

ALGUNOS ASPECTOS DE LOS DISEÑOS GENETICOS

Tulio Cesar Lagos Burbano

Hernando Criollo E.¹

INTRODUCCION

Dentro de los esquemas de mejoramiento de plantas, los diseños genéticos se han utilizado para determinar los efectos y/o variancias genéticas en una población. Existen varios tipos de diseños genéticos que varían en cuanto a su complejidad y la información que proveen. Entre estos se destacan los de cruzamiento dialélico como el método 2 de Griffing, el diseño I de Comstock y Robinson, el de Gardner y Eberhart y el de Kempthorne entre otros.

El objetivo de los diseños genéticos, además de caracterizar genéticamente una determinada población de plantas, es poder estimar para una característica dada, qué proporción de la variabilidad fenotípica observada se debe a causas genéticas.

La forma de análisis, en cada uno de los métodos, depende del modelo seleccionado para el estudio de la población. En los modelos aleatorios, se determinan la aptitud combinatoria general (ACG), la aptitud combinatoria específica (ACE), variancia aditiva (S^2A), la variancia de dominancia (S^2D), las variancias de ACG y ACE y heredabilidad. En los modelos fijos se determinan los efectos de aptitud combinatoria general (ACG) y de aptitud combinatoria específica (ACE).

De acuerdo a lo anterior, los objetivos del presente trabajo son: estudiar algunas herramientas estadísticas, que son utilizadas en el mejoramiento de plantas

¹ Profesor titular, Facultad de Ciencias Agrícola, universidad de Nariño, Pasto.

² Ingeniero Agrónomo, m Sc. Dri. Pasto

y desarrollar un ejemplo numérico, con datos reales, de los métodos 2 y 4 de Griffing, modelo 1 (hijo).

Los diseños genéticos

Una población puede definirse por dos parámetros básicos que son la media y la variancia. La primera está determinada por la frecuencia de los genes, los valores genotípicos y de dominancia, y la segunda es una medida de la dispersión de estos valores con respecto a la media (Ceballos, 1995).

De acuerdo a Oliver (1977), Allard (1967), el fenotipo es el resultado del genotipo, el ambiente y la interacción genotipo por ambiente. Allard (1967) menciona que de acuerdo al conocimiento de los parámetros genéticos (medias, variancias y covariancias) y sus estimaciones se pueden establecer las bases para un método de mejoramiento.

Los diseños genéticos tal como lo menciona Ceballos (1995) permiten determinar las magnitudes de efectos y/o variancias genéticas en una población ya sea en modelos fijos como en modelos aleatorios; muchos de estos diseños están destinados a disminuir el efecto del ambiente.

En la mayoría de estos diseños se parte de unos supuestos que son: herencia mendeliana diploide y normal, ausencia de correlación entre el ambiente y el genotipo, de epistasis, de efectos maternos, equilibrio de ligamiento y que las muestras evaluadas sean una muestra aleatoria de la población bajo estudio (Ceballos, 1995).

Los cruzamientos dialélicos, son una parte de los diseños genéticos, que han sido utilizados ampliamente en el mejoramiento de plantas como punto de

partida, para la evaluación de las propiedades genéticas del material estudiado.

Griffing (1956) indica que el cruzamiento dialélico es un conjunto de P^2 genotipos, obtenidos a partir de P líneas endocriadas. Ceballos (1995) menciona que en las cruas dialélicas P padres son cruzados entre sí para producir un número determinado de progenies ($[P(P-1)]$ si se incluyen las cruas recíprocas y $[(P(P-1)/2)]$ si no se incluyen).

Una de las principales limitaciones de este tipo de estudios es el número de padres que pueden ser incluidos. En efecto, asumiendo que no se incluyen las cruas recíprocas, cuando $P=10$, $P=15$ ó $P=20$, el número de cruas a evaluar aumenta considerablemente a 45, 105 y 190, respectivamente. Es por esta razón que la mayoría de trabajos publicados sobre dialélicos usan 10 (o menos) padres.

Pero sí se desea conocer con suficiente precisión los componentes de variancias genéticas de una población, se debería muestrear, en lo posible, no menos de 100 individuos (que producirían 4950 cruas). Estas limitaciones ocurren en modelos aleatorios, donde se hace inferencia sobre la población de referencia. En modelos fijos, no existe este problema, pues los padres constituyen por sí mismos la población sobre la cual se obtendrá la información genética (Ceballos, 1995).

