

UN ALGORITMO PARA EL ANÁLISIS, ESTIMACIÓN Y PREDICCIÓN EN EXPERIMENTOS DIALÉLICOS BALANCEADOS

AN ALGORITHM TO ANALYSE, ESTIMATE AND PREDICT ON BALANCED DIALLEL EXPERIMENTS

Ángel Agustín Mastache Lagunas^{1*} y Ángel Martínez Garza²

¹ Centro de Estudios Profesionales, Colegio Superior Agropecuario del Estado de Guerrero. Centro de Estudios Profesionales. Av. Vicente Guerrero 81 primer piso, C.P. 40000 Iguala, Gro. Tel. y Fax 01(733) 332-4328. Correo electrónico: gama32@starmedia.com. ² Instituto de Socioeconomía, Estadística e Informática. Programa de Estadística, Colegio de Postgraduados. Km 36.5 Carr. México-Texcoco, C.P. 56230 Montecillo Edo. de México. Tel y Fax 01 (595) 951-0194.

* Autor responsable

RESUMEN

Los diseños de cruas dialélicas se utilizan en investigaciones sobre el mejoramiento de plantas y animales, con el fin de generar información experimental que permita evaluar diferentes aspectos genéticos asociados con un conjunto de progenitores. Los investigadores se han enfrentado a diversos casos particulares del modelo lineal, los cuales dependen de los términos, fijos o aleatorios, considerados en él. En la teoría clásica, se describen las metodologías de análisis bajo los modelos I y II, este último llamado modelo de componentes de varianza. Una tercer forma de inferencia, la predicción de combinaciones lineales entre componentes de efectos fijos y aleatorios o simplemente aleatorios, ha mostrado tener importantes ventajas sobre los estimadores obtenidos a partir del modelo de efectos fijos. La mayoría de los algoritmos disponibles, analizan estos experimentos bajo los dos primeros modelos, o bien considerando la tercer posibilidad en diversas situaciones, en diseño de bloques completos al azar; a pesar de ello, el análisis suele ser complicado y con frecuencia, el diseño utilizado es el completamente al azar. En este trabajo se obtiene un algoritmo integrado en SAS-IML, para efectuar el análisis de experimentos de cruas dialélicas balanceados, con o sin el ensayo de las cruas recíprocas, parciales o completos, establecidos en diseño completamente al azar o en bloques al azar. El algoritmo considera la estimación o predicción de parámetros en los casos en que los componentes genéticos y ambientales en el modelo, se consideran fijos o aleatorios.

Palabras clave: Modelo lineal, componentes fijos y aleatorios, cruas dialélicas, diseños parciales y completos, algoritmo computacional.

SUMMARY

Diallel crosses designs are used on investigations in plant and animal breeding. The aim is to generate experimental information allowing to evaluate different genetical aspects in relationship with a set of parents. Researchers have selected some particular cases of the general linear model, with fixed or random effects. In classical theory, the methodologies for analyzing this kind of experiments are described under models I and II, this last model called a variance components model. A third kind of inference, the prediction of linear

combinations of fixed and random components (or only among random components), has important advantages in comparison with the estimators obtained with the fixed effects model. Most of the available algorithms, analyze these experiments considering either the first two models, or the third possibility in different cases, under complete randomized blocks design. However, these analyses are usually complicated and the completely randomized design is frequently used. In this paper an integrated computational algorithm is presented in SAS-IML, in order to analyze balanced experiments of diallel crosses, with or without the inclusion of reciprocal crosses, and laid out either in completely randomized design or in randomized blocks design. The algorithm considers the estimation or parameters prediction of in cases where the genetical and environmental components in the model, are considered either as fixed or as random effects.

Index words: Linear model, fixed and random components, diallel crosses, partial and complete designs, computational algorithm.

INTRODUCCIÓN

Los diseños de tratamientos de cruas dialélicas son utilizados en investigaciones sobre mejoramiento en plantas y animales para obtener información experimental que permita evaluar aspectos genéticos asociados con un conjunto de p progenitores. En el área vegetal, en las últimas cuatro décadas estos diseños han proporcionado información sobre los efectos de aptitud combinatoria general y específica, efectos maternos y recíprocos, además de sus componentes de varianza, importantes para la toma de decisiones en el plan de mejoramiento a seguir y en la selección de materiales para los programas de mejoramiento.

Sin embargo, el análisis estadístico de estos diseños suele ser complicado. En la actualidad existen programas de cómputo que tratan algunos aspectos de las cruas dialélicas, entre los que se encuentran los desarrollados por

Schaffer y Usanis (1989), Burow y Coors (1994), Magari y Kang (1994) y Zhang y Kang (1997), así como los de Martínez (1983, 1991). La característica principal de estos programas es que la estimación de los efectos genéticos y ambientales se realiza bajo la estructura del modelo de efectos fijos, y en la estimación de las componentes de varianza, en su caso, se considera el modelo de efectos aleatorios, pero en la mayoría de las aplicaciones estos componentes son de naturaleza aleatoria.

Al considerar la aleatoriedad de estos componentes, en el diseño de bloques completos al azar, recientemente Mastache *et al.* (1998a, 1998b, 1999a, 1999b) con la metodología desarrollada por Henderson (1975, 1984), Harville (1976) y Harville y Carriquiry (1992), obtuvieron los mejores predictores lineales e insesgados (MPLI) empíricos de los efectos de los progenitores, y generaron programas computacionales que permiten el análisis de los experimentos que ensayan cruzas dialélicas. Sin embargo, por la variedad de programas, los usuarios con poco entrenamiento en estos análisis tienen dificultad para hacer uso de ellos; además, en varias investigaciones, el diseño experimental utilizado es el completamente aleatorio.

De acuerdo con lo anterior, para los experimentos dialélicos balanceados en un diseño experimental completamente al azar o en bloques al azar, se proyectó la obtención de un algoritmo computacional integrado para su análisis simultáneo y la obtención de los estimadores de los parámetros, para los casos en que los componentes genéticos y ambientales en el modelo sean considerados fijos o aleatorios.

MARCO TEÓRICO

Se denominan cruzas dialélicas a las cruzas simples que pueden lograrse entre los elementos de un conjunto básico de p líneas progenitoras (Griffing, 1956). Los diseños de tratamientos de cruzas dialélicas son aquellos que permiten seleccionar las cruzas que deben incluirse en un determinado experimento (Mastache, 1998b); y como experimentos dialélicos, aquellos que ensayan un cierto conjunto de cruzas dialélicas (Martínez, 1983).

