

FORMACION DE HIBRIDOS DE SORGO PARA GRANO.

IV. ESTIMACION DE PARAMETROS GENETICOS MEDIANTE DISEÑOS DE APAREAMIENTO INCOMPLETOS

DEVELOPMENT OF GRAIN SORGHUM HYBRIDS. IV. ESTIMATION OF GENETIC PARAMETERS THROUGH INCOMPLETE MATING DESIGNS

Luis M. Serrano Covarrubias¹, Leopoldo E. Mendoza Onofre² y
Fernando Castillo González²

RESUMEN

Cuando se desea estimar algunos parámetros genéticos empleando diseños de apareamiento, con frecuencia el fitomejorador se enfrenta al problema de no contar con semilla suficiente de algunos cruza- mientos. En este estudio se evaluaron los cambios que ocurren a parámetros genéticos estimados después de eliminar parte de la información de algunas cruza- zas en un dialélico entre 15 líneas A y 14 líneas R de sorgo (*Sorghum bicolor* L. Moench), al simular dialélicos incompletos de cuatro formas: 1) comple- tamente aleatoria, 2) de manera sistemática conser- vando igual número de híbridos por cada progenitor, 3) igual que en 2, pero haciendo un ordenamiento previo de progenitores con base en su aptitud combi- natoria general y 4) igual que en 2, pero ordenando los progenitores con base en sus días a floración. En cada una de las cuatro formas se eliminó el 10, 20, 30, 40 y 50% de la información de las cruza- s, generándose un total de 20 dialélicos incompletos. En cada uno de éstos se estimaron once parámetros genéticos, como aptitud combinatoria general (ACG) y específica (ACE), heredabilidad en ambos sentidos (H^2 y h^2), varianzas genéticas aditivas (VGA) y no aditivas (VGNA), entre otros; que se compararon con las estimaciones en el dialélico completo. Se concluyó que: 1) la confiabilidad de los valores de los diferentes parámetros genéticos, no se modificó al no incluir la información de un 10% de las cruza- s, y 2) es posible omitir hasta un 30% de las cruza- s y obtener información confiable si el interés es sólo evaluar la ACG de los progenitores.

PALABRAS CLAVE ADICIONALES

Dialélicos incompletos, aptitud combinatoria general, heredabilidad, *Sorghum bicolor*(L) Moench.

SUMMARY

Breeders frequently face the lack of enough seed of some crosses to estimate genetic parameters from complete factorial mating systems. In this study the changes of estimates of genetic variation were evaluated after eliminating some crosses from a set of a diallel crosses between 15 lines A and 14 lines R of sorghum (*Sorghum bicolor* L. Moench) simulating incomplete diallel crosses in the following four ways: 1) completely random, 2) systematically, keeping the same number of crosses per parental line, 3) similar to 2, but before the elimination, parental lines were ordered according to their general combining ability, 4) similar to 2, but parental lines were ordered by earliness. In each elimination system, information was reduced in 10, 20, 30, 40 and 50%, thus, twenty incomplete diallels were analyzed. In each of these, eleven parameters of genetic variation were estimated (i.e., general and specific combining ability, broad and narrow sense heterosis, and additive and non additive genetic variances), which were compared with those obtained from the complete diallel system. It was concluded that: 1) Estimates of incomplete diallel systems did not change with respect to the complete one when 10% of crosses were eliminated, and 2) 30% of crosses could be lost and still reliable estimates could be obtained if the objective is the evaluation of the GCA of the parental lines.

ADDITIONAL INDEX WORDS

Incomplete diallels, general combining ability, heritability, *Sorghum bicolor* (L) Moench.

¹ Depto. de Fitotecnia. Universidad Autónoma Cha- pingo. 56230 Chapingo, México.

² Centro de Genética, Colegio de Postgraduados, 56230 Montecillo, México.

INTRODUCCION

Por lo general se recurre a los diseños de apareamiento para hacer estimaciones de los componentes de varianza, lo cual tiene importantes aplicaciones en el mejoramiento genético. Los primeros ejemplos de estimación de componentes de varianza se encuentran en los escritos de Bywaters en 1937, Lush *et al.* en 1938, y Stonaker y Lush en 1942 (según Comstock y Robinson, 1951; Curnow, 1963).

