62,0 | 15,3 | 1 | 100,3 | 94,9  | 51,1 | 63,7 | 15,2 | 1 | 43,3  | 100,1 | 50,7 | 66,1 | 6,9  |
| CBp19  | 2 | 61,3  | 106,7 | 42,9 | 56,0 | 10,5 | 2 | 28,7  | 111,1 | 47,7 | 61,7 | 5,1  | 2 | 59,3  | 96,5  | 49,5 | 68,5 | 9,2  |
| CBcb01 | 1 | 62,5  | 158,2 | 74,9 | 63,7 | 15,8 | 1 | 43,7  | 143,6 | 56,0 | 69,7 | 10,0 | 1 | 56,3  | 136,0 | 58,7 | 78,7 | 12,3 |
| CBcb01 | 2 | 62,3  | 177,9 | 73,8 | 61,6 | 17,7 | 2 | 2,0   | 197,2 | 56,0 | 69,7 | 0,6  | 2 | 29,3  | 160,8 | 56,1 | 68,6 | 7,5  |
| Cbsj36 | 1 | 85,0  | 103,4 | 52,0 | 64,7 | 14,1 | 1 | 42,0  | 155,8 | 52,7 | 70,1 | 10,5 | 1 | 30,0  | 109,0 | 51,7 | 69,4 | 5,2  |
| CBsj36 | 2 | 68,0  | 100,8 | 44,8 | 63,7 | 11,0 | 2 | 14,0  | 190,5 | 50,8 | 68,9 | 4,3  | 2 | 38,0  | 102,9 | 51,7 | 69,4 | 6,3  |

Nota: G= híbrido o testigo, R= repetición, FPP= número de frutos por planta, PF= peso de fruto en g, DE= diámetro ecuatorial del fruto en mm, EP= eje polar del fruto en mm, Rto= rendimiento en t/ha.

**Anexo 4.1**

Medias de Siete Variables de 36 Híbridos Obtenidos de un Dialélico de Nueve Líneas Doble Haploides de Uchuva (*Physalis peruviana* L.), Evaluado Bajo el Método IV de Griffing (1956) en Cuatro Localidades del Departamento de Nariño.

| Híbrido                           | PCC          | PSC          | DE            | EP            | SST           | AA            | RTO           |
|-----------------------------------|--------------|--------------|---------------|---------------|---------------|---------------|---------------|
| 1                                 | 6,81         | 6,10         | 21,40         | 19,95         | 14,87         | 39,58         | 16,84         |
| 2                                 | 6,66         | 5,98         | 21,53         | 20,36         | 14,96         | 38,94         | 16,51         |
| 3                                 | 6,56         | 5,83         | 21,35         | 20,39         | 14,92         | 37,55         | 17,67         |
| 4                                 | 6,49         | 5,77         | 21,35         | 20,15         | <b>15,16*</b> | 38,39         | 16,22         |
| 5                                 | 6,91         | 6,12         | 21,67         | <b>20,90*</b> | 14,57         | <b>41,35*</b> | <b>19,35*</b> |
| 6                                 | <b>7,03*</b> | <b>6,32*</b> | 21,51         | <b>20,71*</b> | 14,78         | 39,61         | <b>18,37*</b> |
| 7                                 | 6,43         | 5,68         | 21,03         | 20,18         | 14,82         | 39,78         | 16,40         |
| 8                                 | 6,63         | 5,94         | 21,45         | 20,22         | 14,92         | 38,41         | <b>18,69*</b> |
| 9                                 | 6,70         | 5,99         | 21,56         | 20,21         | <b>15,10*</b> | 38,37         | 15,25         |
| 10                                | 6,22         | 5,55         | 20,96         | 20,05         | 15,01         | 39,20         | 17,06         |
| 11                                | 6,67         | 5,90         | 21,39         | 20,25         | <b>15,12*</b> | 39,68         | 15,71         |
| 12                                | 6,52         | 5,72         | 21,26         | 20,12         | 14,88         | 38,76         | 17,67         |
| 13                                | 6,42         | 5,71         | 21,06         | 20,33         | 14,65         | 38,42         | <b>19,17*</b> |
| 14                                | 6,43         | 5,70         | 20,87         | 20,30         | <b>15,04*</b> | <b>42,44*</b> | 16,25         |
| 15                                | 6,43         | 5,74         | 21,13         | 20,26         | 14,75         | 37,87         | 17,88         |
| 16                                | 6,41         | 5,79         | 21,15         | 19,56         | 14,27         | <b>42,32*</b> | 16,04         |
| 17                                | <b>7,01*</b> | <b>6,27*</b> | <b>21,92*</b> | <b>20,69*</b> | 14,76         | 40,01         | 17,05         |
| 18                                | 6,79         | 6,07         | <b>21,90*</b> | 20,17         | 14,29         | <b>41,31*</b> | 15,37         |
| 19                                | 6,66         | 5,99         | 21,67         | 20,22         | 14,70         | <b>42,00*</b> | 14,47         |
| 20                                | 6,55         | 5,86         | 20,95         | 19,35         | 14,66         | <b>42,59*</b> | 14,67         |
| 21                                | 6,35         | 5,69         | 21,03         | 19,71         | 14,12         | 41,01         | 14,11         |
| 22                                | 6,16         | 5,45         | 20,73         | 19,77         | 14,68         | 39,20         | 17,51         |
| 23                                | 6,18         | 5,40         | 20,76         | 19,91         | 14,53         | 38,28         | 17,33         |
| 24                                | 6,15         | 5,42         | 20,40         | 19,81         | 14,68         | 39,14         | 17,65         |
| 25                                | 6,13         | 5,47         | 20,72         | 19,75         | 14,86         | 38,50         | 16,01         |
| 26                                | 5,90         | 5,23         | 20,61         | 19,72         | 14,88         | 39,26         | 17,02         |
| 27                                | 6,54         | 5,72         | 21,19         | 19,88         | 14,68         | 39,00         | 17,09         |
| 28                                | 6,65         | 5,90         | 21,32         | 20,64         | 14,89         | 38,24         | 18,15         |
| 29                                | 6,52         | 5,82         | 21,24         | 20,51         | <b>15,07*</b> | 40,86         | 17,38         |
| 30                                | 6,88         | 6,13         | 21,70         | 20,45         | <b>15,10*</b> | 39,60         | 17,96         |
| 31                                | <b>6,94*</b> | 6,08         | 21,51         | <b>20,81*</b> | 14,34         | 37,73         | 17,47         |
| 32                                | 6,64         | 5,82         | 21,33         | 20,11         | 14,99         | 39,89         | 17,32         |
| 33                                | 6,59         | 5,79         | 21,24         | 20,05         | 14,68         | 40,34         | 16,46         |
| 34                                | 6,87         | 6,08         | 21,54         | <b>20,97*</b> | 14,87         | 40,64         | 17,25         |
| 35                                | <b>7,55*</b> | <b>6,68*</b> | <b>22,37*</b> | <b>21,47*</b> | 14,71         | 39,87         | 14,36         |
| 36                                | <b>7,18*</b> | <b>6,37*</b> | <b>21,95*</b> | <b>20,82*</b> | 14,93         | 40,77         | 13,66         |
| Media general ( $\bar{Y}_{...}$ ) | 6,60         | 5,86         | 21,30         | 20,24         | 14,78         | 39,69         | 16,76         |
| S                                 | 0,33         | 0,30         | 0,41          | 0,44          | 0,25          | 1,38          | 1,39          |

|                     |      |      |       |       |       |       |       |
|---------------------|------|------|-------|-------|-------|-------|-------|
| $\bar{Y}_{...} + S$ | 6,93 | 6,16 | 21,71 | 20,68 | 15,03 | 41,07 | 18,15 |
| CV (%)              | 4,95 | 5,08 | 1,94  | 2,18  | 1,69  | 3,47  | 8,31  |

*Nota:* \*= diferencias significativas al  $\alpha = 0,05$  ( $Y_i > \bar{Y}_{...} + S$ , donde  $S = \text{desviación estándar} = \sqrt{S^2}$ ), CV= coeficiente de variación, PCC= peso en gramos de fruto fresco con cáliz, PSC= peso en gramos de fruto seco sin cáliz, DE= diámetro ecuatorial en mm del fruto, EP= eje polar en mm del fruto, SST= sólidos solubles totales, AA= ácido ascórbico, RTO= rendimiento en t/ha.

## **Anexo 4.2**

### **Aspectos generales de la herencia de caracteres cuantitativos**

En 1958, Lerner resumió en los siguientes aspectos el fenómeno asociado a características de origen cuantitativo (Briggs & Knowles, 1967):

- El carácter cuantitativo está definido por la segregación de un alto número de loci que afectan un solo carácter.
- Los efectos de sustitución alélica en cada locus son pequeños, comparados con la variabilidad total observada en el carácter.
- Los efectos fenotípicos de la sustitución en diferentes loci son de efecto pequeño, en el sentido que fenotipos idénticos pueden ser producidos por una gran variedad de genotipos.
- La expresión fenotípica de caracteres cuantitativos se ve considerablemente afectada por pequeñas diferencias en el ambiente, a las cuales están expuestos los individuos de una población dada.

La mayoría de las poblaciones lleva una gran reserva de variabilidad hereditaria con respecto al carácter de herencia cuantitativa; es decir, son genéticamente heterogéneas. Los poligenes tienden a presentarse en sistemas balanceados. En consecuencia, muchos factores poligénicos deben estar fuertemente ligados, conformando bloques poligénicos. Este concepto no es aceptado por muchos investigadores, puesto que, como se miró anteriormente, los genes involucrados en un carácter cuantitativo pueden originarse en diferentes loci y cromosomas. Los poligenes tienen efectos pleiotrópicos y pueden actuar como modificadores o supresores de otros genes y sistemas, o como determinantes de variación de caracteres para los cuales no se puede demostrar diferencias genéticas de herencia cualitativa.