El análisis dialélico permite establecer las relaciones genéticas entre los padres involucrados en los cruzamientos, siendo útiles en la identificación de híbridos y/o cruzamientos promisorios.

Por otro lado Griffing (1956) establece que el concepto de aptitud combinatoria es especialmente importante en procesos de ensayos de los cuales se de-

sea estudiar y comparar los comportamientos de líneas en combinaciones híbridas. Sprague y Tatum, citados por Griffing (1956), definieron originalmente los términos de aptitud combinatoria general (ACG) y específica (ACE); la ACG representa el comportamiento promedio de una línea en función de una combinación híbrida.

El término ACE es usado para designar aquellos casos en los cuales ciertas combinaciones son relativamente mejores o peores que lo que se podría esperar, sobre la base del comportamiento promedio de las líneas involucradas o parentales.

Según Ceballos (1995) es en función de estas definiciones que los efectos de ACG se asocian a los aditivos (promedios), mientras que los de ACE se asocian a los de dominancia (desviaciones de promedios).

Trabajos relacionados con diseños genéticos

García y Vallejo (1994), evaluaron siete líneas progenitoras de tomate «chonto» (Angela Gigante, Licapal-21, Raminho, Olho-Roxo, 1258, 1475 y 1507) y 21 híbridos, sin incluir los recíprocos, mediante el método 2 y modelo tipo 1 propuesto por Griffing (1956).

En 1994, Arias evaluó 20 líneas de maíz amarillo *Zea mays* L. S2, con un 75% de endogamia y sus 190 híbridos, bajo un diseño experimental de látice simple de 15x15 con tres repeticiones. Para el análisis de las diferentes variables utilizaron el método II de Griffing (1956), modelo 1, donde se incluyen padres y los híbridos F1, sin incluir los recíprocos.

En todos los caracteres, entre mayor fue el efecto de ACG, mayor era la variancia en los efectos de ACG, por lo tanto los parentales utilizados son los que más

contribuían a la variancia genética aditiva.

Urrea (1994) evaluó la tolerancia de maíz a suelos ácidos utilizando ocho materiales: SA3, SA4, SA5, SA6, SA7, Tuxpeño sequía, Tuxpeño pool 26 y CMS 36 bajo el diseño III de Gardner y Eberhart. En la evaluación de campo los ambientes se consideran como aleatorios y los genotipos como fijos

Mendoza (1994) evaluó tres líneas A y 4 R de sorgo de Dekalb Plants Genetic USA, las cuales fueron apareadas en un diseño de líneas por probador y sembradas bajo un diseño de BCA con 4 repeticiones en condiciones de CEUNP (12 híbridos y 7 progenitores), analizando los resultados bajo la metodología de Línea x tester (probador) de Kempthorne.

Ejemplo numérico para el análisis de un cruce dialélico entre 6 padres de *Lycopersicon esculentum* Mill.

Este ejemplo se basa en los datos de producción/planta obtenidos en un cruce dialélico en tomate, realizado por Huepa¹, entre 1994 y 1995, en la Universidad Nacional de Colombia sede-Palmira. Los parentales que utilizó fueron: OlhoRoxo (1), Motelle (2), Lanoso (3), A3020 (4), Angela Gigante (5) y L-5010.

El cruce dialélico, fue hecho con base en la metodología de Griffing (1956), método 2, que es uno de los más utilizados y por lo tanto se describe a continuación con más detalle; éste incluye los cruzamientos directos y los padres sin incluir los cruces recíprocos. Se utilizó un diseño de BCA, con tres repeticiones.

En el siguiente esquema se presenta, la forma como se realizaron los cruces:

Padres	1	2	3	4	5	6
1	-	1x2	1x3	1x4	1x5	1x6
2		-	2x3	2x4	2x5	2x6
3			-	3x4	3x5	3x6
4				-	4x5	4x6
5					-	5x6

El modelo para éste caso, es el siguiente:

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + G_j + S_{ij} + B_k + (GB)_{ijk} + (1/r)\sum\sum E_{ijk}$$

donde: Y_{ijk} = observación sin distinguir padres ($i=j$).