En la actualidad se cuenta con diversas herramientas estadísticas que permiten analizar los diseños dialélicos, sean éstos completos (Hayman, 1954, 1957, 1958, 1960; Griffing, 1956; Kempthorne, 1963; Gardner y Eberhart, 1966; Martínez, 1975) o incompletos (Comstock y Robinson, 1951; Curnow, 1963).

La estimación de componentes de varianza mediante este tipo de estudios, permite conocer los parámetros genéticos de las poblaciones, los cuales pueden usarse con dos propósitos fundamentales: 1) obtener información sobre la naturaleza de la acción de los genes involucrados en la herencia del o los caracteres bajo estudio, y 2) tomarlos como base para la planeación o reorientación de programas de mejoramiento genético.

Cualquiera que sea el caso, al tratar de obtener las progenies requeridas por los diseños de apareamiento completos, el investigador frecuentemente se enfrenta con problemas de tipo operativo. Por ejemplo, cuando el número de progenitores es alto, no siempre se obtiene el total de cruzas posibles, y de lograrlo, su manejo resulta difícil, por lo que sería deseable reducir dicho número sin cometer sesgo en la estimación de los parámetros. Otro problema podría ser la falta de sincronía en la floración de los progenitores que impide obtener todas las combinaciones posibles

entre los progenitores en estudio. El problema puede ser aún mayor cuando la semilla obtenida de algunas combinaciones híbridas no sea suficiente para satisfacer las necesidades del tamaño de parcela y repeticiones en las evaluaciones de campo. Lo anterior muchas veces obliga a establecer un ciclo adicional de siembra para reunir el material genético faltante, o bien, que el investigador decida abandonar el proyecto de investigación por considerar que la información, al ser incompleta, no es confiable.

Con el propósito de evaluar, en sorgo para grano (*S. bicolor* L. Moench), el cambio que sufren los estimadores de parámetros genéticos por la falta de algunas cruzas, se planteó el presente estudio. Para ello, se usó un sistema factorial completo de apareamiento con 15 progenitores hembra y 14 progenitores macho sobre el cual se simuló diseños factoriales incompletos cuyos estimadores paramétricos se contrastaron con los obtenidos en el sistema factorial completo. Se planteó la hipótesis de que es posible obtener estimaciones confiables de los parámetros genéticos de una población cuando no estén presentes todos los cruzamientos posibles.

MATERIALES Y METODOS

El material genético empleado en el presente estudio lo constituyó un grupo de 15 líneas B, 14 líneas R (Cuadro 1) y los 210 híbridos posibles entre las líneas A (contrapartes androestériles de las líneas B) y las líneas R.

La formación de los híbridos, así como la evaluación de campo, fueron conducidas en Tepalcingo, Morelos, por el Programa de Sorgo del Centro de Genética del Colegio de Postgraduados. Las condiciones en que se llevó a cabo la siembra, la toma de datos y demás información relacionada con la conducción del experimento pueden verse en Mendoza (1988).

Cuadro 1. Relación de líneas B y R empleadas en el estudio.

Líneas B		Líneas R	
No.	Genealogía	No.	Genealogía
1	SC 102-9	1	NP Yellow-1
2	IS 10428	2	(KS 19-KS 21)-4
3	KS-22	3	(KS 19-KS 21)-1
4	1399 B	4	(EH-KS 19)-1
5	OK-54	5	N-4610
6	CK-KS 19	6	Plainsman
7	CK-Atlas	7	N-4917
8	KS-24	8	SC 369-SEL
9	A-R-28	9	SC 177-15E
10	TX-623	10	CK-Korgi (I)
11	A-3-61	11	CK-Short Kuara
12	CK-W-Sourless	12	NP-Yellow-8
13	KS-57	13	R-I-6 Fam-14
14	TX 2751	14	NP-Yellow-6
15	Wheatland-Tx 415		

Previo a la descripción de los análisis estadísticos, es necesario aclarar que las líneas involucradas en el estudio no corresponden a una muestra aleatoria de una población, sino que fueron seleccionadas como líneas superiores dentro del programa de mejoramiento. Para los fines que se persiguen en el presente estudio, se parte del supuesto de que el carácter rendimiento de grano se distribuye normalmente dentro de los grupos de líneas B, R, y sus cruza. Con base en la información del factorial completo se pretende simular la ausencia de algunos datos y así hacer la estimación de diferentes parámetros genéticos.