La herencia de tipo cuantitativo no debe considerarse como alternativa excluyente de la herencia cualitativa, dado que aun en esta se encuentran formas intermedias. En muchos casos, la variabilidad de un carácter se debe a uno o pocos genes que constituyen la herencia cualitativa, los cuales pueden ser modificados por muchos genes o poligenes; por ejemplo, la altura de planta del maíz depende de dos genes Br (planta alta)

y br (planta baja). Dentro de cada clase, existen cientos de clases que son parte del rango natural de planta alta o de planta enana.

### **Tipos de acción génica de caracteres cuantitativos**

Como se ha explicado, el carácter cuantitativo es controlado por muchos genes de efecto pequeño, pero acumulativo en su expresión final. Por lo tanto, es imposible determinar el tipo de herencia y el efecto de cada gen. Entonces, se trata de establecer el tipo de acción génica o herencia promedio e igualmente un efecto promedio.

El comportamiento de los genes responsables de la expresión de los caracteres cuantitativos es idéntico al de los caracteres cualitativos. Estos genes no solo exhiben mecanismos de acción genética de tipo aditivo, dominante y epistasis, sino también fenómenos de ligamiento con otros genes determinantes de características cualitativas o cuantitativas y, a veces, fenómenos pleiotrópicos y mutaciones. La mayor parte de las características cuantitativas de interés para el fitomejorador son determinadas por sistemas poligénicos complejos y por mecanismos de acción bastante más elaborados que la propuesta más clásica sobre la determinación genética de dichas características (Mariotti, 1986).

En síntesis, cada gen involucrado en la manifestación de un carácter cuantitativo presenta una acción génica característica del locus, así como también puede tener una interacción inter loci. Bajo estos conceptos se reconocen básicamente cuatro tipos de acción génica: aditiva, dominante, sobredominante y epistasis (Poehlman & Sleper, 2003).

### **Acción aditiva**

En la acción génica aditiva cada alelo aporta a la expresión del carácter, independientemente de los demás. La presencia de cada alelo en el genotipo incrementa el valor o intensifica la expresión del carácter. A continuación, se considera un ejemplo hipotético en el cual se tienen dos pares de genes con dos alelos de herencia disómica, donde la letra mayúscula simboliza el gen que incrementa el carácter, y la minúscula, el que lo disminuye. Los valores corresponden a:  $A=3$ ,  $a=2$ ,  $B=2$ ,  $b=1$ . El cruzamiento entre dos pares homocigotos contrastantes  $AABB \times aabb$  con un valor fenotípico (VF) de 10 y 6, respectivamente, produce la siguiente descendencia:

F1: AbAb (VF=8)

F2:

| Frecuencia (Fr) | Genotipo | VF | Fr x VF        |
|-----------------|----------|----|----------------|
| 1               | AABB     | 10 | 10             |
| 2               | AABb     | 9  | 18             |
| 1               | AAbb     | 8  | 8              |
| 2               | AaBB     | 9  | 18             |
| 4               | AaBb     | 8  | 32             |
| 2               | Aabb     | 7  | 14             |
| 1               | aaBB     | 8  | 8              |
| 2               | aaBb     | 7  | 14             |
| 1               | aabb     | 6  | 6              |
| $\Sigma = 16$   |          |    | $\Sigma = 128$ |

Nota: VF = valor del fenotipo,  $\Sigma$  = total.

La media de la F2 es igual a:

$$\overline{VF} = \frac{Fr \times VF}{\Sigma Fr} = \frac{(1 \times 10) + \dots + (1 \times 6)}{16} = \frac{128}{16} = 8$$

La varianza (S<sup>2</sup>) y la desviación estándar (S) de la F2, son:

$$S^2 = \frac{Fr(VF - \overline{VF})^2}{\Sigma Fr - 1} = \frac{1 \times (10 - 8)^2 + \dots + 1 \times (6 - 8)^2}{16 - 1} = 1,067$$

$$S = \sqrt{S^2} = \sqrt{1,067} = 1,033$$

Con base en este ejemplo se pueden resumir las características de acción genética aditiva en los siguientes puntos:

- La media de la F1 corresponde al promedio de los valores de los dos parentales contratantes. Si los padres son genéticamente homogéneos, la media de la F1 es también idéntica a la media de los parentales.
- La media de la F2 es igual a la media de la F1.
- La desviación estándar de la F2 es mayor a la de la F1.
- La distribución de la F2 es simétrica y característica de la distribución normal. Es posible encontrar individuos transgresivos, o sea superiores o inferiores, cuando los padres



son genéticamente homogéneos, por ejemplo, en el cruzamiento AAbb x aaBB.

- La progenie de cualquier individuo tendrá un promedio igual a la de este individuo, lo cual es relevante para el proceso de selección.

### Acción dominante

En este caso, se presenta una relación dominancia-recesividad entre los alelos de un locus. Si se tienen dos pares de genes, cuyas contribuciones al valor del fenotipo son A=3, aa=2, B=8, bb=2 y se da aditividad entre no alelos, se tienen las siguientes generaciones parentales (P), F1 y F2:

P: AABB (VF=11) x aabb (VF=4)

F1: AaBb (VF=11)

F2:

| Frecuencia (Fr) | Genotipo | VF | Fr x VF      |
|-----------------|----------|----|--------------|
| 1               | AABB     | 11 | 11           |
| 2               | AABb     | 11 | 22           |
| 1               | AAbb     | 5  | 5            |
| 2               | AaBB     | 11 | 22           |
| 4               | AaBb     | 11 | 44           |
| 2               | Aabb     | 5  | 10           |
| 1               | aaBB     | 10 | 10           |
| 2               | aaBb     | 10 | 20           |
| 1               | aabb     | 4  | 4            |
| $\Sigma=16$     |          |    | $\Sigma=148$ |

Nota: VF = valor del fenotipo,  $\Sigma$ = total.

La media de la F2 es igual a:

$$\overline{VF} = \frac{Fr \times VF}{\Sigma Fr} = \frac{(1 \times 11) + \dots + (1 \times 4)}{16} = \frac{148}{16} = 9,25$$

La varianza (S<sup>2</sup>) y la desviación estándar (S) de la F2 son:

$$S^2 = \frac{Fr(VF - \overline{VF})^2}{\Sigma Fr - 1} = \frac{1 \times (11 - 9,25)^2 + \dots + 1 \times (4 - 9,25)^2}{16 - 1} = 7,40$$

$$S = \sqrt{S^2} = \sqrt{7,40} = 2,72$$

Según el caso expuesto, las características de la acción dominante son las que siguen:

- Cuando se cruzan dos parentales con medias muy distantes, la media de la F1 es igual a la del parental que exhibe el mayor promedio. Ahora, si los parentales presentan medias semejantes, la media de la F1 será mayor a la de los dos parentales; por ejemplo, AAbb (VF=5) x aaBB (VF=10), F1: AaBb (VF=11).
- La media de la F2 (9,25) es menor que la F1 (11).
- La desviación estándar de la F2 es mayor que la de F1.
- La distribución de la F2 tiende a ser asimétrica, donde ningún individuo supera la media de la F1. A mayor número de genes, la distribución tiende a la curva normal.
- La descendencia de cualquier individuo será inferior a ese mismo individuo, excepto en el caso de que el individuo sea homocigoto.

La selección de individuos sobresalientes es ineficiente en comparación con la selección en poblaciones que muestran acción aditiva. En la acción dominante es necesario considerar el valor que aportan tanto los dominantes como los recesivos, en vista de que, si el carácter de importancia se debe a los alelos recesivos, es necesario tener en cuenta que estos quedan enmascarados por los dominantes.

### **Acción sobredominante**

La acción sobredominante o heterótica es parte de las interacciones alélicas, donde los genotipos heterocigotos muestran fenotipos superiores a los de los padres homocigotos. Considérese el siguiente caso: AA=3, aa=2, Aa=8, BB=5, bb=2 y Bb= 7. Se da aditividad entre no alelos. Se tienen las siguientes generaciones parentales (P), F1 y F2:

P: AABB (VF=8) x aabb (VF=4)  
F1: AaBb (VF=15)

F2:

| Frecuencia (Fr) | Genotipo | VF | Fr x VF      |
|-----------------|----------|----|--------------|
| 1               | AABB     | 8  | 8            |
| 2               | AABb     | 10 | 20           |
| 1               | AAbb     | 5  | 5            |
| 2               | AaBB     | 13 | 26           |
| 4               | AaBb     | 15 | 60           |
| 2               | Aabb     | 10 | 20           |
| 1               | aaBB     | 7  | 7            |
| 2               | aaBb     | 9  | 18           |
| 1               | aabb     | 4  | 4            |
| $\Sigma=16$     |          |    | $\Sigma=168$ |

Nota. VF = valor del fenotipo,  $\Sigma$  = total.

La media de la F2 es igual a:

$$\overline{VF} = \frac{Fr \times VF}{\Sigma Fr} = \frac{(1 \times 8) + \dots + (1 \times 4)}{16} = \frac{168}{16} = 10,50$$

La varianza (S<sup>2</sup>) y la desviación estándar (S) de la F2, son:

$$S^2 = \frac{Fr(VF - \overline{VF})^2}{\Sigma Fr - 1} = \frac{1 \times (8 - 10,50)^2 + \dots + 1 \times (4 - 10,50)^2}{16 - 1} = 12,67$$

$$S = \sqrt{S^2} = \sqrt{12,67} = 3,56$$

En los siguientes puntos se destacan las características de la acción génica sobredominante:

- La media de la F1 es superior a cualquiera de los parentales que le dieron origen, sean estos semejantes o diferentes.
- La media de la F2 es menor que la media de la F1.
- La distribución de la F2 tiende a ser asimétrica. Ningún individuo de esta generación presenta mayor valor que la F1.
- Con excepción de los homocigotos, la descendencia de cualquier individuo será inferior a ese individuo.