Una de las primeras clasificaciones relacionadas con este tipo de experimentos, fue a través de la consideración de los diseños completos y los diseños parciales de cruzas dialélicas. Los diseños completos comprenden el ensayo de todas las cruzas simples que es posible realizar entre p progenitores y fueron introducidos formalmente por Griffing (1956). En plantas de reproducción sexual es posible efectuar cruzas dialélicas tales como autofecundaciones, cruzas directas y cruzas recíprocas; en función de éstas, Griffing (1956) propuso cuatro diseños básicos. Cuando el

número de progenitores seleccionado es elevado, resulta impráctica la evaluación de todas las cruzas simples entre ellos. Los diseños parciales, atienden este problema mediante el ensayo de una muestra de las cruzas que son posible realizar entre los p progenitores; estos diseños pueden ser simétricos o asimétricos; en el primer caso, los progenitores participan en el mismo número de cruzas; y en el segundo al menos uno de ellos participa en un número diferente de cruzas.

Cuando no se ensayan las cruzas recíprocas, se han propuesto diversas estrategias para generar diseños de tratamientos simétricos, entre las cuales destacan las de Kempthorne y Curnow (1961), Fyfe y Gilbert (1963), Curnow (1963) y las de Rojas (1973). Según Martínez (1983), para estudiar el efecto materno se puede seleccionar algún diseño dialélico parcial simétrico y proyectar las cruzas recíprocas correspondientes; de esta manera se genera un experimento en el cual los efectos de aptitud combinatoria general y específica son ortogonales a los efectos maternos y recíprocos.

En estos experimentos se parte del supuesto de la existencia de una población de progenitores, a partir de la cual se obtiene una muestra aleatoria de tamaño p , y de las cruzas simples que es posible generar entre ellos se ensayan t , todas o un subconjunto de ellas. Así, se tiene en general que $t \leq p^2$.

De acuerdo con Martínez (1983, 1991), el modelo lineal apropiado para realizar el análisis de los experimentos dialélicos parciales o completos, establecidos en diseño de bloques completos al azar, es:

$$n_{ij} y_{ijk} = n_{ij} (\mu + g_i + g_j + s_{ij} + m_i - m_j + l_{ij} + \delta_k + e_{ijk}) \quad (\text{Ec. 1})$$

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

donde $n_{ij} = 1$ si la craza (i, j) participa en el experimento, y $n_{ij} = 0$ en caso contrario. Además, y_{ijk} es el valor fenotípico observado de la craza (i, j) en el bloque k ; μ , un efecto común a todas las observaciones; g_i , el efecto de aptitud combinatoria general del progenitor i ; s_{ij} , el efecto de aptitud combinatoria específica de la craza (i, j) ; m_i , el efecto materno del progenitor i ; l_{ij} , el efecto recíproco de la craza (i, j) ; δ_k , el efecto del bloque k ; y e_{ijk} , el efecto aleatorio del error correspondiente a la observación (i, j, k) . Los términos g_i , s_{ij} , m_i , l_{ij} y e_{ijk} se consideran como variables aleatorias normales no correlacionadas entre y dentro de ellas, con media cero y

varianzas σ_g^2 , σ_s^2 , σ_m^2 , σ_l^2 y σ_e^2 respectivamente, con $s_{ij} = s_{ji}$ y $l_{ij} = -l_{ji}$. El modelo completo especificado en (Ec. 1), es adecuado para la estimación o predicción de efectos maternos; cuando estos efectos no interesan, la interpretación de los resultados de un experimento dialélico se basa en el modelo reducido

$$n_{ij} y_{ijk} = n_{ij} (\mu + g_i + g_j + s_{ij} + \delta_k + e_{ijk}) \quad (\text{Ec. 2})$$

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

El modelo lineal bajo el diseño completamente al azar balanceado, es similar a los mencionados en las Ecs. 1 y 2, con la única diferencia de que desaparece el término correspondiente a bloques (δ_k).

Es factible simplificar los modelos 1 y 2 para analizar los méritos genéticos asociados a las cruzas, mediante el uso de sus valores medios; así, la representación de estos modelos adquiere la forma simple

$$n_{ij} \bar{y}_{ij.} = n_{ij} (\mu + g_i + g_j + s_{ij} + m_i - m_j + l_{ij} + \bar{e}_{ij.}) \quad (\text{Ec. 3})$$

y

$$n_{ij} (\bar{y}_{ij.} = \mu + g_i + g_j + s_{ij} + \bar{e}_{ij.}) \quad (\text{Ec. 4})$$

respectivamente.

Partiendo de estos modelos (Ecs. 3 y 4) y mediante un enfoque matricial, Mastache *et al.* (1998a, 1998b, 1999a, 1999b) generalizaron los procedimientos de análisis y construyeron algoritmos computacionales en experimentos dialélicos con y sin el ensayo de las cruzas recíprocas, en diseño experimental de bloques completos al azar.

En el presente algoritmo computacional se utilizan los resultados obtenidos por los autores mencionados, al clasificar a los diseños de cruzas dialélicas en dos grupos básicos; en el primero se incluyen los diseños que ensayan las cruzas recíprocas, y en el segundo a aquéllos que no las ensayan. En esta clasificación quedan contenidos tanto los diseños parciales como los completos.

En forma matricial, los mejores predictores lineales e insesgados (MPLI) de los efectos de aptitud combinatoria general (g) y efectos maternos (m), cuando se ensayan las cruzas recíprocas, tienen la forma general

$$\hat{g} = \left[Z_p' R^{-1} Z_p + G_p^{-1} \right]^{-1} \left[Z_p' R^{-1} y^* - Z_p' R^{-1} j \hat{\mu} \right] \quad (\text{Ec. 5})$$

y

$$\hat{m} = \left[Z_m' (R^*)^{-1} Z_m + G_m^{-1} \right]^{-1} Z_m' (R^*)^{-1} y^{**} \quad (\text{Ec. 6})$$

los cuales, se derivan de las ecuaciones normales

$$\underbrace{\begin{bmatrix} j' R^{-1} j & j' R^{-1} Z_p \\ Z_p' R^{-1} j & Z_p' R^{-1} Z_p + G_p^{-1} \end{bmatrix}}_{C_g} \begin{bmatrix} \hat{\mu} \\ \hat{g} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} j' R^{-1} y^* \\ Z_p' R^{-1} y^* \end{bmatrix} \quad (\text{Ec. 7})$$

y

$$\underbrace{\left[Z_m' (R^*)^{-1} Z_m + G_m^{-1} \right]}_{C_m} \begin{bmatrix} \hat{m} \end{bmatrix} = \left[Z_m' (R^*)^{-1} y^{**} \right] \quad (\text{Ec. 8})$$