El análisis de la información se hizo empleando el modelo

$$Y_{ijk} = \mu + H_i + M_j + (HM)_{ij} + E_{ijk}$$

donde:

Y_{ijk} : es el valor de la crusa entre el i-ésimo progenitor femenino y j-ésimo

progenitor masculino en el k-ésima repetición.

μ : media general

H_i : efecto de aptitud combinatoria general del i-ésimo progenitor femenino.

M_j : efecto de aptitud combinatoria general del j-ésimo progenitor masculino.

$(HM)_{ij}$: efecto de aptitud combinatoria específica entre los i-ésimo y j-ésimo progenitores.

E_{ijk} : error asociado al valor de la ijkava observación.

Los componentes H_i y M_j se consideraron efectos aditivos, no aditivos al componente $(HM)_{ij}$.

El modelo se aplicó al análisis de la información obtenida para estimar los parámetros que se anotan en el Cuadro 2, con base en el desglose planteado por Finkner *et al.* (1976). La información corresponde a la del Diseño II de Comstock y Robinson (1948).

Cuadro 2. Parámetros por estimar a partir de las esperanzas de los cuadrados medios del Diseño II completo o incompleto.

Parámetro	Descripción
<u>Componente de Varianza</u>	
(1) H: σ^2ACGh	----- Varianza de ACG (φ)
(2) M: σ^2ACGm	----- Varianza de ACG (σ)
(3) H*M: σ^2ACE	----- Varianza de ACE
(4) E: σ^2e	----- Error experimental
(5) VGT:(1)+(2)+(3)	----- Varianza genética total
<u>Componente de varianza compuesto porcentual</u>	
(6) % VGA=(1+2)/(5)	----- Varianza genética aditiva
(7) % VGNA=(3)/(5)	----- Varianza genética no aditiva
(8) % VGAH=(1)/(5)	----- Varianza genética aditiva de φ
(9) % VGAM=(2)/(5)	----- Varianza genética aditiva de σ
(10) H ² =(5)/(4+5)	----- Heredabilidad en sentido amplio
(11) h ² =(1+2)/(4+5)	----- Heredabilidad en sentido restringido

Al diseño completo se eliminó información (del 10 al 50%) en las cuatro formas siguientes (Figura 1):

Forma 1. Eliminación de híbridos totalmente al azar.

Forma 2. Eliminación de híbridos en forma sistemática, cuidando que en cada vez que se eliminaran cruza, los progenitores participaran en igual número de cruzamientos.

Forma 3. En principio se realizó un ordenamiento del cuadro de cruzamientos con base en el valor de aptitud combinatoria general (ACG) de los progenitores hembras y machos, y posteriormente se eliminaron híbridos en forma sistemática, tal como ocurrió para la forma 2.

Forma 4. Se ordenaron los progenitores con base en sus días a floración (DF) y se

fueron eliminando aquellos híbridos que presentaron mayor diferencia en la sincronía de las floraciones de sus líneas progenitoras.

Como se indicó, en cada una de las cuatro formas se tuvieron 5 niveles de eliminación de información, producto de simular pérdidas sucesivas de 10% de los datos, hasta llegar al 50%. En la Figura 1 se presenta un esquema de los 20 arreglos finales.

El análisis estadístico para la estimación de parámetros se realizó tomando como variable el rendimiento promedio de grano por parcela ($\text{kg}/3.20 \text{ m}^2$) en cada una de las formas y para cada nivel de eliminación.