## **Epistasis**

“La epistasis se refiere a las interacciones intergénicas o no alélicas. Estas se producen cuando el efecto del alelo de un locus enmascara el efecto del alelo de otro locus, o sea, es la interacción entre genes donde un gen interfiere en la expresión fenotípica de otro gen. El desarrollo y la importancia de la epistasis en los procesos evolutivos de las especies y en el mejoramiento genético de plantas han sido discutidos desde el inicio de los estudios en genética. Aunque, se ha destacado que la epistasis no constituye un componente importante en la varianza genética de caracteres cuantitativos complejos. La mayoría de los estudios de herencia de caracteres cuantitativos considera apenas los efectos aditivos y de dominancia en los modelos genético-estadísticos y no toman en cuenta la epistasis por juzgarla un fenómeno raro y de poca importancia. Un motivo por el cual la epistasis ha sido poco considerada es la gran complejidad asociada a los modelos genéticos cuando en ellos se incluyen los efectos epistáticos, elevando el grado de dificultad en los análisis genético-estadísticos, además de las complejidades generadas en el manejo de los experimentos” (Silva Diaz et al., 2017).

## **Consideraciones finales**

Tanto en la dominancia como en la sobredominancia predomina el vigor híbrido o la heterosis. Bajo dominancia, la heterosis es producida por el enmascaramiento de genes recesivos deletéreos en un parental, por alelos dominantes o parcialmente dominantes en el segundo parental. La heterosis bajo la hipótesis de sobredominancia se debe a la superioridad heterocigota y, por tanto, hay mayor vigor, el cual es proporcional a los niveles de heterocigosidad. En la acción aditiva, cada genotipo se caracteriza por poseer un valor fenotípico propio de él, de ahí que hay un mayor rango en la variación entre los valores de los genotipos que componen la colección de mejoramiento. Esta propiedad es importante para la selección, dado que se pueden diferenciar genotipos superiores de aquellos de peor desempeño.

## **Bibliografía del anexo 4.2**

Briggs, F. N. & Knowles, P. F. (1967). Introduction to Plant Breeding. Reinhold Publishing.

Mariotti, J. A. (1986). Fundamentos de genética biométrica: aplicaciones al mejoramiento genético vegetal. OEA.

Poehlman, J. M. & Sleper, D. A. (2003). Mejoramiento genético de las cosechas. (2a ed.). Limusa.

Silva Díaz, R. J., García Mendoza, P. J., Velásquez Faleiro y Silva, D. & Lopes de Souza, J. C. (2017). Epistasis para producción de granos y caracteres de la planta en una población de maíz tropical. Bioagro, 29(2), 83-94.  
<http://ve.scielo.org/pdf/ba/v29n2/art02.pdf>

### Anexo 5.1

*Sintaxis SAS Para el Análisis de Varianza del Rendimiento (RTO) de 80 Genotipos de Solanum betaceum (Cav.), Bajo el Diseño Ládice 9x9, en la Localidad de Pasto.*

```
dm' OUT; CLEAR;
DM' LOG;
ods rtf file = 'latic.rtf';
Data A;
input trat$ treatmnt Group Block i j Rto;
datalines;
1x24 1 1 1 CBcon74 CBI79 9.99
1x25 2 1 1 CBcon74 CBc039 11.15
1x26 3 1 1 CBcon74 CBb75 17.63
2x25 4 1 1 CBa09 CBc039 12.68
2x26 5 1 1 CBa09 CBb75 17.97
2x27 6 1 1 CBa09 CBg70 9.67
3x26 7 1 1 CBb03 CBb75 10.54
3x27 8 1 1 CBb03 CBg70 9.46
3x28 9 1 1 CBb03 CBu88 19.60
4x27 10 1 2 CBc044CBg70 8.62
4x28 11 1 2 CBc044CBu88 21.81
4x29 12 1 2 CBc044CBsj35 11.86
5x28 13 1 2 CBI49 CBu88 17.15
5x29 14 1 2 CBI49 CBsj35 12.97
5x30 15 1 2 CBI49 CBI50 11.67
6x29 16 1 2 CBI51 CBsj35 10.91
6x30 17 1 2 CBI51 CBI50 14.28
6x31 18 1 2 CBI51 CBI78 19.82
7x30 19 1 3 CBI81 CBI50 11.03
7x31 20 1 3 CBI81 CBI78 14.47
7x32 21 1 3 CBI81 CBsj37 8.91
8x31 22 1 3 CBunt1305 CBI78 14.07
8x32 23 1 3 CBunt1305 CBsj37 4.94
8x33 24 1 3 CBunt1305 CBc15 14.90
9x32 25 1 3 CBb04 CBsj37 8.16
9x33 26 1 3 CBb04 CBco40 9.73
9x34 27 1 3 CBb04 CBc040 11.67
10x33 28 1 4 CBc14 Cbc15 16.14
10x34 29 1 4 CBc14 CBco40 13.52
10x35 30 1 4 CBc14 CBu84 13.56
11x34 31 1 4 CBb02 CBco40 13.73
11x35 32 1 4 CBb02 CBu84 13.65
11x36 33 1 4 CBb02 CBb73 15.86
12x35 34 1 4 CBI80 CBu84 20.80
12x36 35 1 4 CBI80 CBb73 11.74
12x37 36 1 4 CBI80 CBf89 11.92
13x36 37 1 5 CBc12 CBb73 13.64
13x37 38 1 5 CBc12 CBf89 12.57
13x38 39 1 5 CBc12 CBu86 8.88
```

|        |    |   |      |                 |       |
|--------|----|---|------|-----------------|-------|
| 14x37  | 40 | 1 | 5    | CBp25 CBf89     | 9.16  |
| 14x38  | 41 | 1 | 5    | CBp25 CBu86     | 13.19 |
| 14x39  | 42 | 1 | 5    | CBp25 CBSj38    | 6.40  |
| 15x38  | 43 | 1 | 5    | CBb08 CBu86     | 13.76 |
| 15x39  | 44 | 1 | 5    | CBb08 CBSj38    | 10.80 |
| 15x40  | 45 | 1 | 5    | CBb08 CBc046    | 12.88 |
| 16x39  | 46 | 1 | 6    | CBc93 CBSj38    | 10.60 |
| 16x40  | 47 | 1 | 6    | CBc93 CBc046    | 11.39 |
| 16x41  | 48 | 1 | 6    | CBc93 CBu65     | 12.13 |
| 17x40  | 49 | 1 | 6    | CBc042CBco46    | 13.13 |
| 17x41  | 50 | 1 | 6    | CBco42CBu65     | 10.08 |
| 17x42  | 51 | 1 | 6    | CBc042CBcon34   | 13.55 |
| 18x41  | 52 | 1 | 6    | CBSj36 CBu65    | 19.20 |
| 18x42  | 53 | 1 | 6    | CBSj36 CBcon34  | 13.76 |
| 18x43  | 54 | 1 | 6    | CBSj36 CBu87    | 11.39 |
| 19x42  | 55 | 1 | 7    | CBcon33 CBcon34 | 9.13  |
| 19x43  | 56 | 1 | 7    | CBcon33 CBu87   | 14.75 |
| 19x44  | 57 | 1 | 7    | CBcon33 CBu94   | 11.14 |
| 20x43  | 58 | 1 | 7    | CBp19 CBu87     | 16.79 |
| 20x44  | 59 | 1 | 7    | CBp19 CBu94     | 13.82 |
| 20x45  | 60 | 1 | 7    | CBp19 CBc95     | 11.73 |
| 21x44  | 61 | 1 | 7    | CBc11 CBu94     | 19.73 |
| 21x45  | 62 | 1 | 7    | CBc11 CBc95     | 10.90 |
| 21x46  | 63 | 1 | 7    | CBc11 CBI77     | 14.93 |
| 22x45  | 64 | 1 | 8    | CBb06 CBc95     | 12.10 |
| 22x46  | 65 | 1 | 8    | CBb06 CBI77     | 12.89 |
| 22x47  | 66 | 1 | 8    | CBb06 CBc041    | 16.69 |
| 23x46  | 67 | 1 | 8    | CBu82 CBI77     | 13.69 |
| 23x47  | 68 | 1 | 8    | CBu82 CBco41    | 13.58 |
| 23x48  | 69 | 1 | 8    | CBu82 CBb01     | 17.24 |
| 24x47  | 70 | 1 | 8    | CBI79 CBco41    | 16.69 |
| 24x48  | 71 | 1 | 8    | CBI79 CBb01     | 16.81 |
| 25x48  | 72 | 1 | 8    | CBc039CBb01     | 14.40 |
| CBc14  | 73 | 1 | 9    | CBc14 CBc14     | 15.75 |
| CBco39 | 74 | 1 | 9    | CBco39CBco39    | 11.95 |
| CBco42 | 75 | 1 | 9    | CBco42CBco42    | 14.71 |
| CBco46 | 76 | 1 | 9    | CBc046CBc046    | 14.29 |
| CBI80  | 77 | 1 | 9    | CBI80 CBI80     | 13.59 |
| CBI81  | 78 | 1 | 9    | CBI81 CBI81     | 11.89 |
| CBp19  | 79 | 1 | 9    | CBp19 CBp19     | 15.23 |
| CBsb01 | 80 | 1 | 9    | CBcb01CBcb01    | 10.03 |
| CBSj36 | 81 | 1 | 9    | Cbsj36 Cbsj36   | 10.47 |
| 1x24   | 1  | 2 | 1.00 | CBcon74 CBI79   | 6.41  |
| 1x25   | 2  | 2 | 2.00 | CBcon74 CBc039  | 6.73  |
| 1x26   | 3  | 2 | 3.00 | CBcon74 CBb75   | 5.18  |
| 2x25   | 4  | 2 | 4.00 | CBa09 CBc039    | 7.02  |
| 2x26   | 5  | 2 | 5.00 | CBa09 CBb75     | 8.21  |
| 2x27   | 6  | 2 | 6.00 | CBa09 CBg70     | 0.96  |
| 3x26   | 7  | 2 | 7.00 | CBb03 CBb75     | 3.32  |