En estas expresiones, y^* y y^{**} son vectores de dimensión $t \times 1$ que contienen los términos $y_{ij.}^* = \frac{1}{2}(\bar{y}_{ij.} + \bar{y}_{ji.})$ y $y_{ij.}^{**} = \frac{1}{2}(\bar{y}_{ij.} - \bar{y}_{ji.})$, respectivamente;

$\bar{y}_{ij.}$ es la media aritmética de la craza (i, j); Z_p y Z_m son las matrices diseño que reflejan la participación de los progenitores en las diferentes cruzas muestreadas y su dimensión es $t \times p$, $\hat{\mu} = (j' R^{-1} j)^{-1} j' R^{-1} y^*$, $G_p = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_e^2} I_p$,

$G_m = \frac{\sigma_m^2}{\sigma_e^2} I_p$, $R = \frac{\sigma_s^2}{\sigma_e^2} S + \frac{1}{2r} E$, $R^* = \frac{\sigma_l^2}{\sigma_e^2} S^* + \frac{1}{2r} E^*$; j es un vector de unos de dimensión $t \times 1$; I_p es una matriz identidad de dimensión $p \times p$. Además, S es una matriz simétrica $t \times t$ formada por unos en aquellas posiciones en las que la craza es tal que $ij = ij$ o $ij = ji$, y por ceros en caso contrario; la matriz E es similar a la anterior, que se diferencia de ésta por la presencia de un dos en los casos en que se consideran las autofecundaciones; es decir, cuando $i = j$. S^* y E^* son similares a S y E respectivamente, sólo que en S^* los unos fuera de la diagonal son negativos, y en la matriz E^* los términos correspondientes a las autofecundaciones son iguales a cero.

En los diseños de cruzas dialélicas que no consideran el ensayo de las cruzas recíprocas, los MPLI de aptitud combinatoria general se obtienen sustituyendo en la Ec. 5, a

y* simplemente por el vector de medias de las cruzas participantes y a R^{-1} por I_p . Adicionalmente en este caso,

DATOS

$$G_p = \begin{bmatrix} \sigma_g^2 \\ \sigma_e^2 \end{bmatrix} I_p, \text{ con } \sigma_e^2 = \begin{bmatrix} \sigma_e^2 + r \sigma_s^2 \\ r \end{bmatrix}$$

Cuando no se conocen las componentes de la varianza involucradas en la obtención del MPLI de g o de m , se sustituyen por sus respectivos estimadores para obtener el MPLI empírico. De acuerdo con Henderson (1975, 1984), el MPLI es único y la presencia de la matriz G_p^{-1} o G_m^{-1} provoca que tenga mínimo error cuadrático medio con $var(\hat{g} - g) = C_{22} \sigma_e^2$ y $var(\hat{m} - m) = C \sigma_e^2$. Las matrices C_{22} y C se generan de las Ecs. 7 y 8, de la siguiente forma:

$$C_g^- = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} \\ C_{12} & C_{22} \end{bmatrix}, \text{ y } C_m^- = C$$

en donde C_g^- y C_m^- son inversas generalizadas de C_g y C_m .

Bajo el contexto del modelo de efectos fijos, los estimadores de mínimos cuadrados generalizados (EMCG) de aptitud combinatoria general y de los efectos maternos, se obtienen al eliminar los términos G_p^{-1} y G_m^{-1} de las Ecs. 5 y 6, respectivamente (Robinson, 1991).

Estructura del algoritmo computacional

La información completa proveniente de los experimentos de cruzas dialélicas, establecidos en diseño completamente al azar o bloques al azar, debe organizarse en un archivo en SAS de la forma siguiente:

```

OPTIONS PS=60 PAGENO=1 NODATE;

DATA MASTACHE;

INPUT CRUZA I J DIALELO REP Y1 Y2 ...
Yn;

ANGEL=1 ó 2; /* ANGEL=1: DISEÑO COMPLETAMENTE AL AZAR */

/* ANGEL=2: DISEÑO DE BLOQUES AL AZAR */
    
```

“EN ESTA POSICIÓN SE DEBE UBICAR EL ALGORITMO PARA EL ANÁLISIS DE EXPERIMENTOS DE CRUZAS DIALÉLICAS”

Antes de la definición del diseño utilizado, es posible realizar transformaciones u otra opción permisible en SAS. Debe respetarse el nombre del archivo y el orden de las variables especificadas en el comando INPUT, ya que el programa hace uso de ellos. Nótese que en general se tendrán t cruzas, en donde I se refiere al progenitor femenino y J al progenitor masculino con $I=i, J=j, 1 \leq i, j \leq p$, en DIALELO $ij = ji$, REP se refiere a las repeticiones (r); Y_1, Y_2, \dots, Y_n son las variables de respuesta.

Así, la estructura del algoritmo computacional es la siguiente:

- Lectura de la información experimental a partir de un archivo en SAS de nombre MASTACHE, y formación de las matrices diseño comunes a los dos grupos básicos de diseños de cruzas dialélicas.
- Construcción de la matriz diseño de aptitud combinatoria general.
- Selección del grupo básico de cruzas dialélicas utilizado y construcción de las matrices adicionales, necesarias para el análisis de estos diseños.
- Identificación del diseño experimental utilizado.
- Análisis de varianza.
- Estimación de las componentes de varianza.
- Obtención de los estimadores de mínimos cuadrados generalizados (EMCG) y los mejores predictores lineales e insesgados (MPLI) empíricos, de aptitud combinatoria general (ACG) y efectos maternos (EM); en este último caso, cuando se ensayan las cruzas recíprocas.
- Cálculo de las matrices de coeficientes (C_{22} y C).
- Impresión de resultados.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El algoritmo computacional integrado, elaborado en SAS-IML para Windows, con el fin de efectuar el análisis de experimentos dialélicos balanceados y la estimación o predicción de parámetros en los diseños con y sin el ensayo de las cruzas recíprocas, establecidos en diseño experimental completamente al azar o en bloques al azar, se presenta en el Apéndice.

