

UNIVERSIDAD DE MADRID
FACULTAD DE CIENCIAS



TESIS DOCTORAL

**Influencia de la consanguinidad en la reducción del
intercambio factorial y en la no disyunción primaria en los
Cromosomas X de *Drosophila melanogaster***

MEMORIA PARA OPTAR AL GRADO DE DOCTOR
PRESENTADA POR

Mariano García Martínez

Madrid, 2015



UNIVERSIDAD COMPLUTENSE



531194576X

GARC
inj

INFLUENCIA DE LA CONSANGUINIDAD EN LA REDUCCION DEL
INTERCAMBIO FACTORIAL Y EN LA NO DISYUNCION PRIMARIA
EN LOS CROMOSOMAS X, DE DROSOPHILA MELANOGASTER,

POR

MARIANO GARCIA MARTINEZ

Tesis para aspirar al Grado de Doctor en Ciencias.
Sección de Naturales, por la Universidad Central.
Madrid.

= Marzo de 1.955.=



R-28.472

INTRODUCCION

=====

A propuesta del Patronato de la Misión Biológica de Galicia fui nombrado Becario del Consejo Superior de Investigaciones Científicas adscrito al Laboratorio de Citogenética. El Jefe de dicha Sección Dr. D. J. L. Blanco González conducía investigaciones acerca de las relaciones de la consanguinidad con las anomalías meióticas y, tras sus trabajos con líneas consanguíneas de maíz emitía una hipótesis para explicar en términos generales las causas de dichas anomalías. Esta circunstancia me indujo a continuar este estudio para el cual el Dr. Blanco me ofreció y puso a mi disposición, además del tema de trabajo, todos sus conocimientos valiosos sobre esos problemas y su inagotable entusiasmo. Señalada así la línea a seguir, decidí que mis investigaciones recayeran sobre el estudio de los efectos de la consanguinidad en el Intercambio factorial de Drosophila melanogaster con el propósito de comprobar la generalidad del fenómeno estudiado.

Paralelamente pensé que tal estudio podría ser objeto de una tesis para aspirar al Grado de Doctor en Ciencias Naturales y acudí al Dr. Don Salustio Alvarado Catedrático de la Facultad de Ciencias Naturales de la Universidad Central consultándole mis proyectos al objeto de, que si los encontraba favorables, suplicarle la dirección de la Tesis, obteniendo así su padrinazgo y con él sus valiosas e inextinguibles sugerencias y estímulos durante todo el largo desarrollo de estos trabajos, los cuales agradezco profundamente.

Al ver ahora realizado este proyecto vienen a mi mente las ayudas de todo orden que me han brindado tanto el Director del Centro Don Cruz Gallástegui como el personal técnico. A todos ellos y en especial al Dr. Blanco González y al laborante Don José Luis Úbeda, que me han prestado inestimable ayuda, desco manifestar mi más sincero agradecimiento.

Varios investigadores han descrito anomalías meióticas en líneas consanguíneas, Beadle (1932-33) en maíz, cita el efecto de asinapsis, producido por un gen recesivo.

Según Lamm (1936), la frecuencia de quiasmas en líneas consanguíneas de centeno, generalmente es más baja, que en las poblaciones de la misma especie. Igualmente, en dichas líneas, ocurren frecuentemente muy variados disturbios meióticos.

Burnham (1941), encontró un gen causante del aborto del polen en una línea consanguínea de maíz, el cual en homocigosis es letal sobre el polen que lo lleva.

Müntzing y Praakken (1941), apuntan la idea de estudiar las aberraciones cromosómicas en líneas puras de centeno.

Praakken y Müntzing (1942) observaron en líneas de centeno, con 15 generaciones de consanguinidad, los T cromosomas, y estudiadas simultáneamente la intensidad de expresión del T fenómeno en las líneas y en sus correspondientes híbridos, resultó intermedia de la manifestada en las líneas paternas.

Johnson (1944), estudiando familias consanguíneas e híbridos de *Alopecurus*, describe muy variadas anomalías citológicas solamente en las líneas.

Blanco, J.L., y Rodríguez (1946), citan la consanguinidad, como probable causa originaria de variaciones cromosómicas.

Blanco, J.L. (1948), en su tesis para el Doctorado de Ciencias Naturales, presentada en 1947, en la Universidad Central, "Anormalidades meióticas en relación con la consanguinidad" en *Zea Mays*, L. señala en líneas consanguíneas de maíz de la Misión Biológica de Galicia (Pontevedra), la frecuencia de anomalías meióticas, tanto estructurales, como fisiológicas. Considera a la homocigosis como causante de tales anomalías.