|       |    |   |      |                  |       |
|-------|----|---|------|------------------|-------|
| 3x27  | 8  | 2 | 8.00 | CBb03 CBg70      | 0.32  |
| 3x28  | 9  | 2 | 9.00 | CBb03 CBu88      | 5.39  |
| 4x27  | 10 | 2 | 1.00 | CBc044CBg70      | 0.77  |
| 4x28  | 11 | 2 | 2.00 | CBc044CBu88      | 7.56  |
| 4x29  | 12 | 2 | 3.00 | CBc044CBsj35     | 3.52  |
| 5x28  | 13 | 2 | 4.00 | CBi49 CBu88      | 9.17  |
| 5x29  | 14 | 2 | 5.00 | CBi49 CBsj35     | 0.00  |
| 5x30  | 15 | 2 | 6.00 | CBi49 CBI50      | 4.88  |
| 6x29  | 16 | 2 | 7.00 | CBi51 CBsj35     | 2.39  |
| 6x30  | 17 | 2 | 8.00 | CBi51 CBI50      | 0.67  |
| 6x31  | 18 | 2 | 9.00 | CBi51 CBI78      | 0.96  |
| 7x30  | 19 | 2 | 1.00 | CBI81 CBI50      | 8.50  |
| 7x31  | 20 | 2 | 2.00 | CBI81 CBI78      | 7.21  |
| 7x32  | 21 | 2 | 3.00 | CBI81 CBsj37     | 5.97  |
| 8x31  | 22 | 2 | 4.00 | CBunt1305 CBI78  | 0.64  |
| 8x32  | 23 | 2 | 5.00 | CBunt1305 CBsj37 | 3.44  |
| 8x33  | 24 | 2 | 6.00 | CBunt1305 CBc15  | 3.96  |
| 9x32  | 25 | 2 | 7.00 | CBb04 CBsj37     | 5.73  |
| 9x33  | 26 | 2 | 8.00 | CBb04 CBc15      | 2.88  |
| 9x34  | 27 | 2 | 9.00 | CBb04 CBco403    | 4.49  |
| 10x33 | 28 | 2 | 1.00 | CBc14 CBc15      | 6.56  |
| 10x34 | 29 | 2 | 2.00 | CBc14 CBco400    | 4.44  |
| 10x35 | 30 | 2 | 3.00 | CBc14 CBu84      | 5.67  |
| 11x34 | 31 | 2 | 4.00 | CBb02 CBc0403    | 8.89  |
| 11x35 | 32 | 2 | 5.00 | CBb02 CBu84      | 11.04 |
| 11x36 | 33 | 2 | 6.00 | CBb02 CBb73      | 5.55  |
| 12x35 | 34 | 2 | 7.00 | CBI80 CBu84      | 7.94  |
| 12x36 | 35 | 2 | 8.00 | CBI80 CBb73      | 7.39  |
| 12x37 | 36 | 2 | 9.00 | CBI80 CBCBf89    | 1.22  |
| 13x36 | 37 | 2 | 1.00 | CBc12 CBb73      | 5.58  |
| 13x37 | 38 | 2 | 2.00 | CBc12 CBf89      | 0.32  |
| 13x38 | 39 | 2 | 3.00 | CBc12 CBu86      | 3.29  |
| 14x37 | 40 | 2 | 4.00 | CBp25 CBf89      | 7.14  |
| 14x38 | 41 | 2 | 5.00 | CBp25 CBu86      | 7.67  |
| 14x39 | 42 | 2 | 6.00 | CBp25 CBsj38     | 4.65  |
| 15x38 | 43 | 2 | 7.00 | CBb08 CBu86      | 3.66  |
| 15x39 | 44 | 2 | 8.00 | CBb08 CBsj38     | 8.56  |
| 15x40 | 45 | 2 | 9.00 | CBb08 CBc0463    | 2.24  |
| 16x39 | 46 | 2 | 1.00 | CBc93 CBsj38     | 8.02  |
| 16x40 | 47 | 2 | 2.00 | CBc93 CBco464    | 8.86  |
| 16x41 | 48 | 2 | 3.00 | CBc93 CBu65      | 1.08  |
| 17x40 | 49 | 2 | 4.00 | CBc042CBco466    | 6.67  |
| 17x41 | 50 | 2 | 5.00 | CBco42CBu65      | 0.85  |
| 17x42 | 51 | 2 | 6.00 | CBc042 CBc0n34   | 3.66  |
| 18x41 | 52 | 2 | 7.00 | CBsj36 CBu65     | 5.10  |
| 18x42 | 53 | 2 | 8.00 | CBsj36 CBcon34   | 4.80  |
| 18x43 | 54 | 2 | 9.00 | CBsj36 CBu87     | 6.36  |
| 19x42 | 55 | 2 | 1.00 | CBcon33 CBcon34  | 5.71  |
| 19x43 | 56 | 2 | 2.00 | CBcon33 CBu87    | 0.00  |



|        |    |   |      |               |       |
|--------|----|---|------|---------------|-------|
| 19x44  | 57 | 2 | 3.00 | CBcon33 CBU94 | 6.32  |
| 20x43  | 58 | 2 | 4.00 | CBp19 CBU87   | 3.38  |
| 20x44  | 59 | 2 | 5.00 | CBp19 CBU94   | 5.94  |
| 20x45  | 60 | 2 | 6.00 | CBp19 CBc95   | 2.05  |
| 21x44  | 61 | 2 | 7.00 | CBc11 CBU94   | 0.42  |
| 21x45  | 62 | 2 | 8.00 | CBc11 CBc95   | 0.53  |
| 21x46  | 63 | 2 | 9.00 | CBc11 CBI77   | 7.67  |
| 22x45  | 64 | 2 | 1.00 | CBb06 CBc95   | 3.22  |
| 22x46  | 65 | 2 | 2.00 | CBb06 CBI77   | 5.44  |
| 22x47  | 66 | 2 | 3.00 | CBb06 CBco41  | 11.87 |
| 23x46  | 67 | 2 | 4.00 | CBu82 CBI77   | 5.69  |
| 23x47  | 68 | 2 | 5.00 | CBu82 CBc04   | 17.67 |
| 23x48  | 69 | 2 | 6.00 | CBu82 CBb01   | 4.65  |
| 24x47  | 70 | 2 | 7.00 | CBI79 CBc04   | 13.32 |
| 24x48  | 71 | 2 | 8.00 | CBI79 CBb01   | 3.11  |
| 25x48  | 72 | 2 | 9.00 | CBco39CBb01   | 5.76  |
| CBc14  | 73 | 2 | 1.00 | CBc14 CBc14   | 14.82 |
| CBco39 | 74 | 2 | 2.00 | CBc039CBc039  | 1.14  |
| CBco42 | 75 | 2 | 3.00 | CBco42CBco42  | 2.80  |
| CBco46 | 76 | 2 | 4.00 | CBco46CBco46  | 4.50  |
| CBI80  | 77 | 2 | 5.00 | CBI80 CBI80   | 4.33  |
| CBI81  | 78 | 2 | 6.00 | CBI81 CBI81   | 3.54  |
| CBp19  | 79 | 2 | 7.00 | CBp19 CBp19   | 5.10  |
| CBsb01 | 80 | 2 | 8.00 | CBcb01CBcb01  | 0.63  |
| CBsj36 | 81 | 2 | 9.00 | CBsj36 CBsj36 | 4.27  |

;  
proc lattice data=A;  
ODS RTF CLOSE;