Si por alguna razón en el archivo no se tiene el orden establecido en la sección anterior, es factible corregir esta situación ubicando inmediatamente después de los datos del archivo y antes del algoritmo computacional, el siguiente conjunto de instrucciones

```
DATA MASTACHE;
SET "nombre del archivo";
KEEP CRUZA I J DIALELO REP
Y1 Y2 ... Yn;
ANGEL= 1 ó 2;
```

En el comando SET se debe ubicar el nombre del archivo bajo el que están organizados los datos y, a través del comando KEEP, se ordenan las variables de acuerdo con la forma en que son requeridas por el algoritmo computacional.

La aplicación de este algoritmo, genera una impresión de resultados como la siguiente

ANÁLISIS DE EXPERIMENTOS BALANCEADOS DE CRUZAS DIALÉLICAS

DISEÑO DE BLOQUES AL AZAR

DIALÉLICO PARCIAL SIMÉTRICO-CON C. RECÍPROCAS

N	T	R	P
48	24	2	6

VARIABLE
1

CUADRO 1. ANÁLISIS DE VARIANZA.

FV	GL	SC	CM	F	Pr > F
BLOQUES	1	0.0477541	0.0477541	0.2352396	0.6322532
CRUZAS	23	18.709008	0.8134351	4.0070328	0.0007511
ACG	5	9.1797956	1.8359591	7.3288334	0.0154685
ACE	6	1.5030707	0.2505118	1.2340368	0.3255609
EM	5	5.0405051	1.008101	2.3635516	0.1464349
ER	7	2.9856369	0.4265196	2.1010623	0.0847298
ERROR	23	4.6690429	0.2030019	.	.
TOTAL	47	23.425805	.	.	.
		MEDIA	CV		
		1.92938	23.35250		

ESTIMACIÓN DE LAS COMPONENTES DE VARIANZA

VARE	VARR	VARM	VARS	VARG
0.20300	0.05588	0.03029	0.01188	0.12386
		MU		
		1.92938		

CUADRO 2. ESTIMACIÓN Y PREDICCIÓN DE ACG.

PROG	EMCG	MPLI	EMCG+MU	MPLI+MU
1	-0.28116	-0.25065	1.64822	1.67872
2	-0.57097	-0.48874	1.35841	1.44064
3	0.35419	0.29733	2.28356	2.22671
4	0.30453	0.26931	2.23391	2.19868
5	0.16559	0.16517	2.09497	2.09454
6	0.02781	0.00758	1.95719	1.93696

CUADRO 3. ESTIMACIÓN Y PREDICCIÓN DE EM.

PRG	EMCG	MPLI	EMCG+MU	MPLI+MU
1	-0.34791	-0.19503	1.58147	1.73435
2	-0.25284	-0.13459	1.67653	1.79478
3	0.14919	0.08943	2.07856	2.01881
4	0.14503	0.06717	2.07441	1.99654
5	0.25072	0.13325	2.18009	2.06263
6	0.05581	0.03977	1.98519	1.96914

CUADRO 4. LA MATRIZ DE COEFICIENTES C22 DE ACG.

CCCC					
0.177	0.081	0.081	0.108	0.081	0.081
0.081	0.177	0.081	0.081	0.108	0.081
0.081	0.081	0.177	0.081	0.081	0.108
0.108	0.081	0.081	0.177	0.081	0.081
0.081	0.108	0.081	0.081	0.177	0.081
0.081	0.081	0.108	0.081	0.081	0.177

CUADRO 5. LA MATRIZ DE COEFICIENTES C DE EM.

CCCCC					
0.078	0.016	0.016	0.008	0.016	0.016
0.016	0.078	0.016	0.016	0.008	0.016
0.016	0.016	0.078	0.016	0.016	0.008
0.008	0.016	0.016	0.078	0.016	0.016
0.016	0.008	0.016	0.016	0.078	0.016
0.016	0.016	0.008	0.016	0.016	0.078

En las contribuciones desarrolladas por Mastache *et al.* (1998a, 1998b, 1999a, 1999b), el problema se aborda considerando por separado los diseños balanceados parciales o completos, con o sin el ensayo de cruzas recíprocas, todos ellos bajo la estructura del diseño de bloques al azar. En el presente trabajo se logra compactar los casos anteriores, y se extiende su aplicación a experimentos con el diseño completamente al azar. Lo anterior fue factible debido a que en estos trabajos se detectó que los diseños completos corresponden a un caso particular de los diseños parciales; así, es suficiente con partir de los modelos 3 y 4, los cuales consideran o no el ensayo de cruzas recíprocas. Se conoce también que el efecto de bloques es ortogonal al de las cruzas, lo que permite deducir que los efectos génicos y ambientales asociados a ellas, tienen la misma estructura en los diseños experimentales completamente al azar y bloques al azar. Adicionalmente a la información que se obtiene con los algoritmos anteriores, en este trabajo se logra complementar el análisis de varianza, y se obtiene la “Pr > Fc” en las diversas fuentes de variación.

Los estimadores de las componentes de varianza obtenidos a partir de este algoritmo, son resultado de la aplicación del método III de Henderson (Searle, 1971). Si se desea incorporar estimaciones de estas componentes obtenidas a partir de una metodología diferente a la utilizada en este trabajo, lo único que se tiene que hacer es sustituir estas estimaciones en el programa. Para lograr lo anterior, se deben incluir los valores de las estimaciones en el apartado correspondiente a “ESTIMACIÓN DE LAS COMPONENTES DE VARIANZA”, de acuerdo con el grupo básico de cruzas dialélicas utilizado. Cuando se ensayan las cruzas recíprocas, se deben incorporar los valores respectivos inmediatamente después de la tercer línea de pro-

grama y, cuando no se ensayan las cruzas recíprocas, después de la segunda línea. Es decir,

$$VAR_e = \quad ; VAR_s = \quad ; VAR_g = \quad ; VAR_r = \quad ; VAR_m = \quad ;$$

según sea el caso, las cuales corresponden a las componentes de la varianza del error, de ACE, de ACG, de ER y de EM, respectivamente.

Por otra parte, el programa imprime el valor de **MU**, el cual se obtiene a partir de la estructura del estimador de mínimos cuadrados generalizados del término fijo en el modelo (μ). Este estimador requiere esta estructura en el caso específico en que se consideran las autofecundaciones y el ensayo de las cruzas recíprocas, como en el diseño uno de Griffing (Mastache *et al.*, 1999b); y se reduce al estimador de mínimos cuadrados ordinario (media general) bajo cualquier otra situación (Mastache *et al.* 1998a, 1998b, 1999a).