La comparación entre los parámetros estimados a partir de los análisis de varianza se hizo mediante las técnicas siguientes:

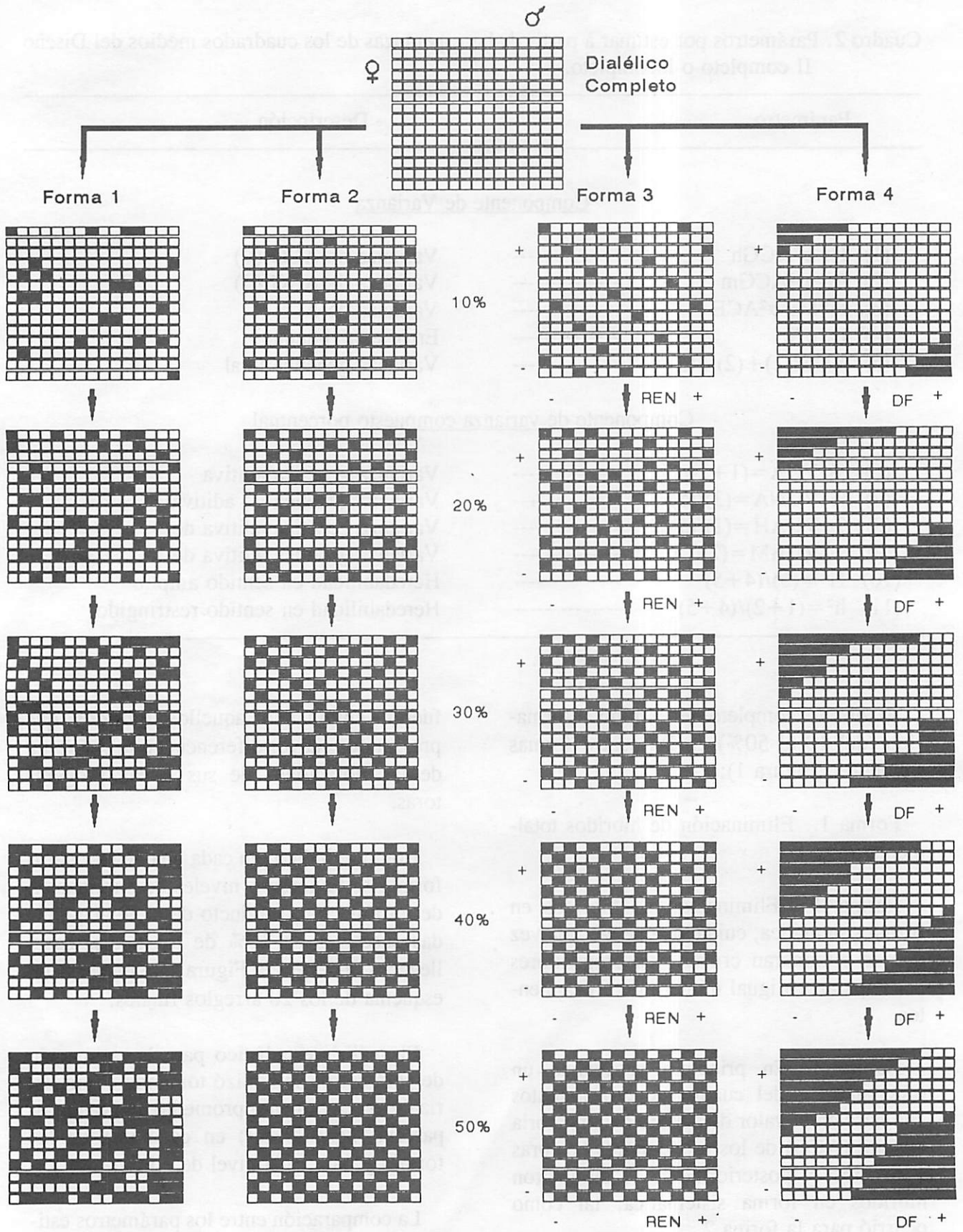


Figura 1. Secuencia de la eliminación de información en cada una de las formas estudiadas.

1) Técnica de X^2 :

$$X^2 = \frac{(N-1)(\sigma^2_i)}{\sigma^2_j} \quad (\text{Steel y Torrie, 1980})$$

2) Técnica de F:

$$F = \sigma^2_i / \sigma^2_j \quad (\text{Steel y Torrie, 1980})$$

3) Técnica de la desviación estándar de los componentes de varianza:

$$\text{D.E. (Comp. var. j.)} = \sqrt{(\sigma^2_j)} = \sqrt{\frac{2}{k^2} \sum_g \frac{(MS_g)^2}{fg+2}} \quad (\text{Becker, 1975})$$

donde:

σ^2_i : componente de varianza estimado al eliminar información.