## Anexo 5.2

*Inversa de la matriz circulante A ( $A^{-1}$ ).*

| <i>p</i> | 1     | 2     | 3     | 4     | 5     | 6     | 7     | 8     | 9     | 10    | 11    | 12    | 13    | 14    | 15    | 16    |
|----------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| 1        | 3,14  | 2,71  | 2,51  | 2,25  | 2,00  | 1,75  | 1,50  | 1,25  | 1,00  | 0,75  | 0,50  | 0,25  | 0,00  | -0,25 | -0,50 | -0,75 |
| 2        | 2,71  | 3,14  | 2,71  | 2,51  | 2,25  | 2,00  | 1,75  | 1,50  | 1,25  | 1,00  | 0,75  | 0,50  | 0,25  | 0,00  | -0,25 | -0,50 |
| 3        | 2,51  | 2,71  | 3,14  | 2,71  | 2,51  | 2,25  | 2,00  | 1,75  | 1,50  | 1,25  | 1,00  | 0,75  | 0,50  | 0,25  | 0,00  | -0,25 |
| 4        | 2,25  | 2,51  | 2,71  | 3,14  | 2,71  | 2,51  | 2,25  | 2,00  | 1,75  | 1,50  | 1,25  | 1,00  | 0,75  | 0,50  | 0,25  | 0,00  |
| 5        | 2,00  | 2,25  | 2,51  | 2,71  | 3,14  | 2,71  | 2,51  | 2,25  | 2,00  | 1,75  | 1,50  | 1,25  | 1,00  | 0,75  | 0,50  | 0,25  |
| 6        | 1,75  | 2,00  | 2,25  | 2,51  | 2,71  | 3,14  | 2,71  | 2,51  | 2,25  | 2,00  | 1,75  | 1,50  | 1,25  | 1,00  | 0,75  | 0,50  |
| 7        | 1,50  | 1,75  | 2,00  | 2,25  | 2,51  | 2,71  | 3,14  | 2,71  | 2,51  | 2,25  | 2,00  | 1,75  | 1,50  | 1,25  | 1,00  | 0,75  |
| 8        | 1,25  | 1,50  | 1,75  | 2,00  | 2,25  | 2,51  | 2,71  | 3,14  | 2,71  | 2,51  | 2,25  | 2,00  | 1,75  | 1,50  | 1,25  | 1,00  |
| 9        | 1,00  | 1,25  | 1,50  | 1,75  | 2,00  | 2,25  | 2,51  | 2,71  | 3,14  | 2,71  | 2,51  | 2,25  | 2,00  | 1,75  | 1,50  | 1,25  |
| 10       | 0,75  | 1,00  | 1,25  | 1,50  | 1,75  | 2,00  | 2,25  | 2,51  | 2,71  | 3,14  | 2,71  | 2,51  | 2,25  | 2,00  | 1,75  | 1,50  |
| 11       | 0,50  | 0,75  | 1,00  | 1,25  | 1,50  | 1,75  | 2,00  | 2,25  | 2,51  | 2,71  | 3,14  | 2,71  | 2,51  | 2,25  | 2,00  | 1,75  |
| 12       | 0,25  | 0,50  | 0,75  | 1,00  | 1,25  | 1,50  | 1,75  | 2,00  | 2,25  | 2,51  | 2,71  | 3,14  | 2,71  | 2,51  | 2,25  | 2,00  |
| 13       | 0,00  | 0,25  | 0,50  | 0,75  | 1,00  | 1,25  | 1,50  | 1,75  | 2,00  | 2,25  | 2,51  | 2,71  | 3,14  | 2,71  | 2,51  | 2,25  |
| 14       | -0,25 | 0,00  | 0,25  | 0,50  | 0,75  | 1,00  | 1,25  | 1,50  | 1,75  | 2,00  | 2,25  | 2,51  | 2,71  | 3,14  | 2,71  | 2,51  |
| 15       | -0,50 | -0,25 | 0,00  | 0,25  | 0,50  | 0,75  | 1,00  | 1,25  | 1,50  | 1,75  | 2,00  | 2,25  | 2,51  | 2,71  | 3,14  | 2,71  |
| 16       | -0,75 | -0,50 | -0,25 | 0,00  | 0,25  | 0,50  | 0,75  | 1,00  | 1,25  | 1,50  | 1,75  | 2,00  | 2,25  | 2,51  | 2,71  | 3,14  |
| 17       | -1,00 | -0,75 | -0,50 | -0,25 | 0,00  | 0,25  | 0,50  | 0,75  | 1,00  | 1,25  | 1,50  | 1,75  | 2,00  | 2,25  | 2,51  | 2,71  |
| 18       | -1,25 | -1,00 | -0,75 | -0,50 | -0,25 | 0,00  | 0,25  | 0,50  | 0,75  | 1,00  | 1,25  | 1,50  | 1,75  | 2,00  | 2,25  | 2,51  |
| 19       | -1,50 | -1,25 | -1,00 | -0,75 | -0,50 | -0,25 | 0,00  | 0,25  | 0,50  | 0,75  | 1,00  | 1,25  | 1,50  | 1,75  | 2,00  | 2,25  |
| 20       | -1,75 | -1,50 | -1,25 | -1,00 | -0,75 | -0,50 | -0,25 | 0,00  | 0,25  | 0,50  | 0,75  | 1,00  | 1,25  | 1,50  | 1,75  | 2,00  |
| 21       | -2,00 | -1,75 | -1,50 | -1,25 | -1,00 | -0,75 | -0,50 | -0,25 | 0,00  | 0,25  | 0,50  | 0,75  | 1,00  | 1,25  | 1,50  | 1,75  |
| 22       | -2,25 | -2,00 | -1,75 | -1,50 | -1,25 | -1,00 | -0,75 | -0,50 | -0,25 | 0,00  | 0,25  | 0,50  | 0,75  | 1,00  | 1,25  | 1,50  |
| 23       | -2,49 | -2,25 | -2,00 | -1,75 | -1,50 | -1,25 | -1,00 | -0,75 | -0,50 | -0,25 | 0,00  | 0,25  | 0,50  | 0,75  | 1,00  | 1,25  |
| 24       | -2,79 | -2,49 | -2,25 | -2,00 | -1,75 | -1,50 | -1,25 | -1,00 | -0,75 | -0,50 | -0,25 | 0,00  | 0,25  | 0,50  | 0,75  | 1,00  |
| 25       | -2,86 | -2,79 | -2,49 | -2,25 | -2,00 | -1,75 | -1,50 | -1,25 | -1,00 | -0,75 | -0,50 | -0,25 | 0,00  | 0,25  | 0,50  | 0,75  |
| 26       | -2,79 | -2,86 | -2,79 | -2,49 | -2,25 | -2,00 | -1,75 | -1,50 | -1,25 | -1,00 | -0,75 | -0,50 | -0,25 | 0,00  | 0,25  | 0,50  |
| 27       | -2,49 | -2,79 | -2,86 | -2,79 | -2,49 | -2,25 | -2,00 | -1,75 | -1,50 | -1,25 | -1,00 | -0,75 | -0,50 | -0,25 | 0,00  | 0,25  |
| 28       | -2,25 | -2,49 | -2,79 | -2,86 | -2,79 | -2,49 | -2,25 | -2,00 | -1,75 | -1,50 | -1,25 | -1,00 | -0,75 | -0,50 | -0,25 | 0,00  |
| 29       | -2,00 | -2,25 | -2,49 | -2,79 | -2,86 | -2,79 | -2,49 | -2,25 | -2,00 | -1,75 | -1,50 | -1,25 | -1,00 | -0,75 | -0,50 | -0,25 |
| 30       | -1,75 | -2,00 | -2,25 | -2,49 | -2,79 | -2,86 | -2,79 | -2,49 | -2,25 | -2,00 | -1,75 | -1,50 | -1,25 | -1,00 | -0,75 | -0,50 |
| 31       | -1,50 | -1,75 | -2,00 | -2,25 | -2,49 | -2,79 | -2,86 | -2,79 | -2,49 | -2,25 | -2,00 | -1,75 | -1,50 | -1,25 | -1,00 | -0,75 |
| 32       | -1,25 | -1,50 | -1,75 | -2,00 | -2,25 | -2,49 | -2,79 | -2,86 | -2,79 | -2,49 | -2,25 | -2,00 | -1,75 | -1,50 | -1,25 | -1,00 |
| 33       | -1,00 | -1,25 | -1,50 | -1,75 | -2,00 | -2,25 | -2,49 | -2,79 | -2,86 | -2,79 | -2,49 | -2,25 | -2,00 | -1,75 | -1,50 | -1,25 |
| 34       | -0,75 | -1,00 | -1,25 | -1,50 | -1,75 | -2,00 | -2,25 | -2,49 | -2,79 | -2,86 | -2,79 | -2,49 | -2,25 | -2,00 | -1,75 | -1,50 |
| 35       | -0,50 | -0,75 | -1,00 | -1,25 | -1,50 | -1,75 | -2,00 | -2,25 | -2,49 | -2,79 | -2,86 | -2,79 | -2,49 | -2,25 | -2,00 | -1,75 |
| 36       | -0,25 | -0,50 | -0,75 | -1,00 | -1,25 | -1,50 | -1,75 | -2,00 | -2,25 | -2,49 | -2,79 | -2,86 | -2,79 | -2,49 | -2,25 | -2,00 |
| 37       | 0,00  | -0,25 | -0,50 | -0,75 | -1,00 | -1,25 | -1,50 | -1,75 | -2,00 | -2,25 | -2,49 | -2,79 | -2,86 | -2,79 | -2,49 | -2,25 |
| 38       | 0,25  | 0,00  | -0,25 | -0,50 | -0,75 | -1,00 | -1,25 | -1,50 | -1,75 | -2,00 | -2,25 | -2,49 | -2,79 | -2,86 | -2,79 | -2,49 |
| 39       | 0,50  | 0,25  | 0,00  | -0,25 | -0,50 | -0,75 | -1,00 | -1,25 | -1,50 | -1,75 | -2,00 | -2,25 | -2,49 | -2,79 | -2,86 | -2,79 |
| 40       | 0,75  | 0,50  | 0,25  | 0,00  | -0,25 | -0,50 | -0,75 | -1,00 | -1,25 | -1,50 | -1,75 | -2,00 | -2,25 | -2,49 | -2,79 | -2,86 |
| 41       | 1,00  | 0,75  | 0,50  | 0,25  | 0,00  | -0,25 | -0,50 | -0,75 | -1,00 | -1,25 | -1,50 | -1,75 | -2,00 | -2,25 | -2,49 | -2,79 |

|    |      |      |      |      |      |      |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
|----|------|------|------|------|------|------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| 42 | 1,25 | 1,00 | 0,75 | 0,50 | 0,25 | 0,00 | -0,25 | -0,50 | -0,75 | -1,00 | -1,25 | -1,50 | -1,75 | -2,00 | -2,25 | -2,49 |
| 43 | 1,50 | 1,25 | 1,00 | 0,75 | 0,50 | 0,25 | 0,00  | -0,25 | -0,50 | -0,75 | -1,00 | -1,25 | -1,50 | -1,75 | -2,00 | -2,25 |
| 44 | 1,75 | 1,50 | 1,25 | 1,00 | 0,75 | 0,50 | 0,25  | 0,00  | -0,25 | -0,50 | -0,75 | -1,00 | -1,25 | -1,50 | -1,75 | -2,00 |
| 45 | 2,00 | 1,75 | 1,50 | 1,25 | 1,00 | 0,75 | 0,50  | 0,25  | 0,00  | -0,25 | -0,50 | -0,75 | -1,00 | -1,25 | -1,50 | -1,75 |
| 46 | 2,25 | 2,00 | 1,75 | 1,50 | 1,25 | 1,00 | 0,75  | 0,50  | 0,25  | 0,00  | -0,25 | -0,50 | -0,75 | -1,00 | -1,25 | -1,50 |
| 47 | 2,51 | 2,25 | 2,00 | 1,75 | 1,50 | 1,25 | 1,00  | 0,75  | 0,50  | 0,25  | 0,00  | -0,25 | -0,50 | -0,75 | -1,00 | -1,25 |
| 48 | 2,71 | 2,51 | 2,25 | 2,00 | 1,75 | 1,50 | 1,25  | 1,00  | 0,75  | 0,50  | 0,25  | 0,00  | -0,25 | -0,50 | -0,75 | -1,00 |