En los experimentos de cruzas dialélicas, si se consideran aleatorios los efectos de ACG, ACE, EM y ER, se requiere el uso de los mejores predictores lineales e insesgados (MPLI) en lugar de los estimadores de mínimos cuadrados generalizados; puesto que, si se utilizan estos últimos, es posible obtener una subestimación o sobreestimación de los efectos de los progenitores y, en consecuencia, una mayor varianza (Mastache *et al.*, 1998). Si estos términos se consideran como de efectos fijos, entonces los EMCG son los que deben utilizarse; estos estimadores son equivalentes a los EMC en los EM y, con excepción del caso en el que se ensayan las autofecundaciones y las cruzas recíprocas, en la ACG (Mastache *et al.*, 1999b).

Si se desea evaluar contrastes de la forma $\hat{a}'\hat{g}$ o de la forma $\hat{b}'\hat{m}$, en donde \hat{g} y \hat{m} son los vectores que contienen a los MPLI de ACG y EM, respectivamente; \hat{a} y \hat{b} , los vectores de coeficientes proporcionados por el investigador, son tales que $\hat{a}'\hat{a}=0$ y $\hat{b}'\hat{b}=0$; las varianzas asociadas a estos contrastes serán $\hat{a}'C_{22}a\sigma_e^2$ y $\hat{b}'Cb\sigma_e^2$ (Henderson, 1984). El programa proporciona las matrices C_{22} y C , involucradas en las varianzas anteriores, para los MPLI empíricos de ACG y EM. Si se parte del modelo de efectos fijos, las matrices respectivas pueden ser obtenidas al corregir la segunda y cuarta líneas de programa del apartado correspondiente a “LA MATRIZ DE COEFICIENTES”, en el caso en que se ensayan las cruzas recíprocas; ó la segunda línea en el caso en que no se ensayan estas cruzas. La corrección consiste en suprimir los términos INVGp, INVGm en el primer caso, e INVGp en el segundo.

CONCLUSIONES

A través de SAS-IML para Windows fue elaborado un programa de cómputo para analizar en forma integrada experimentos balanceados de cruza dialélicas, con o sin el ensayo de las cruza recíprocas, en los diseños de tratamientos parciales o completos, establecidos en diseño completamente al azar o bloques al azar. A partir del programa se obtienen los siguientes productos:

El análisis de varianza.

Los estimadores de las componentes de varianza, mediante el método III de Henderson.

Los estimadores de mínimos cuadrados generalizados, de los efectos de aptitud combinatoria general y efectos maternos, en el modelo de efectos fijos.

Los mejores predictores lineales e insesgados empíricos, de aptitud combinatoria general y efectos maternos, en el modelo de efectos aleatorios.

Las matrices de coeficientes para la obtención de estimadores de las varianzas de los contrastes de interés, en los predictores de aptitud combinatoria general y efectos maternos.

BIBLIOGRAFÍA

Burow M D, J G Coors (1994) DIALLEL: A microcomputer program for the simulation and analysis of diallel crosses. *Agron. J.* 86:154-158.

Griffing B (1956) A generalized treatment of the use of diallel crosses in quantitative inheritance. *Heredity* 10:31-50.

Curnow R N (1963) Sampling the diallel cross. *Biometrics* 19:287-306.

Fyfe J L, N Gilbert (1963) Partial diallel crosses. *Biometrics* 19:278-286.

Harville D A (1976) Extension of the Gauss-Markov theorem to include the estimation of random effects. *The Annals of Statistics* 4:384-395.

Harville D A, A L Carriquiry (1992) Classical and Bayesian prediction as applied to an unbalanced mixed linear model. *Biometrics* 48:987-1003.

Henderson C R (1975) Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. *Biometrics* 31:423-447.

Henderson C R (1984) Applications of Linear Models in Animal Breeding. Guelph, Canada: University of Guelph. 462 p.

Kempthorne O, R N Curnow (1961) The partial diallel cross. *Biometrics* 17:229-250.

Magari R, M S Kang (1994) Interactive BASIC program for Griffing's diallel analyses. *J. Hered.* 85:336.

Martínez G A (1983) Diseño y análisis de los experimentos de cruza dialélicas. Centro de Estadística y Cálculo, Colegio de Postgraduados, Chapingo, México. 252 p.

Martínez G A (1991) Análisis de los experimentos dialélicos a través del procedimiento IML de SAS. *Comunicaciones en Estadística y Cómputo*, Vol. 10 (2). 36 p.

Mastache L A A, A Martínez G, A Castillo M, F V González C (1998a) Los mejores predictores lineales e insesgados (MPLI) en

experimentos dialélicos parciales sin efectos maternos. *Rev. Fitotec. Mex.* 21:49-60.

Mastache L A A, A Martínez G, A Castillo M (1998b) Los mejores predictores lineales e insesgados (MPLI) en experimentos dialélicos parciales con efectos maternos. *Rev. Fitotec. Mex.* 21:171-184.

Mastache L A A, A Martínez G, A Castillo M (1999a) Los mejores predictores lineales e insesgados (MPLI) en los diseños dos y cuatro de Griffing. *Agrociencia* 33:81-90.

Mastache L A A, A Martínez G, A Castillo M (1999b) Los mejores predictores lineales e insesgados (MPLI) en los diseños uno y tres de Griffing. *Agrociencia* 33:349-359.

Robinson G K (1991) That BLUP is a good thing: The estimation of random effects. *Statist. Sci.* 6(1): 15-51.

Rojas B A (1973) Design and analysis of diallel crosses. Department of experimental Statistics, New Mexico State University. 14 p.

Schaffer H E, R A Usanis (1989) General least squares analysis of diallel experiments: A computer program. *Genetics Dep. Res. Rep.* 1. North Carolina State University, Raleigh.

Searle S R (1971) Topics in variance component estimation. *Biometrics* 27:1-76.

Zhang Y, M S Kang (1997) DIALLEL-SAS: A SAS program for Griffing's diallel analyses. *Agron. J.* 89:176-182.