μ = efecto de la media.

G_i = efecto de ACG del genotipo i .

G_j = efecto de ACG del genotipo j .

S_{ij} = efecto de ACE entre genotipos i y j con $S_{ij}=S_{ji}$.

B_k = efecto del bloque K .

GB = interacción genotipo ij en el bloque K .

r = repeticiones.

n = plantas dentro parcela

E_{ijk} = error experimental en observación ij , bloque K .

En la Tabla 1, se encuentran los datos sobre producción por planta. Para efectos del ejemplo, en este ejercicio se desarrollan los cálculos tanto para el modelo tipo I y modelo tipo II.

Cálculos para el ANDEVA

Factor de Corrección (FC):

$$FC = Y...^2 / (r * (p(p+1)/2)) = 280,28^2 / (3 * 6 * (6+1)/2) = 1246,93$$

Suma de cuadrados Total (SCt)

$$SCt = \sum\sum\sum Y_{ijk}^2 - FC = (3,13^2 + \dots + 4,26^2) - 1246,93 = 108,17$$

Suma de cuadrados para Genotipos (SCg)

$$SCg = \sum\sum Y_{ij}^2 / r - FC = (10,01^2 + \dots + 15,27^2) / 3 - 1246,93 = 50,14$$

Suma de cuadrados de bloques (SCb)

$$SCb = (Y...k)^2 / p(p+1)/2 - FC = (93,4^2 + \dots + 99,73^2) / 21 - 1246,93 = 3,773$$

Suma de cuadrados para el error (SCe)

$$SCe = SCt - SCg - SCb = 108,17 - 50,136 - 3,773 = 54,261$$

La suma de cuadrados de genotipos se particiona en suma de cuadrados de ACG y suma de cuadrados de ACE.

Suma de cuadrados de ACG (SCACG)

$$SCACG = ((\sum(Y_{i..} + 2P_{ii})^2 / r) - 4 * (Y...)^2 / (p * r)) / (p+2) = ((96,5^2 + \dots + 92,72^2) / 3) - 4 * (280,28)^2 / (6 * 3) / (6+2) = 4,983$$

Suma de cuadrados de ACE (SCACE)

$$SCACE = (\sum\sum Y_{ij}^2 / r) - (\sum(Y_{i..} + 2P_{ii})^2 / r * (p+2)) + (2 * (Y...)^2 / r * (p+1) * (p+2)) = 1297,069 - 2187,118 + 935,20 = 45,25$$

Estimación de parámetros para el modelo I (fijo)

Test F: $FACG = CMACG / CMerror = 0,996 / 1,356 = 0,7346$, $F_{tab} = 2,45$.

Esto indica que no existen diferencias significativas entre los 6 padres en cuanto a ACG, por lo tanto, en esta población los efectos aditivos no son importantes en la herencia del carácter producción por planta (kg/planta).

Test F: $FACE = CMACE / CMerror = 3,010 / 1,3565 = 2,219$, $F_{tab} = 1,92$

Para la ACE de los cruzamientos, existen diferencias significativas, por consiguiente, en esta población, los efectos no aditivos o de dominancia son los de mayor importancia que los efectos aditivos.

Cálculo de los efectos de ACG para cada padre

$$g_i = (\sum(Y_i + 2P_{ii}) / r(p+2)) - (2Y_{...} / rp(p+2))$$

$$g_1 = (96,5/24) - (2(280,28)/3*6*8) = 0,129$$

$$g_2 = (87,72/24) - (2(280,28)/3*6*8) = -0,236$$

$$g_3 = (90,32/24) - (2(280,28)/3*6*8) = -0,128$$

$$g_4 = (101,48/24) - (2(280,28)/3*6*8) = 0,336$$

$$g_5 = (91,82/24) - (2(280,28)/3*6*8) = -0,0658$$

$$g_{65} = (92,72/24) - (2(280,28)/3*6*8) = -0,0283$$

$$\sum g_i = (0,129 + \dots + (-0,0283)) = 0,00$$

De acuerdo a estos resultados los mejores padres por ACG son el OlhoRoxo y el A-3020, los que cuales deben tenerse en cuenta para establecer un programa de mejoramiento; los demás presentan ACG negativas, que de acuerdo a Hallauer y Miranda (1988), debe considerarse como nula o cer