## Continuación Anexo 5.2

| p  | 17    | 18    | 19    | 20    | 21    | 22    | 23    | 24    | 25    | 26    | 27    | 28    | 29    | 30    | 31    | 32    |
|----|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| 1  | -1,00 | -1,25 | -1,50 | -1,75 | -2,00 | -2,25 | -2,49 | -2,79 | -2,86 | -2,79 | -2,49 | -2,25 | -2,00 | -1,75 | -1,50 | -1,25 |
| 2  | -0,75 | -1,00 | -1,25 | -1,50 | -1,75 | -2,00 | -2,25 | -2,49 | -2,79 | -2,86 | -2,79 | -2,49 | -2,25 | -2,00 | -1,75 | -1,50 |
| 3  | -0,50 | -0,75 | -1,00 | -1,25 | -1,50 | -1,75 | -2,00 | -2,25 | -2,49 | -2,79 | -2,86 | -2,79 | -2,49 | -2,25 | -2,00 | -1,75 |
| 4  | -0,25 | -0,50 | -0,75 | -1,00 | -1,25 | -1,50 | -1,75 | -2,00 | -2,25 | -2,49 | -2,79 | -2,86 | -2,79 | -2,49 | -2,25 | -2,00 |
| 5  | 0,00  | -0,25 | -0,50 | -0,75 | -1,00 | -1,25 | -1,50 | -1,75 | -2,00 | -2,25 | -2,49 | -2,79 | -2,86 | -2,79 | -2,49 | -2,25 |
| 6  | 0,25  | 0,00  | -0,25 | -0,50 | -0,75 | -1,00 | -1,25 | -1,50 | -1,75 | -2,00 | -2,25 | -2,49 | -2,79 | -2,86 | -2,79 | -2,49 |
| 7  | 0,50  | 0,25  | 0,00  | -0,25 | -0,50 | -0,75 | -1,00 | -1,25 | -1,50 | -1,75 | -2,00 | -2,25 | -2,49 | -2,79 | -2,86 | -2,79 |
| 8  | 0,75  | 0,50  | 0,25  | 0,00  | -0,25 | -0,50 | -0,75 | -1,00 | -1,25 | -1,50 | -1,75 | -2,00 | -2,25 | -2,49 | -2,79 | -2,86 |
| 9  | 1,00  | 0,75  | 0,50  | 0,25  | 0,00  | -0,25 | -0,50 | -0,75 | -1,00 | -1,25 | -1,50 | -1,75 | -2,00 | -2,25 | -2,49 | -2,79 |
| 10 | 1,25  | 1,00  | 0,75  | 0,50  | 0,25  | 0,00  | -0,25 | -0,50 | -0,75 | -1,00 | -1,25 | -1,50 | -1,75 | -2,00 | -2,25 | -2,49 |
| 11 | 1,50  | 1,25  | 1,00  | 0,75  | 0,50  | 0,25  | 0,00  | -0,25 | -0,50 | -0,75 | -1,00 | -1,25 | -1,50 | -1,75 | -2,00 | -2,25 |
| 12 | 1,75  | 1,50  | 1,25  | 1,00  | 0,75  | 0,50  | 0,25  | 0,00  | -0,25 | -0,50 | -0,75 | -1,00 | -1,25 | -1,50 | -1,75 | -2,00 |
| 13 | 2,00  | 1,75  | 1,50  | 1,25  | 1,00  | 0,75  | 0,50  | 0,25  | 0,00  | -0,25 | -0,50 | -0,75 | -1,00 | -1,25 | -1,50 | -1,75 |
| 14 | 2,25  | 2,00  | 1,75  | 1,50  | 1,25  | 1,00  | 0,75  | 0,50  | 0,25  | 0,00  | -0,25 | -0,50 | -0,75 | -1,00 | -1,25 | -1,50 |
| 15 | 2,51  | 2,25  | 2,00  | 1,75  | 1,50  | 1,25  | 1,00  | 0,75  | 0,50  | 0,25  | 0,00  | -0,25 | -0,50 | -0,75 | -1,00 | -1,25 |
| 16 | 2,71  | 2,51  | 2,25  | 2,00  | 1,75  | 1,50  | 1,25  | 1,00  | 0,75  | 0,50  | 0,25  | 0,00  | -0,25 | -0,50 | -0,75 | -1,00 |
| 17 | 3,14  | 2,71  | 2,51  | 2,25  | 2,00  | 1,75  | 1,50  | 1,25  | 1,00  | 0,75  | 0,50  | 0,25  | 0,00  | -0,25 | -0,50 | -0,75 |
| 18 | 2,71  | 3,14  | 2,71  | 2,51  | 2,25  | 2,00  | 1,75  | 1,50  | 1,25  | 1,00  | 0,75  | 0,50  | 0,25  | 0,00  | -0,25 | -0,50 |
| 19 | 2,51  | 2,71  | 3,14  | 2,71  | 2,51  | 2,25  | 2,00  | 1,75  | 1,50  | 1,25  | 1,00  | 0,75  | 0,50  | 0,25  | 0,00  | -0,25 |
| 20 | 2,25  | 2,51  | 2,71  | 3,14  | 2,71  | 2,51  | 2,25  | 2,00  | 1,75  | 1,50  | 1,25  | 1,00  | 0,75  | 0,50  | 0,25  | 0,00  |
| 21 | 2,00  | 2,25  | 2,51  | 2,71  | 3,14  | 2,71  | 2,51  | 2,25  | 2,00  | 1,75  | 1,50  | 1,25  | 1,00  | 0,75  | 0,50  | 0,25  |
| 22 | 1,75  | 2,00  | 2,25  | 2,51  | 2,71  | 3,14  | 2,71  | 2,51  | 2,25  | 2,00  | 1,75  | 1,50  | 1,25  | 1,00  | 0,75  | 0,50  |
| 23 | 1,50  | 1,75  | 2,00  | 2,25  | 2,51  | 2,71  | 3,14  | 2,71  | 2,51  | 2,25  | 2,00  | 1,75  | 1,50  | 1,25  | 1,00  | 0,75  |
| 24 | 1,25  | 1,50  | 1,75  | 2,00  | 2,25  | 2,51  | 2,71  | 3,14  | 2,71  | 2,51  | 2,25  | 2,00  | 1,75  | 1,50  | 1,25  | 1,00  |
| 25 | 1,00  | 1,25  | 1,50  | 1,75  | 2,00  | 2,25  | 2,51  | 2,71  | 3,14  | 2,71  | 2,51  | 2,25  | 2,00  | 1,75  | 1,50  | 1,25  |
| 26 | 0,75  | 1,00  | 1,25  | 1,50  | 1,75  | 2,00  | 2,25  | 2,51  | 2,71  | 3,14  | 2,71  | 2,51  | 2,25  | 2,00  | 1,75  | 1,50  |
| 27 | 0,50  | 0,75  | 1,00  | 1,25  | 1,50  | 1,75  | 2,00  | 2,25  | 2,51  | 2,71  | 3,14  | 2,71  | 2,51  | 2,25  | 2,00  | 1,75  |
| 28 | 0,25  | 0,50  | 0,75  | 1,00  | 1,25  | 1,50  | 1,75  | 2,00  | 2,25  | 2,51  | 2,71  | 3,14  | 2,71  | 2,51  | 2,25  | 2,00  |
| 29 | 0,00  | 0,25  | 0,50  | 0,75  | 1,00  | 1,25  | 1,50  | 1,75  | 2,00  | 2,25  | 2,51  | 2,71  | 3,14  | 2,71  | 2,51  | 2,25  |
| 30 | -0,25 | 0,00  | 0,25  | 0,50  | 0,75  | 1,00  | 1,25  | 1,50  | 1,75  | 2,00  | 2,25  | 2,51  | 2,71  | 3,14  | 2,71  | 2,51  |
| 31 | -0,50 | -0,25 | 0,00  | 0,25  | 0,50  | 0,75  | 1,00  | 1,25  | 1,50  | 1,75  | 2,00  | 2,25  | 2,51  | 2,71  | 3,14  | 2,71  |
| 32 | -0,75 | -0,50 | -0,25 | 0,00  | 0,25  | 0,50  | 0,75  | 1,00  | 1,25  | 1,50  | 1,75  | 2,00  | 2,25  | 2,51  | 2,71  | 3,14  |
| 33 | -1,00 | -0,75 | -0,50 | -0,25 | 0,00  | 0,25  | 0,50  | 0,75  | 1,00  | 1,25  | 1,50  | 1,75  | 2,00  | 2,25  | 2,51  | 2,71  |
| 34 | -1,25 | -1,00 | -0,75 | -0,50 | -0,25 | 0,00  | 0,25  | 0,50  | 0,75  | 1,00  | 1,25  | 1,50  | 1,75  | 2,00  | 2,25  | 2,51  |

|    |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
|----|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| 35 | -1,50 | -1,25 | -1,00 | -0,75 | -0,50 | -0,25 | 0,00  | 0,25  | 0,50  | 0,75  | 1,00  | 1,25  | 1,50  | 1,75  | 2,00  | 2,25  |
| 36 | -1,75 | -1,50 | -1,25 | -1,00 | -0,75 | -0,50 | -0,25 | 0,00  | 0,25  | 0,50  | 0,75  | 1,00  | 1,25  | 1,50  | 1,75  | 2,00  |
| 37 | -2,00 | -1,75 | -1,50 | -1,25 | -1,00 | -0,75 | -0,50 | -0,25 | 0,00  | 0,25  | 0,50  | 0,75  | 1,00  | 1,25  | 1,50  | 1,75  |
| 38 | -2,25 | -2,00 | -1,75 | -1,50 | -1,25 | -1,00 | -0,75 | -0,50 | -0,25 | 0,00  | 0,25  | 0,50  | 0,75  | 1,00  | 1,25  | 1,50  |
| 39 | -2,49 | -2,25 | -2,00 | -1,75 | -1,50 | -1,25 | -1,00 | -0,75 | -0,50 | -0,25 | 0,00  | 0,25  | 0,50  | 0,75  | 1,00  | 1,25  |
| 40 | -2,79 | -2,49 | -2,25 | -2,00 | -1,75 | -1,50 | -1,25 | -1,00 | -0,75 | -0,50 | -0,25 | 0,00  | 0,25  | 0,50  | 0,75  | 1,00  |
| 41 | -2,86 | -2,79 | -2,49 | -2,25 | -2,00 | -1,75 | -1,50 | -1,25 | -1,00 | -0,75 | -0,50 | -0,25 | 0,00  | 0,25  | 0,50  | 0,75  |
| 42 | -2,79 | -2,86 | -2,79 | -2,49 | -2,25 | -2,00 | -1,75 | -1,50 | -1,25 | -1,00 | -0,75 | -0,50 | -0,25 | 0,00  | 0,25  | 0,50  |
| 43 | -2,49 | -2,79 | -2,86 | -2,79 | -2,49 | -2,25 | -2,00 | -1,75 | -1,50 | -1,25 | -1,00 | -0,75 | -0,50 | -0,25 | 0,00  | 0,25  |
| 44 | -2,25 | -2,49 | -2,79 | -2,86 | -2,79 | -2,49 | -2,25 | -2,00 | -1,75 | -1,50 | -1,25 | -1,00 | -0,75 | -0,50 | -0,25 | 0,00  |
| 45 | -2,00 | -2,25 | -2,49 | -2,79 | -2,86 | -2,79 | -2,49 | -2,25 | -2,00 | -1,75 | -1,50 | -1,25 | -1,00 | -0,75 | -0,50 | -0,25 |
| 46 | -1,75 | -2,00 | -2,25 | -2,49 | -2,79 | -2,86 | -2,79 | -2,49 | -2,25 | -2,00 | -1,75 | -1,50 | -1,25 | -1,00 | -0,75 | -0,50 |
| 47 | -1,50 | -1,75 | -2,00 | -2,25 | -2,49 | -2,79 | -2,86 | -2,79 | -2,49 | -2,25 | -2,00 | -1,75 | -1,50 | -1,25 | -1,00 | -0,75 |
| 48 | -1,25 | -1,50 | -1,75 | -2,00 | -2,25 | -2,49 | -2,79 | -2,86 | -2,79 | -2,49 | -2,25 | -2,00 | -1,75 | -1,50 | -1,25 | -1,00 |