σ^2_j : componente de varianza estimado con toda la información.

D.E. = $\sqrt{(\sigma^2_j)}$: desviación estándar del componente de varianza estimado con toda la información.

k: coeficiente del componente de varianza estimado en la esperanza del cuadrado medio respectivo.

MS_g : g-ésimo cuadrado medio usado para estimar el componente de varianza.

fg: grados de libertad del g-ésimo cuadrado medio.

4) Técnica práctica: Se consideró que una diferencia era significativa cuando la magnitud de los parámetros estimados al eliminar información fuese modificada en una cantidad superior al 10% del valor obtenido con la información completa.

Adicionalmente se estimó la correlación entre los valores jerarquizados de Friedman (Hollander y Wolfe, 1973) del ordenamiento de los valores de ACG de los progenitores cada vez que se eliminó información.

RESULTADOS Y DISCUSION

Ninguna de las primeras tres técnicas empleadas para comparar los parámetros derivados de los análisis de varianza detectó diferencias estadísticamente significativas ($\alpha = 0.05$) en los cambios que sufren los parámetros al considerar diferentes porcentajes de información, debido a que al comparar varianzas, los estadísticos usados fueron muy estrictos. Por tanto, se optó por la técnica cuatro que, en sentido práctico, considera como cambio significativo aquel donde la magnitud de los parámetros fue modificada en una cantidad igual o superior al 10% del valor obtenido con el 100% de la información.

De esta manera, los resultados obtenidos del análisis de la información correspondiente a la forma aleatoria de eliminación en los cinco niveles (Forma 1), se presentan en el Cuadro 3. Se aprecia que para los parámetros relacionados con efectos de tipo aditivo (H, M, %VGAM, %VGAH y h^2) sus valores empiezan a ser relativamente diferentes al eliminar, tan sólo el 10% de la información. Otros parámetros (VGT, %VGA, y %VGNA) pierden validez cuando se elimina el 20% de la información, y sólo tres de ellos (H*M, E y H^2) conservan su validez relativa aún después de excluir el 30% de la información. Ello indica que tratándose de parámetros compuestos puede considerarse válida la información que resulta de los análisis aún cuando sólo se disponga del 70% de la información completa; pero si se trata de parámetros simples la pérdida aleatoria de la información no es tolerable.

Cuadro 3. Parámetros estimados con diferentes niveles de eliminación aleatoria de información comparados con el valor estimado con la información completa.

Parámetro	Porcentaje de información eliminada					
	0	10	20	30	40	50
H	<u>0.016</u> ¹	0.018	0.011	0.011	0.011	0.009
M	<u>0.036</u>	0.029	0.021	0.018	0.018	0.013
H*M	<u>0.036</u>	0.034	<u>0.039</u>	<u>0.035</u>	0.031	0.022
E	<u>0.052</u>	0.048	<u>0.049</u>	<u>0.048</u>	0.046	0.046
VGT	<u>0.088</u>	<u>0.081</u>	0.071	0.064	0.060	0.044
%VGA	<u>0.591</u>	<u>0.580</u>	0.451	0.453	0.483	0.500
%VGNA	<u>0.409</u>	<u>0.420</u>	0.549	0.547	0.517	0.500
%VGAH	<u>0.182</u>	0.222	0.155	<u>0.172</u>	<u>0.183</u>	0.205
%VGAM	<u>0.409</u>	0.358	0.296	0.281	0.300	0.295
H ²	<u>0.629</u>	<u>0.628</u>	<u>0.592</u>	<u>0.571</u>	<u>0.566</u>	0.489
h ²	<u>0.371</u>	0.243	0.267	0.259	0.274	0.244

¹ Valores subrayados son "iguales" al valor de la columna 0, con una diferencia no mayor al 10% del valor en 0.