Varianzas de los efectos de ACG

$$S^2(g_i) = (p-1) S^2e / rp(p+2) = (5*1,356)/3*6*8 = 0,047$$

$$S^2(g_i - g_j) = 2 S^2e / r(p+2) = 2*1,356/3*8 = 0,113$$

Cálculo de los efectos de ACE para cada cruz

$$S_{ij} = (Y_{ij} / r) - ((Y_{i.} + 2P_{ii}) / r(p+2)) + (2Y_{.j} / r(p+1)(p+2))$$

$$S_{11} = 10,01/3 - ((96,5 + 96,5)/3*8) + 2(280,28)/3*7*8 = -1,368$$

Así se calculan los efectos de ACE para las 14 cruza restantes, obteniendose los resultados de la tabla III.

La tabla III, muestra que los mejores híbridos por su ACE son el OlhoRoxo x A3020 (1,740), OlhoRoxo x Angela Gigante (1,383) y Lanoso x A3020 (1,078) con rendimientos de 6,65, 5,89 y 5,73 kg/planta respectivamente. Estos patrones heteróticos podrían tenerse en cuenta para la producción de híbridos a nivel comercial.

Varianzas de parámetros relacionados a la de ACE

$$S^2(S_{ii}) = p(p-1) S^2e / r(p+1)(p+2) = (6*5*1,356)/3*7*8 = 0,242$$

$$S^2(S_{ij}) = (p^2 + p + 2) S^2e / r(p+1)(p+2) = (6^2 + 6 + 2) 1,356 / 3*7*8 = 0,2619$$

Estimación de parámetros para el modelo II (aleatorio)

$$H_0: S^2g = 0$$

$$FS^2g = CMACG / CMACE = 0,996 / 3,01 = 0,331$$

$$H_0: S^2s = 0$$

$$FS^2s = CMACE / CMerror = 3,01 / 1,365 = 2,219$$

En este caso, la S^2g indica que la varianza de ACG para los 6 padres se aproxima a cero, es decir, que no existe suficiente variabilidad entre los 6 padres como para ser explotada en un programa de mejoramiento. En cambio, existe variabilidad en ACE (S^2s), lo cual nos permite corroborar, tal como se dijo anteriormente, que en esta población son más importantes los efectos de dominancia que los efectos aditivos.

Cálculo de componentes de varianza

$$S^2g = (CMACG - CMACE)/r(p+2) = (0,996-3,01)/3*8 = -0,0838$$

$$S^2s = (CMACE - CMerror)/r = 3,01 - 1,356 = 0,551$$

$$S^2e = CMerror = 1,356$$

Respecto a los valores de varianza aditiva (S^2A) y varianza de dominancia (S^2D), a partir del ANDEVA de la tabla II, y dependiendo si los progenitores son no endocriados (F (coeficiente de consanguinidad)=0) o completamente endocriados ($F=1$), las expectativas serán las siguientes:

Si los progenitores no son endocriados:

$$S^2A = 4 * cov.MH(\text{medios hermanos}) = 4 * S^2g = 4 * (-0,0838) = -0,3352$$

$$S^2D = 4 * (cov.HC(\text{hermanos completos}) - 2cov.MH) = 4 * S^2s = 4 * 0,551 = 2,204$$

Si los progenitores son endocriados:

$$S^2A = 2 * cov.MH(\text{medios hermanos}) = 2 * S^2g = 2 * (-0,0838) = -0,167$$

$$S^2D = (cov. HC (\text{hermanos completos}) - 2cov.MH) = S^2s = 0,551$$

TABLA 1. Datos sobre producción por planta (kg/planta), de un cruzamiento dialélico entre seis padres de Tomate *Lycopersicon esculentum* Mill, bajo condiciones de Palmira.