## Continuación Anexo 5.2

| <i>p</i> | 17    | 18    | 19    | 20    | 21    | 22    | 23    | 24    | 25    | 26    | 27    | 28    | 29    | 30    | 31    | 32    |
|----------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| 1        | -1,00 | -1,25 | -1,50 | -1,75 | -2,00 | -2,25 | -2,49 | -2,79 | -2,86 | -2,79 | -2,49 | -2,25 | -2,00 | -1,75 | -1,50 | -1,25 |
| 2        | -0,75 | -1,00 | -1,25 | -1,50 | -1,75 | -2,00 | -2,25 | -2,49 | -2,79 | -2,86 | -2,79 | -2,49 | -2,25 | -2,00 | -1,75 | -1,50 |
| 3        | -0,50 | -0,75 | -1,00 | -1,25 | -1,50 | -1,75 | -2,00 | -2,25 | -2,49 | -2,79 | -2,86 | -2,79 | -2,49 | -2,25 | -2,00 | -1,75 |
| 4        | -0,25 | -0,50 | -0,75 | -1,00 | -1,25 | -1,50 | -1,75 | -2,00 | -2,25 | -2,49 | -2,79 | -2,86 | -2,79 | -2,49 | -2,25 | -2,00 |
| 5        | 0,00  | -0,25 | -0,50 | -0,75 | -1,00 | -1,25 | -1,50 | -1,75 | -2,00 | -2,25 | -2,49 | -2,79 | -2,86 | -2,79 | -2,49 | -2,25 |
| 6        | 0,25  | 0,00  | -0,25 | -0,50 | -0,75 | -1,00 | -1,25 | -1,50 | -1,75 | -2,00 | -2,25 | -2,49 | -2,79 | -2,86 | -2,79 | -2,49 |
| 7        | 0,50  | 0,25  | 0,00  | -0,25 | -0,50 | -0,75 | -1,00 | -1,25 | -1,50 | -1,75 | -2,00 | -2,25 | -2,49 | -2,79 | -2,86 | -2,79 |
| 8        | 0,75  | 0,50  | 0,25  | 0,00  | -0,25 | -0,50 | -0,75 | -1,00 | -1,25 | -1,50 | -1,75 | -2,00 | -2,25 | -2,49 | -2,79 | -2,86 |
| 9        | 1,00  | 0,75  | 0,50  | 0,25  | 0,00  | -0,25 | -0,50 | -0,75 | -1,00 | -1,25 | -1,50 | -1,75 | -2,00 | -2,25 | -2,49 | -2,79 |
| 10       | 1,25  | 1,00  | 0,75  | 0,50  | 0,25  | 0,00  | -0,25 | -0,50 | -0,75 | -1,00 | -1,25 | -1,50 | -1,75 | -2,00 | -2,25 | -2,49 |
| 11       | 1,50  | 1,25  | 1,00  | 0,75  | 0,50  | 0,25  | 0,00  | -0,25 | -0,50 | -0,75 | -1,00 | -1,25 | -1,50 | -1,75 | -2,00 | -2,25 |
| 12       | 1,75  | 1,50  | 1,25  | 1,00  | 0,75  | 0,50  | 0,25  | 0,00  | -0,25 | -0,50 | -0,75 | -1,00 | -1,25 | -1,50 | -1,75 | -2,00 |
| 13       | 2,00  | 1,75  | 1,50  | 1,25  | 1,00  | 0,75  | 0,50  | 0,25  | 0,00  | -0,25 | -0,50 | -0,75 | -1,00 | -1,25 | -1,50 | -1,75 |
| 14       | 2,25  | 2,00  | 1,75  | 1,50  | 1,25  | 1,00  | 0,75  | 0,50  | 0,25  | 0,00  | -0,25 | -0,50 | -0,75 | -1,00 | -1,25 | -1,50 |
| 15       | 2,51  | 2,25  | 2,00  | 1,75  | 1,50  | 1,25  | 1,00  | 0,75  | 0,50  | 0,25  | 0,00  | -0,25 | -0,50 | -0,75 | -1,00 | -1,25 |
| 16       | 2,71  | 2,51  | 2,25  | 2,00  | 1,75  | 1,50  | 1,25  | 1,00  | 0,75  | 0,50  | 0,25  | 0,00  | -0,25 | -0,50 | -0,75 | -1,00 |
| 17       | 3,14  | 2,71  | 2,51  | 2,25  | 2,00  | 1,75  | 1,50  | 1,25  | 1,00  | 0,75  | 0,50  | 0,25  | 0,00  | -0,25 | -0,50 | -0,75 |
| 18       | 2,71  | 3,14  | 2,71  | 2,51  | 2,25  | 2,00  | 1,75  | 1,50  | 1,25  | 1,00  | 0,75  | 0,50  | 0,25  | 0,00  | -0,25 | -0,50 |
| 19       | 2,51  | 2,71  | 3,14  | 2,71  | 2,51  | 2,25  | 2,00  | 1,75  | 1,50  | 1,25  | 1,00  | 0,75  | 0,50  | 0,25  | 0,00  | -0,25 |
| 20       | 2,25  | 2,51  | 2,71  | 3,14  | 2,71  | 2,51  | 2,25  | 2,00  | 1,75  | 1,50  | 1,25  | 1,00  | 0,75  | 0,50  | 0,25  | 0,00  |
| 21       | 2,00  | 2,25  | 2,51  | 2,71  | 3,14  | 2,71  | 2,51  | 2,25  | 2,00  | 1,75  | 1,50  | 1,25  | 1,00  | 0,75  | 0,50  | 0,25  |
| 22       | 1,75  | 2,00  | 2,25  | 2,51  | 2,71  | 3,14  | 2,71  | 2,51  | 2,25  | 2,00  | 1,75  | 1,50  | 1,25  | 1,00  | 0,75  | 0,50  |
| 23       | 1,50  | 1,75  | 2,00  | 2,25  | 2,51  | 2,71  | 3,14  | 2,71  | 2,51  | 2,25  | 2,00  | 1,75  | 1,50  | 1,25  | 1,00  | 0,75  |
| 24       | 1,25  | 1,50  | 1,75  | 2,00  | 2,25  | 2,51  | 2,71  | 3,14  | 2,71  | 2,51  | 2,25  | 2,00  | 1,75  | 1,50  | 1,25  | 1,00  |
| 25       | 1,00  | 1,25  | 1,50  | 1,75  | 2,00  | 2,25  | 2,51  | 2,71  | 3,14  | 2,71  | 2,51  | 2,25  | 2,00  | 1,75  | 1,50  | 1,25  |
| 26       | 0,75  | 1,00  | 1,25  | 1,50  | 1,75  | 2,00  | 2,25  | 2,51  | 2,71  | 3,14  | 2,71  | 2,51  | 2,25  | 2,00  | 1,75  | 1,50  |
| 27       | 0,50  | 0,75  | 1,00  | 1,25  | 1,50  | 1,75  | 2,00  | 2,25  | 2,51  | 2,71  | 3,14  | 2,71  | 2,51  | 2,25  | 2,00  | 1,75  |