APÉNDICE

Algoritmo

```
TITLE " ANÁLISIS DE EXPERIMENTOS BALANCEADOS DE
CRUZAS DIALÉLICAS ";

PROC IML;USE MASTACHE; READ ALL INTO MATRIZ;
  CRUZA = MA-
TRIZ[,1];A=MATRIZ[,2];B=MATRIZ[,3];REP=MATRIZ[,5];N=NR
OW(MATRIZ);
  UNO =
J(N,1,1);CERO=J(N,1,0);MDIS=DESIGN(CRUZA);M0=UNO*INV(
UNO`*UNO)*UNO`;
  X =
UNO||MDIS;XX=X`*X;XXIG=GINV(XX);M=X*XXIG*X`;
  BLOQ = DE-
SIGN(REP);W=X||BLOQ;WW=W`*W;WINV=GINV(WW);WWW
=W*WINV*W`;IDEN=I(N);
  T =
NCOL(MDIS);R=MAX(REP);P=MAX(B);NC=NCOL(MATRIZ);J=
UNO;ANGEL=MATRIZ[,NC];
  IF ANY (A=B) THEN Q=1;ELSE Q=0;
  IF ANY (ANGEL=1) THEN PRINT "DISEÑO COMPLETAMENTE
AL AZAR";ELSE
  PRINT "DISEÑO DE BLOQUES AL AZAR";
TITLE " LA MATRIZ DISEÑO Zp ";

  A0=J(N,P,.);B0=J(N,P,.);
  DO AAA=1 TO P;
  DO CCC=1 TO N;
  IF A[CCC,1]=AAA THEN A0[CCC,AAA]=1;ELSE
A0[CCC,AAA]=0;
  IF B[CCC,1]=AAA THEN B0[CCC,AAA]=1;ELSE
B0[CCC,AAA]=0;
  END;
  END;
  AB = A0+B0;Zp= AB; ZpZp= Zp`*Zp;DIAGO=
DIAG(ZpZp);Zii=DIAGO*J(P,1,1);
  X0 =
UNO||AB;X0X0=X0`*X0;X0IG=GINV(X0X0);M0=X0*X0IG*X0`;
```

```

TITLE " DISEÑOS CON EVAL. DE C. RECÍPROCAS ";

IF ANY(B < A) THEN DO;
IF ANY(Zii-Zii[1,1]) > 0.1 THEN PRINT
    "DIALÉLICO PARCIAL ASIMÉTRICO-CON
C. RECÍPROCAS";
ELSE IF 2*R*(2*Q+P-1)-Zii[1,1] > 0.1 THEN PRINT
    "DIALÉLICO PARCIAL SIMÉTRICO-CON C.
RECÍPROCAS";
ELSE IF Q=1 THEN PRINT "DISEÑO 1 DE GRIFFING";ELSE
PRINT "DISEÑO 3 DE GRIFFING";
DIAL = MA-
TRIZ[,4];D=DESIGN(DIAL);DD=D`*D;D0=D*(GINV(DD))*D`;
Zm = A0-
B0;ZmZm=Zm`*Zm;MAB=Zm*GINV(ZmZm)*Zm`;S=D*D`;E=(I
N);Sm=2*(MDIS*MDIS`)-S;
TRA1= TRACE((D0-M0)*E);TRA2=TRACE((D0-
M0)*S);TRA3=TRACE((M0-M00)*E);
TRA4= TRACE((M0-M00)*S);TRA5= TRACE((IDEN-
M00)*Zp*Zp`);TRA6=TRACE((M-D0-MAB)*Sm);
TRA7=TRACE(MAB*Sm);TRA8=TRACE(Zm*Zm`);
PRINT N T R P;

TITLE " ANÁLISIS DE VARIANZA ";

GLt = ROUND(TRACE(GINV((M-M00)*(M-M00))););
IF ANY(ANGEL=1) THEN DO;GLr=.;GLE=N-1-
GLt;END;
IF ANY(ANGEL=2) THEN
DO;GLr=ROUND(TRACE(GINV((WWW-M)*(WWW-M))););
GLE=N-1-GLr-GLt;END;
GLacg = ROUND(TRACE(GINV((M0-M00)*(M0-M00))););
GLace = ROUND(TRACE((GINV(D0-M0)*(D0-M0))););
GLEm = ROUND(TRACE(GINV((MAB)*MAB)));;GLer=GLt-
GLacg-GLace-GLem;
FV = J(8, 5, .);UN=J(P,1,1);PROG=J(P, 4,
.);PPP=J(P,1,.);PRG=PROG;
DO LLL = 1 TO P BY 1;PPP[LLL,1]=LLL;END;
DO F = 6 TO (NC-1) BY 1;
VARIABLE = F-5;
Y = MATRIZ[,F];
FC = Y`*M00*Y;MEDIA=UNO`*Y/N;SCTOT=Y`*Y-FC;
IF ANY(ANGEL=1) THEN DO;SCE=Y`*(IDEN-
M)*Y;CME=SCE/GLE;
SCB=.;CMB=.;FBLOQ=.;END;
IF ANY(ANGEL=2) THEN DO;SCE=Y`*(IDEN-
WWW)*Y;CME=SCE/GLE;
SCB=Y`*(WWW-
M)*Y;CMB=SCB/GLr;FBLOQ=CMB/CME;END;
SCCRUZA = (Y`*M*Y)-
FC;CMCRUZA=SCCRUZA/GLt;FCRUZA=CMCRUZA/CME;
SCACE = Y`*(D0-
M0)*Y;CMACE=SCACE/GLace;FACE=CMACE/CME;
SCACG = (Y`*M0*Y)-
FC;CMACG=SCACG/GLacg;FACG=CMACG/CMACE;
SCEM = Y`*MAB*Y;SCER=SCCRUZA-
(SCACG+SCACE+SCEM);CMEM=SCEM/GLEm;

CMER=SCER/GLer;FEM=CMEM/CMER;FER=CMER/CME;CV=(
CME*.5)*100/MEDIA;
PROBb = 1-PROBF(Fbloq,GLr,GLE);PROBt=1-
PROBF(Fcruza,GLt,GLE);
PROBacg=1-PROBF(Facg,GLacg,GLace);PROBace=1-
PROBF(Face,GLace,GLE);
PROBem=1-PROBF(Fem,GLEm,GLer); PROBer =1-
PROBF(Fer, GLer, GLE);