Cuando la pérdida de información ocurrió de manera sistemática, cuidándose que cada progenitor participara en igual número de cruzas (Forma 2), la estimación de los parámetros resultó menos eficiente que la eliminación aleatoria; la mayoría de los parámetros cambió en más del 10% con tan sólo eliminar el 10% de la información (Cuadro 4). En consecuencia, si el investigador dispone inclusive del 90% de la información total, el balancear la información procurando que los progenitores participen en igual número de híbridos no asegura una mejor estimación de los parámetros genéticos. Los únicos parámetros que se mantuvieron sin cambio significativo fueron H*M y E.

Los resultados obtenidos cuando la información fue eliminada en forma sistemática después de ordenar los progenitores con base en sus valores de ACG para rendimiento de grano (Forma 3), se exhiben en el Cuadro 5. Estos resultados indican que

cuando se emplea el 80% de la información, seis parámetros (M, VGT, %VGNA, %VGAH, %VGAM y h²) pierden similitud con respecto al caso en que se incluye el total de la información; y dos parámetros más (H*M y H²) también la pierden cuando sólo se utiliza el 70%. Ello implica que si de antemano se sabe que no es posible realizar todos los cruzamientos, se pueden omitir el 10% sin perder confiabilidad en ninguno de los parámetros estimados, siempre y cuando se conozca la ACG de los progenitores y se cuide que todos ellos participen en igual número de cruzas.

Por último, al eliminar la información de acuerdo a la Forma 4, o sea, de manera sistemática después de ordenar a los progenitores por sus días a floración, se obtuvieron resultados (Cuadro 6) que indican igualdad de valores de todos los parámetros (con excepción de H*M) cuando se elimina el 10% de la información con aquellos correspondientes al 100%; y sólo los parámetros

Cuadro 4. Parámetros estimados con diferentes niveles de eliminación sistemática de información comparados con el valor estimado con la información completa.

Parámetro	Porcentaje de información eliminada					
	0	10	20	30	40	50
H	<u>0.016</u> ¹	0.011	0.011	0.011	0.010	0.007
M	<u>0.036</u>	0.025	0.019	0.022	0.021	0.021
H*M	<u>0.036</u>	<u>0.038</u>	0.040	<u>0.034</u>	0.032	<u>0.036</u>
E	<u>0.052</u>	0.051	0.050	0.052	0.053	<u>0.052</u>
VGT	<u>0.088</u>	0.074	0.070	0.067	0.063	0.064
%VGA	<u>0.591</u>	0.486	0.429	0.493	0.492	0.438
%VGNA	<u>0.409</u>	0.519	0.571	0.507	0.508	0.562
%VGAH	<u>0.182</u>	0.149	0.157	<u>0.164</u>	0.159	0.109
%VGAM	<u>0.409</u>	0.338	0.271	0.328	0.333	0.328
H ²	<u>0.629</u>	<u>0.592</u>	<u>0.583</u>	0.563	0.543	0.552
h ²	<u>0.371</u>	0.288	0.250	0.277	0.267	0.241

¹ Valores subrayados son "iguales" al valor expresado en la columna 0, con una diferencia no mayor al 10% del valor en 0.

Cuadro 5. Parámetros estimados con diferentes niveles de eliminación sistemática de información después de haber ordenado los progenitores con base en el valor de ACG, comparados con el valor estimado la información completa.

Parámetro	Porcentaje de información eliminada					
	0	10	20	30	40	50
H	<u>0.016</u> ¹	0.017	0.015	<u>0.017</u>	0.013	0.012
M	<u>0.036</u>	<u>0.033</u>	0.023	0.020	0.017	0.013
H*M	<u>0.036</u>	<u>0.037</u>	<u>0.035</u>	0.031	0.028	0.030
E	<u>0.052</u>	0.052	0.052	0.054	0.050	<u>0.050</u>
VGT	<u>0.088</u>	<u>0.087</u>	0.073	0.068	0.058	0.055
%VGA	<u>0.591</u>	<u>0.573</u>	0.521	<u>0.544</u>	0.517	0.455
%VGNA	<u>0.409</u>	<u>0.427</u>	0.479	0.456	0.483	0.545
%VGAH	<u>0.182</u>	<u>0.195</u>	0.205	0.250	0.224	0.218
%VGAM	<u>0.409</u>	<u>0.379</u>	0.315	0.294	0.293	0.236
H ²	<u>0.629</u>	<u>0.623</u>	<u>0.584</u>	0.557	0.537	0.524
h ²	<u>0.371</u>	<u>0.360</u>	0.304	0.303	0.278	0.238

¹ Valores subrayados son "iguales" al valor de la columna 0, con una diferencia no mayor al 10% del valor en 0.