|    |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
|----|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| 28 | 0,25  | 0,50  | 0,75  | 1,00  | 1,25  | 1,50  | 1,75  | 2,00  | 2,25  | 2,51  | 2,71  | 3,14  | 2,71  | 2,51  | 2,25  | 2,00  |
| 29 | 0,00  | 0,25  | 0,50  | 0,75  | 1,00  | 1,25  | 1,50  | 1,75  | 2,00  | 2,25  | 2,51  | 2,71  | 3,14  | 2,71  | 2,51  | 2,25  |
| 30 | -0,25 | 0,00  | 0,25  | 0,50  | 0,75  | 1,00  | 1,25  | 1,50  | 1,75  | 2,00  | 2,25  | 2,51  | 2,71  | 3,14  | 2,71  | 2,51  |
| 31 | -0,50 | -0,25 | 0,00  | 0,25  | 0,50  | 0,75  | 1,00  | 1,25  | 1,50  | 1,75  | 2,00  | 2,25  | 2,51  | 2,71  | 3,14  | 2,71  |
| 32 | -0,75 | -0,50 | -0,25 | 0,00  | 0,25  | 0,50  | 0,75  | 1,00  | 1,25  | 1,50  | 1,75  | 2,00  | 2,25  | 2,51  | 2,71  | 3,14  |
| 33 | -1,00 | -0,75 | -0,50 | -0,25 | 0,00  | 0,25  | 0,50  | 0,75  | 1,00  | 1,25  | 1,50  | 1,75  | 2,00  | 2,25  | 2,51  | 2,71  |
| 34 | -1,25 | -1,00 | -0,75 | -0,50 | -0,25 | 0,00  | 0,25  | 0,50  | 0,75  | 1,00  | 1,25  | 1,50  | 1,75  | 2,00  | 2,25  | 2,51  |
| 35 | -1,50 | -1,25 | -1,00 | -0,75 | -0,50 | -0,25 | 0,00  | 0,25  | 0,50  | 0,75  | 1,00  | 1,25  | 1,50  | 1,75  | 2,00  | 2,25  |
| 36 | -1,75 | -1,50 | -1,25 | -1,00 | -0,75 | -0,50 | -0,25 | 0,00  | 0,25  | 0,50  | 0,75  | 1,00  | 1,25  | 1,50  | 1,75  | 2,00  |
| 37 | -2,00 | -1,75 | -1,50 | -1,25 | -1,00 | -0,75 | -0,50 | -0,25 | 0,00  | 0,25  | 0,50  | 0,75  | 1,00  | 1,25  | 1,50  | 1,75  |
| 38 | -2,25 | -2,00 | -1,75 | -1,50 | -1,25 | -1,00 | -0,75 | -0,50 | -0,25 | 0,00  | 0,25  | 0,50  | 0,75  | 1,00  | 1,25  | 1,50  |
| 39 | -2,49 | -2,25 | -2,00 | -1,75 | -1,50 | -1,25 | -1,00 | -0,75 | -0,50 | -0,25 | 0,00  | 0,25  | 0,50  | 0,75  | 1,00  | 1,25  |
| 40 | -2,79 | -2,49 | -2,25 | -2,00 | -1,75 | -1,50 | -1,25 | -1,00 | -0,75 | -0,50 | -0,25 | 0,00  | 0,25  | 0,50  | 0,75  | 1,00  |
| 41 | -2,86 | -2,79 | -2,49 | -2,25 | -2,00 | -1,75 | -1,50 | -1,25 | -1,00 | -0,75 | -0,50 | -0,25 | 0,00  | 0,25  | 0,50  | 0,75  |
| 42 | -2,79 | -2,86 | -2,79 | -2,49 | -2,25 | -2,00 | -1,75 | -1,50 | -1,25 | -1,00 | -0,75 | -0,50 | -0,25 | 0,00  | 0,25  | 0,50  |
| 43 | -2,49 | -2,79 | -2,86 | -2,79 | -2,49 | -2,25 | -2,00 | -1,75 | -1,50 | -1,25 | -1,00 | -0,75 | -0,50 | -0,25 | 0,00  | 0,25  |
| 44 | -2,25 | -2,49 | -2,79 | -2,86 | -2,79 | -2,49 | -2,25 | -2,00 | -1,75 | -1,50 | -1,25 | -1,00 | -0,75 | -0,50 | -0,25 | 0,00  |
| 45 | -2,00 | -2,25 | -2,49 | -2,79 | -2,86 | -2,79 | -2,49 | -2,25 | -2,00 | -1,75 | -1,50 | -1,25 | -1,00 | -0,75 | -0,50 | -0,25 |
| 46 | -1,75 | -2,00 | -2,25 | -2,49 | -2,79 | -2,86 | -2,79 | -2,49 | -2,25 | -2,00 | -1,75 | -1,50 | -1,25 | -1,00 | -0,75 | -0,50 |
| 47 | -1,50 | -1,75 | -2,00 | -2,25 | -2,49 | -2,79 | -2,86 | -2,79 | -2,49 | -2,25 | -2,00 | -1,75 | -1,50 | -1,25 | -1,00 | -0,75 |
| 48 | -1,25 | -1,50 | -1,75 | -2,00 | -2,25 | -2,49 | -2,79 | -2,86 | -2,79 | -2,49 | -2,25 | -2,00 | -1,75 | -1,50 | -1,25 | -1,00 |

## **SOBRE EL AUTOR**

Tulio César Lagos Burbano es del Sur de Colombia. Nació en Pasto, departamento de Nariño, el 1 de mayo de 1962. Su interés en el campo de la investigación se ha enfocado en el mejoramiento genético de frutales de la familia Solanaceae de origen andino. Su pasión desde joven por la agricultura, lo llevó a realizar su carrera de Ingeniería Agronómica en la Universidad de Nariño. Entre 1987 y 1988, hizo sus estudios de especialización en Ecología. En 1990 ingresó como profesor hora cátera en los departamentos de Biología, Producción y Sanidad Vegetal de la Universidad de Nariño. Desde 1994 es profesor de tiempo completo. Hoy en día se desempeña como Profesor Titular adscrito al departamento de Recursos Naturales y Sistemas Agroforestales de la Facultad de Ciencias Agrícolas, donde ha asumido las cátedras de biometría, genética y fitomejoramiento.

Sus estudios de postgrado los realizó en la Universidad Nacional de Colombia – Sede Palmira. En 1997 se graduó como Magister en Ciencias Agrarias con énfasis en Fitomejoramiento con la Tesis: “Avance generacional y selección de líneas promisorias de pimentón *C. annuum* L., en los municipios de Palmira y Candelaria, departamento del Valle” y en el 2006 obtuvo su título de Doctor en Ciencias Agrarias: área de énfasis Fitomejoramiento con la Tesis: “Biología reproductiva, citogenética, diversidad genética y heterosis en parentales de uvilla o uchuva *Physalis peruviana* L.”.

Durante su vida académica en la Universidad de Nariño fue Decano de la Facultad de Ciencias Agrícolas entre 2007 y 2012, miembro del Comité de investigaciones (2002-2003), del Consejo Académico (2008-2010), del Consejo Fondo de Salud (2006-2011) y del Consejo de la Facultad de Ciencias Agrícolas (2006-2008). Además, fue fundador y líder del Grupo

de Investigación en Producción de Frutales Andinos (GPFA), director de la Revista de Ciencias Agrícolas, miembro de la Asociación colombiana de Fitomejoramiento y Producción de Cultivos, obtentor de las variedades mejoradas en lulo (*Solanum quitoense* Lam.) Udenar Lobo y Udenar Venteño, de tomate de árbol (*Solanum betaceum* Cav.) Udenar Contadero y Udenar Arboleda. Por sus contribuciones al conocimiento, recibió el Premio Daniel Sarria Villano al mejor trabajo presentado en el VII Congreso de la Sociedad Colombiana de Fitomejoramiento y Producción de Cultivos (Ibagué 2001), además obtuvo el primer puesto y mención de honor al mejor Poster, presentado en el XII Congreso Nacional de Fitomejoramiento y Producción de Cultivos de la Asociación Colombiana de Fitomejoramiento y Producción de Cultivos (Montería, 2011) y el primer puesto al mejor trabajo presentado en el XIII Congreso Nacional de la Asociación Nacional de Fitomejoramiento y Producción de Cultivos (Mosquera, Cundinamarca, 2013). También ha aportado en la difusión del conocimiento a través de sus publicaciones en revistas indexadas, libros de investigación y seminarios en eventos científicos de carácter nacional e internacional.



**Editorial**  
Universidad de Nariño





El propósito principal de este libro es desarrollar los principios estadísticos del análisis de datos y la aplicación de software en diferentes áreas del fitomejoramiento y la genética cuantitativa para la toma de decisiones basadas en la función productiva de los cultivos, la cual está dada por  $F = G + A + G \times A$ , donde:  $F$  = fenotipo,  $G$  = genotipo,  $A$  = ambiente y  $G \times A$  = interacción genotipo por ambiente. Los procedimientos estadísticos utilizados en los procesos de evaluación parental y selección de progenie son básicos para cumplir con la compleja tarea de identificar genotipos superiores a partir de la variación genética depositada en las colecciones de trabajo. La correlación entre la variación fenotípica y genotípica en caracteres de importancia agronómica se ve afectada por la variabilidad ambiental. La estimación del grado de asociación entre genotipo y fenotipo se da a través de la heredabilidad, la cual está ampliamente descrita con base en resultados de investigaciones realizadas en especies como *Physalis peruviana* y *Solanum tuberosum*. En este sentido, el libro abarca varias metodologías para estimar no solo los componentes de la varianza y la heredabilidad, sino también otros modelos estadísticos y diseños genéticos, como estudios básicos que permiten el análisis de rasgos cuantitativos en poblaciones segregantes para su selección.

El conocimiento de las relaciones entre los rasgos agronómicos es importante para tomar decisiones en los esquemas de selección de un programa de fitomejoramiento. Por lo tanto, se desarrollan conceptos de análisis de correlación y trayectoria en variables cuantitativas asociadas al rendimiento y tamaño de fruto en *Solanum betaceum* Cav. El trabajo del mejorador no termina con la identificación de genotipos superiores. Consecutivamente, es necesario establecer estrategias de aprovechamiento de estos genotipos para contribuir a la sostenibilidad y desarrollo de los sistemas productivos, además de lograr el bienestar del agricultor. Identificar una variedad o un híbrido que supera claramente el material genético utilizado por el agricultor es el objetivo del mejorador, por lo tanto, la selección de líneas puras que, al cruzarse, producen un patrón heterótico para la producción. En consecuencia, es fundamental determinar el potencial genético de las líneas o progenitores que al cruzarse expresan un valor de combinatoria no sólo para producir híbridos, sino también para producir variedades. En este punto, el libro desarrolla los elementos teóricos y los procesos de análisis estadístico para establecer el parámetro genético en los materiales genéticos evaluados. Los estudios de adaptabilidad y estabilidad de los productos del proceso de selección son definitivos para entregar los materiales genéticos mejorados a los agricultores. El libro de investigación presenta los diferentes procesos estadísticos de las metodologías más frecuentes inherentes a estos análisis en datos de investigaciones realizadas en lulo (*Solanum quitoense* Lam.)



Universidad de Nariño  
FUNDADA EN 1904

ai

Universidad de Nariño  
ACREDITADA DE ALTA CALIDAD  
RESOLUCIÓN MEN 10567 - MAYO 23 DE 2017

Editorial  
Universidad de Nariño