```

```

FV[1,1] =
GLr;FV[2,1]=GLt;FV[3,1]=GLacg;FV[4,1]=GLace;FV[5,1]=GLEm;
FV[6,1]=GLer;FV[7,1]=GLE;FV[8,1]=N-1;
FV[1,2] =
SCB;FV[2,2]=SCCRUZA;FV[3,2]=SCACG;FV[4,2]=SCACE;FV[5,2
]=SCEM;
FV[6,2]=SCER;FV[7,2]=SCE;FV[8,2]=SCTOT;
FV[1,3] =
CMB;FV[2,3]=CMCRUZA;FV[3,3]=CMACG;FV[4,3]=CMACE;
FV[5,3]=CMEM;FV[6,3]=CMER;FV[7,3]=CME;
FV[1,4] =
FBLOQ;FV[2,4]=FCRUZA;FV[3,4]=FACG;FV[4,4]=FACE;FV[5,4]
=FEM;FV[6,4]=FER;
FV[1,5] =
PROBb;FV[2,5]=PROBt;FV[3,5]=PROBacg;FV[4,5]=PROBace;
FV[5,5]=PROBem;FV[6,5]=PROBer;
CCC = {" GL " "SC" "CM" "F" "Pr > F"};
IF ANY(ANGEL=1) THEN
DDD={" . " "CRUZAS" " ACG" " ACE" " EM" " ER"
"ERROR" "TOTAL"};ELSE
DDD={"BLOQUES" "CRUZAS" " ACG" " ACE" " EM"
" ER" "ERROR" "TOTAL"};
TITLE " ESTIMACIÓN DE LAS COMPONENTES DE VARIANZA ";

VARE = CME;VARs=(GLace*CMace-CME*TRA1)/(TRA2);
VARg = (GLacg*CMacg-VARs*TRA4-CME*TRA3)/(TRA5);
VARr = GLer*(Cmer-CME)/TRA6;VARm=(GLEm*(Cmem-
CME)-VARr*TRA7)/TRA8;
IF VARs > 0 THEN VARs=VARs;ELSE VARs=0;IF VARg > 0
THEN VARg=VARg;ELSE VARg=0;
IF VARr > 0 THEN VARr=VARr;ELSE VARr=0;IF VARm > 0
THEN VARm=VARm;ELSE VARm=0;
RR = (VARs/VARE)*S +
E;GRR=GINV(RR);RI=(VARr/VARE)*Sm + E;GRI=GINV(RI);

TITLE " EMC, EMCG y EL MPLI DE ACG y DE EM ";

MU = INV(J`*GRR*J)*J`*GRR*Y;
EMC = GINV(Zp`*Zp)*Zp`*(Y-
MEDIA*J);EMCG=GINV(Zp`*GRR*Zp)*Zp`*GRR*(Y-MU*J);
IF VARg > 0 THEN INVGp=(VARE/VARg)*I(P);ELSE
INVGp=0*I(P);EMCGMED=EMCG+MU*UN;
MPLI = GINV(Zp`*GRR*Zp+INVGp)*Zp`*GRR*(Y-
MU*J);MPLIMED=MPLI+MU*UN;
PROG[,1]=
EMCG;PROG[,2]=MPLI;PROG[,3]=EMCGMED;PROG[,4]=MPLIM
ED;
EEE = {"EMCG" "MPLI" "EMCG+MU"
"MPLI+MU"};FFF=CHAR(PPP,3,0);
IF VARm > 0 THEN INVGm=(VARE/VARm)*I(P);ELSE
INVGm=0*I(P);;
EMCm =
GINV(Zm`*Zm)*Zm`*Y;EMCGm=GINV(Zm`*GRI*Zm)*Zm`*GRI*
Y;
MPLIm = GINV(Zm`*GRI*Zm+INVGm)*Zm`*GRI*Y;
PRG[,1] =
EMCGm;PRG[,2]=MPLIm;PRG[,3]=EMCGm+MU*UN;PRG[,4]=M
PLIm+MU*UN;

TITLE " LA MATRIZ DE COEFICIENTES: C DE ACG Y EM ";

CC1 = (UNO`*GRR*UNO)| |(UNO`*GRR*Zp);
CC2 =
(UNO`*GRR*Zp)| |(Zp`*GRR*Zp+INVGp);CC3=CC1`| |CC2`;
CCCC = GINV(CC3);GAMA=2.P+1;CCCC=CCCC[GAMA,
GAMA];
CC4 = Zm`*GRI*Zm+INVGm;CCCCC=GINV(CC4);

```



```

TITLE " IMPRESIÓN DE RESULTADOS ";

PRINT VARIABLE;
PRINT "CUADRO 1. ANÁLISIS DE VARIANZA.";PRINT
FV[ROWNAME=DDD COLNAME=CCC];
PRINT MEDIA[FORMAT= 12.5] CV[FORMAT= 12.5];PRINT
;;
PRINT " ESTIMACIÓN DE LAS COMPONENTES DE VA-
RIANZA";
PRINT VARE[FORMAT=12.5] VARr[FORMAT=12.5]
VARm[FORMAT=12.5]
VARs[FORMAT=12.5] VARg[FORMAT=12.5];
PRINT /;PRINT MU[FORMAT= 12.5];PRINT ,;
PRINT "CUADRO 2. ESTIMACIÓN Y PREDICCIÓN DE ACG.";
PRINT PROG[ROWNAME=FFF COLNAME=EEE FOR-
MAT=12.5];
PRINT ,; PRINT "CUADRO 3. ESTIMACIÓN Y PREDICCIÓN
DE EM.";
PRINT PRG[ROWNAME=FFF COLNAME=EEE FOR-
MAT=12.5];PRINT /;
PRINT "CUADRO 4. LA MATRIZ DE COEFICIENTES C22 DE
ACG.";
PRINT CCCC[FORMAT=7.3];PRINT ,;
PRINT "CUADRO 5. LA MATRIZ DE COEFICIENTES C DE
EM.";
PRINT CCCC[FORMAT=7.3];PRINT /;
END;
END;

TITLE " DISEÑOS SIN EVAL. DE C. RECÍPROCAS ";

IF ALL(B>=A) THEN DO;S=MDIS*MDIS`;
TRA1 = TRACE((M-M0)*S);TRA2=TRACE((M0-
M00)*S);TRA3=TRACE((IDEN-M00)*Zp*Zp`);
QQ=(P-1)*(4*Q+P-2)*R-TRA3;
IF QQ > 0.1 & ANY(Zii-Zii[1,1]) >0.1 THEN PRINT
"DIALÉLICO PARCIAL ASIMÉTRICO-SIN C.
RECÍPROCAS";
ELSE IF QQ>0.1 THEN PRINT "DIALÉLICO PARCIAL SIMÉ-
TRICO-SIN C. RECÍPROCAS";
ELSE IF Q=1 THEN PRINT "DISEÑO 2 DE GRIFFING";ELSE
PRINT "DISEÑO 4 DE GRIFFING";
PRINT N T R P;

TITLE " ANÁLISIS DE VARIANZA ";

GLt = ROUND(TRACE(GINV((M-M00)*(M-M00))););
IF ANY(ANGEL=1) THEN DO;GLr=.;GLE=N-1-
GLt;END;
IF ANY(ANGEL=2) THEN
DO;GLr=ROUND(TRACE(GINV((WWW-M)*(WWW-M))););
GLE=N-1-GLr-GLt;END;
GLacg = ROUND(TRACE(GINV((M0-M00)*(M0-
M00))););GLace=GLt-GLacg;
FV = J(6, 5, .);UN=J(P,1,1);PROG=J(P, 4, .);PPP=J(P,1,.);
DO LLL = 1 TO P BY 1;PPP[LLL,1]=LLL;END;
DO F = 6 TO (NC-1) BY 1;
VARIABLE= F-5;
Y = MATRIZ[,F];
FC = Y`*M00*Y;MEDIA=UNO`*Y/N;SCTOT=Y`*Y-FC;
IF ANY(ANGEL=1) THEN DO;SCE=Y`*(IDEN-
M)*Y;CME=SCE/GLe;
SCB=.;CMB=.;FBLOQ=.;END;
IF ANY(ANGEL=2) THEN DO;SCE=Y`*(IDEN-
WWW)*Y;CME=SCE/GLe;