Cuadro 6. Parámetros estimados con diferentes niveles de eliminación sistemática de información después de ordenar progenitores por días a floración, comparados con el valor estimado con la información completa.

Parámetro	Porcentaje de información eliminada					
	0	10	20	30	40	50
H	<u>0.016¹</u>	0.014	0.015	<u>0.014</u>	0.011	0.010
M	<u>0.036</u>	<u>0.036</u>	0.029	0.021	0.021	0.020
H*M	<u>0.036</u>	0.031	0.027	0.027	0.029	0.028
E	<u>0.052</u>	0.052	0.053	0.053	0.053	<u>0.052</u>
VGT	<u>0.088</u>	<u>0.081</u>	0.071	0.062	0.061	0.058
%VGA	<u>0.591</u>	0.617	0.620	0.565	0.525	<u>0.517</u>
%VGNA	<u>0.409</u>	0.383	0.380	<u>0.435</u>	0.475	0.487
%VGAH	<u>0.182</u>	<u>0.173</u>	0.211	0.226	<u>0.180</u>	<u>0.172</u>
%VGAM	<u>0.409</u>	0.444	0.408	0.339	0.344	0.345
H ²	<u>0.629</u>	0.609	<u>0.573</u>	0.539	0.535	0.527
h ²	<u>0.371</u>	0.376	<u>0.355</u>	0.304	0.281	0.273

¹ Valores unidos por la misma línea horizontal son "iguales" al valor expresado en la columna 0, con una diferencia no mayor al 10% del valor en 0.

M, VGT y %VGAH dejaron de ser iguales cuando se utilizó el 80% de la información, indicando que los parámetros de valores específicos pierden confiabilidad. Sin embargo, en los parámetros compuestos porcentuales, como el %VGNA y %VGA, que se estiman con los valores de los parámetros H*M, M y H², permanecieron prácticamente iguales aún después de eliminar el 30% de la información.

Los resultados hasta aquí mencionados, señalan que la confiabilidad de los valores obtenidos para los diferentes parámetros en estudio, no se modifica por el hecho de no incluir un 10% de las cruzas, siempre y cuando exista un ordenamiento premeditado, ya sea con base a la aptitud combinatoria general para rendimiento o con base en el número de días a floración de los progenitores. También destaca que puede omitirse hasta un 30% de la información total,

siempre y cuando el interés sea tener una idea de valores de proporción como porcentajes de varianzas aditiva y no aditiva; es decir, cuando el interés mayor sea la evaluación de los progenitores.

En ocasiones la información generada mediante los dialélicos completos se emplea para seleccionar progenitores con base en sus valores de ACG, para lo cual generalmente se eligen aquéllos que en la tabla comparativa adquieren las mejores posiciones. Sin embargo, cuando no se dispone de la información completa, ocurrirán modificaciones en las posiciones relativas de los progenitores en dicha tabla. Por tal razón, considerando los cambios ocurridos en la estimación de los parámetros de ACG durante el proceso de eliminación de información, se realizó un análisis de correlación de Friedman (Hollander y Wolfe, 1973) entre los valores de ACG de los progenitores

masculinos y femeninos considerando la información completa y para cada forma de eliminación y para cada evento. Los resultados presentados en el Cuadro 7 indican que en la mayoría de los casos, el coeficiente de correlación resultó mayor en los progenitores femeninos que en los masculinos, para todas las formas de eliminación. Asimismo, al comparar los valores obtenidos para la Forma 1 con aquéllos de la Forma 2, se aprecia una superioridad numérica de la primera eliminación (que es aleatoria) con respecto a la segunda (que es sistemática), lo cual es otra evidencia de que el simple hecho de eliminar en forma sistemática, no es una garantía de encontrar confiabilidad en los resultados.