Genotipo	Bloque I	Bloque II	Bloque III	Total	Promedio
1	3,13	3,26	3,62	10,01	3,336
2	3,52	2,21	6,15	11,88	3,960
3	3,92	4,75	5,17	13,84	4,613
4	4,10	6,51	4,81	15,42	5,140
5	4,32	3,81	3,69	11,82	3,940
6	4,78	3,59	5,15	13,52	4,506
1x2	4,30	2,70	4,48	11,48	3,826
1x3	4,28	2,95	4,43	11,66	3,886
1x4	7,75	6,74	5,47	19,96	6,653
1x5	6,07	5,41	6,20	17,68	5,893
1x6	4,98	6,43	4,29	15,70	5,233
2x3	3,76	3,66	3,92	11,34	3,780
2x4	4,39	2,55	6,62	13,56	4,520
2x5	3,71	4,92	5,70	14,33	4,776
2x6	6,35	2,92	3,98	13,25	4,416
3x4	4,89	6,23	6,08	17,20	5,733
3x5	3,92	2,92	4,45	11,29	3,763
3x6	3,00	3,90	4,25	11,15	3,716
4x5	3,01	2,14	4,46	9,61	3,203
4x6	5,47	2,29	2,55	10,31	3,436
5x6	3,75	7,28	4,26	15,27	5,09
TOTAL	93,4	87,15	99,73	280,28	4,448

TABLA II. Análisis de varianza. Producción por planta (kg/planta)

TABLA II. Análisis de variancia. Producción por planta (kg/planta).

F.V.	Gl	CM	ECM(mod.fijo)	ECM(mod. aleatorio)
Bloques (b)	b-1 = 2	1,886		
Genotipos (g)	g-1 = 20	2,506		
-ACG	p-1 = 5	0,996	$S^2e+b^*(p+2)/(p-1)\Sigma G^2$	$S^2e+bS^2s+b(p+2)S^2g$
-ACE (g-1)(p-1) = 15	3,010		$S^2e+b^*2/p(p+2)\Sigma\Sigma S^2$	S^2e+bS^2s
Error	(b-1)(g-1) = 40	1,356	S^2e	S^2e
Total	bg-1 = 62			

TABLA III. Tabla dialéctica de los efectos de ACE para cada cruce, del dialélico entre 6 padres de *L. esculentum*.

Padres	1	2	3	4	5	6	Σ
1	-1,368	-0,512	-0,560	1,740	1,383	0,685	0
2		-0,013	-0,301	-0,026	0,632	0,234	0
3			0,423	1,078	-0,489	-0,573	0
4				0,020	-1,544	-1,318	0
5					-0,375	0,737	0
6						0,116	0

BIBLIOGRAFIA

- ALLARD, R.W. Principios de la mejora genética de las plantas. Trad. por Montoya, J.L. Barcelona, Omega, 1967. 489p.
- ARIAS, C.M. Análisis de la heterosis y de la capacidad combinatoria general y específica para rendimiento y sus componentes de 20 líneas de maíz amarillo S2 *Zea mays*, en un cruzamiento dialélico. Tesis Ing. Agr. Palmira, Universidad Nacional, 1994. 180p.
- CEBALLOS, H. Principios básicos de genética cuantitativa. Palmira, Universidad Nacional, 1995. 254p.
- GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. Australian Journal of biological Sciences (Melbourne) 9(4): 463-493pp. 1956.
- HALLAUER, A.R. y MIRANDA, J.B. Quantitative genetics in maize breeding. Second ed. Iowa, Iowa State University Press, Ames, 1988. 468p.
- MENDOZA, A.I. Parámetros genéticos y relaciones de eficiencia en características agronómicas de sorgo *Sorghum bicolor* L. Moench. Tesis Ms.C. Palmira, Universidad Nacional, 1994.76p.
- OLIVER, L.F. Fundamentos de genética. Bogotá, McGraw-Hill, 1977. 393p.
- RAMOS, B.F. Estimación de parámetros genéticos mediante un cruzamiento dialélico entre 6 cultivares de tomate *Lycopersicon esculentum* Mill. Tesis Ing. Agr. Palmira, Universidad Nacional, 1992. 63p.
- URREA, R. Desarrollo de una técnica para evaluar la tolerancia en maíz a suelos ácidos y estudio de su herencia. Tesis Ms.C. Palmira, Universidad Nacional, 1994. 63p.
- VALLEJO, F. y GARCIA, A. Habilidad combinatoria para el carácter producción por planta y sus componentes primarios en un cruzamiento dialélico de 7 líneas de tomate chonto *L. Esculentum*. Acta Agronómica, (Colombia), 44 (1-4): 121-131. 1994.