```

```

SCB=Y`*(WWW-
M)*Y;CMB=SCB/GLr;FBLOQ=CMB/CME;END;
SCCRUZA = (Y`*M*Y)-
FC;CMCRUZA = SCCRUZA/GLt;FCRUZA = CMCRUZA/CME;
SCACG = (Y`*M0*Y)-
FC;CMACG=SCACG/GLacg;CV=(CME**.5)*100/MEDIA;
SCACE = SCCRUZA-
SCACG;CMACE=SCACE/(GLace);FACE=CMACE/CME;FACG=C
MACG/CMAce;
PROBb = 1-PROBF(Fbloq,GLr,GLE);PROBt=1-
PROBF(Fcruza,GLt,GLE);
PROBacg=1-PROBF(Facg,GLacg,GLace);PROBace=1-
PROBF(Face,GLace,GLE);
FV[1,1] =
GLr;FV[2,1]=GLt;FV[3,1]=GLacg;FV[4,1]=GLace;FV[5,1]=GLE;FV
[6,1]=N-1;
FV[1,2] =
SCB;FV[2,2]=SCCRUZA;FV[3,2]=SCACG;FV[4,2]=SCACE;FV[5,2
]=SCE;FV[6,2]=SCTOT;
FV[1,3] =
CMB;FV[2,3]=CMCRUZA;FV[3,3]=CMACG;FV[4,3]=CMACE;FV[
5,3]=CME;
FV[1,4] =
FBLOQ;FV[2,4]=FCRUZA;FV[3,4]=FACG;FV[4,4]=FACE;
FV[1,5] =
PROBb;FV[2,5]=PROBt;FV[3,5]=PROBacg;FV[4,5]=PROBace;
CCC = {" GL " "SC" "CM" "F" "Pr > F"};
IF ANY(ANGEL=1) THEN DDD={" . " "CRUZAS" "
ACG" " ACE" "ERROR" "TOTAL"};
ELSE DDD={"BLOQUES" "CRUZAS" " ACG" "
ACE" "ERROR" "TOTAL"};

TITLE " ESTIMACIÓN DE LAS COMPONENTES DE VARIANZA ";

VARE = CME;VARs=GLace*(CMACE-CME)/TRA1;
VARg = ((GLacg)*(CMACG-CME)-VARs*TRA2)/TRA3;
IF VARs > 0 THEN VARs=VARs;ELSE VARs=0;IF VARg>0
THEN VARg=VARg;ELSE VARg=0;
RR = (VARs/VARE)*S + I(N);GRR=GINV(RR);

TITLE " EMC, EMCG Y EL MPLI DE ACG ";

MU = INV(J`*GRR*J)*J`*GRR*Y;
EMC = GINV(Zp`*Zp)*Zp`*(Y-
MEDIA*J);EMCG=EMC;EMCGMED=EMCG+MU*UN;
IF VARg > 0 THEN INVGp=(VARE/VARg)*I(P);ELSE
INVGp=0*I(P);
MPLI = GINV(Zp`*GRR*Zp+INVGp)*Zp`*GRR*(Y-
MU*J);MPLIMED=MPLI+MU*UN;
PROG[,1]=
EMCG;PROG[,2]=MPLI;PROG[,3]=EMCGMED;PROG[,4]=MPLIM
ED;
EEE = {"EMCG" "MPLI" "EMCG+MU"
"MPLI+MU"};FFF=CHAR(PPP,3,0);

TITLE " LA MATRIZ DE COEFICIENTES: C DE ACG ";

CC1 = (UNO`*GRR*UNO)| |(UNO`*GRR*Zp);
CC2 =
(UNO`*GRR*Zp)`| |((Zp`*GRR*Zp)+INVGp);CC3=CC1`| |CC2` ;
CCCC = GINV(CC3);GAMA=2:P+1;CCCC=CCCC[GAMA,
GAMA];

TITLE " IMPRESIÓN DE RESULTADOS ";

PRINT VARIABLE;

```

```
PRINT "CUADRO 1. ANÁLISIS DE VARIANZA.";PRINT
FV[ROWNAME=DDD COLNAME=CCC];
PRINT MEDIA[FORMAT=12.5] CV[FORMAT=12.5];PRINT ,;
PRINT " ESTIMACIÓN DE LAS COMPONENTES DE VA-
RIANZA";
PRINT VARE[FORMAT=12.5] VARs[FORMAT=12.5]
VARg[FORMAT=12.5]; PRINT /;
PRINT /;PRINT MU[FORMAT= 12.5];PRINT ,;
PRINT "CUADRO 2. ESTIMACIÓN Y PREDICCIÓN DE ACG.";
PRINT PROG[ROWNAME=FFF COLNAME=EEE FOR
MAT=12.5];PRINT /;
PRINT "CUADRO 3. LA MATRIZ DE COEFICIENTES C22 DE
ACG. ";
PRINT CCCC[FORMAT=7.3];PRINT /;
END;
END;
QUIT;
```