Finalmente, las correlaciones obtenidas para las Formas 3 y 4, que corresponden a

eliminaciones sistemáticas pero con previo ordenamiento de progenitores, presentan una reducción gradual a medida que se cuenta con menor cantidad de información.

CONCLUSIONES

Con base en los análisis de resultados del presente trabajo se concluye que: 1) la confiabilidad de los valores de los diferentes parámetros genéticos, no se modifica por el hecho de no incluir un 10% de los cruza- mientos, siempre y cuando exista un orde- namiento premeditado de los progenitores, sea éste con base en su ACG o en sus días a floración y 2) puede omitirse hasta un 30% de la información total de las cruza- s siempre y cuando el interés mayor sea la evaluación de los progenitores.

Cuadro 7. Coeficientes de correlación de Friedman entre los valores de ACG estimados con la información completa y después de haber eliminado información en cuatro formas de los progenitores masculinos y femeninos.

Forma de eliminación	Prog.	Porcentaje de información utilizada				
		90	80	70	60	50
Forma 1	Femenino	0.98	0.96	0.98	0.95	0.93
	Masculino	0.99	0.96	0.90	0.90	0.84
Forma 2	Femenino	0.98	0.96	0.97	0.95	0.97
	Masculino	0.96	0.87	0.75	0.72	0.75
Forma 3	Femenino	0.99	0.96	0.96	0.87	0.95
	Masculino	0.97	0.96	0.94	0.85	0.86
Forma 4°	Femenino	0.99	0.99	0.92	0.89	0.79
	Masculino	0.94	0.94	0.87	0.85	0.88

Valor promedio para intervalo de confianza = 0.287

BIBLIOGRAFIA

- Becker, W.A. 1975. Manual of Quantitative Genetics. Washington State University Press, Pullman, Washington. 170 pp.
- Comstock, R.E. and H.F. Robinson. 1948. The components of genetic variance in populations of biparental progenies and their use in estimating the average degree of dominance. *Biometrics* 4:254-266.
- _____ and _____. 1951. Consistency of estimates of variance components. *Biometrics* 7:75-82.
- Curnow, R.N. 1963. Sampling the diallel cross. *Biometrics* 19:287-306.
- Finkner, R.E., M.D. Finkner, B.A. Rojas, and N.R. Malm. 1976. Combining abilities and heritability from incomplete diallel systems in grain sorghum. Agricultural Experiment Station. Bull. No. 642. Las Cruces, New Mexico.
- Gardner, C.O. and S.A. Eberhart. 1966. Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related populations. *Biometrics* 22: 439-452.
- Griffing, B. 1956. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Aust. J. Biol. Sciences* 9:463-493.
- Hayman, B.I. 1954. The theory and analysis of diallel crosses. *Genetics* 39:789-809.
- _____. 1957. Interaction, heterosis and diallel crosses. *Genetics* 42:336-355.
- _____. 1958. The theory and analysis of diallel crosses. II. *Genetics* 43:63-85.
- _____. 1960. The theory and analysis of diallel crosses. III. *Genetics* 45:155-172.
- Hollander, M. and D.A. Wolfe. 1973. Non-parametric Statistical Methods. John Wiley and Sons. N.Y. 342 pp.
- Kempthorne, O. 1963. The role of system of mating in the determination of means, variances, and covariances in genetic populations. In: W.D. Hanson and H.F. Robinson (eds.). *Statistical Genetics and Plant Breeding*. NAS-NRC. Washington, D.C. pp. 21-23.
- Martínez G., A. 1975. Diseño y Análisis de los Experimentos de Cruzas Dialélicas. CEC, CP, ENA, Chapingo, Méx. 228 pp.
- Mendoza O., L.E. 1988. Formación de híbridos de sorgo para grano. II. Comportamiento *per se* de las líneas y su aptitud combinatoria general. *Rev. Fitotec. Mex.* 11: 39-47.
- Steel, R.G.D. and J.H. Torrie. 1980. Principles and Procedures of Statistics. A Biometrical Approach. Second Edition. Mc Graw-Hill. Kogakusha, LTD, Tokio, 633 pp.