Uno de los primeros efectos - el más fundamental para nuestro trabajo de investigación - es la reducción de la frecuencia de los quiasmas, hasta el caso límite de la asinapsis.

Por consiguiente, estima la reducción del intercambio factorial, como un efecto de la consanguinidad, que es el tema de nuestra Tesis, aplicada a *Drosophila Melanogaster*. Hace un estudio de la heterosis, y apunta las alteraciones estructurales meióticas como uno de los factores en la filogenia de las especies.

Müntzing A y Akdik. S. (1948), comparando generaciones consanguíneas de *Secale cereale* con datos de plantas de poblaciones libres, observaron en las primeras, diversas anomalías meióticas atribuidas a la consanguinidad.

Como iguales respuestas a la homocigosis ocurrieron en *Alopecurus* (Johnson) y en *Zea Mays* (Blanco 1948), ya citadas anteriormente, este último adelantándose a la recomendación que los autores Müntzing A y Akdik. S. hacen en su publicación de la necesidad de continuar estudio de los efectos de la consanguinidad en las especies alógamas en general, planteó este trabajo en la Misión Biológica de Galicia, en Enero de 1947, cediendo el honor de su realización al que suscribe esta Tesis.

Blanco, J. L. (1948), en su comunicación al Congreso Internacional de Genética de Estocolmo (1948), señala el hecho de que siendo el Intercambio factorial función de la homología estructural entre los cromosomas, cuando en las especies alógamas esta homología se transforma en identidad, por efecto de la consanguinidad, de la homocigosis; paradójicamente se reduce el Intercambio hasta dar lugar a la asinapsis.

Se ha señalado que varios agentes entre los que no está incluida "la consanguinidad" pueden producir una variación en los valores del "Intercambio". En los cromosomas de *Drosóphila melanogaster*, dicha variación, en general, es amplia en las regiones próximas al centrómero, pequeña o nula en otras partes.

Resumimos a continuación las informaciones sobre este asunto, en relación con nuestras investigaciones.

A) Factores ambientales:

a) La influencia de la temperatura, en *Drosóphila* es muy notoria. Hay un valor mínimo de Intercambio, a los 25° (temperatura óptima para el cultivo de esta mosca, y dos valores máximos a los 13° y 37°, temperaturas bastante extremas para su vida. Estos incrementos se observan solamente, en las regiones adyacentes al centrómero y son débiles o nulas en otras regiones, de acuerdo con la actuación general de los factores que afectan al Intercambio factorial, hasta ahora señalados. Plough (1917, 1921) Stern (1926) y Graubard (1932).

Si se traslada un fragmento de un cromosoma situado en una zona no afectada por la temperatura y se lleva cerca del centrómero por medio de una inversión, entonces, muestra ese fragmento los efectos característicos de la temperatura en su nueva posición, Graubard, M. (1932)

b) La edad de la hembra también influye en los valores del Intercambio factorial, en *Drosóphila melanogaster*.

Bridges (1927), encontró un primer mínimo en el III cromosoma, en el periodo 9-11 o 13 días de huevos de puesta, en la cuarta región, localizada cerca del centrómero y un segundo mínimo a los 24 días de la edad de las hembras.

En cambio el mismo Bridges, no encuentra variación apreciable de dicho valor, en el cromosoma X.

Sin embargo Stern (1926), halla una disminución significativa, para dicho valor en la región B-bb del cromosoma X en las hembras de 7-13 días de edad.

c) Los rayos X, aumentan los valores del Intercambio en los cromosomas II y III, Mawor, H. W y H. K. Svenson (1924) y (1924) Mawor, J. W. (1929), Muller. H. J, (1925).

En el cromosoma X, producen una disminución del valor del Intercambio entre *cosina* y "miniature", Mawor, J. W. (1923), Plough H. (1924)

d) Los rayos ultravioletas, según Eloff, aumentan débilmente los valores de Intercambio en "repulsión" y disminuyen ligeramente en "coupling".

e) Las sustancias radiactivas también afectan a la frecuencia del fenómeno.

Todos estos agentes citados, repetimos, tienden a provocar un efecto más intenso en la región del centrómero. Stern. (1933).

f) Algunos agentes químicos influyen sobre la formación de quiasmas, con efectos diversos según las especies estudiadas. Darlington, C. D. (1947).

g) Según Neel, J. V. (1941). La nutrición de la larva influye sobre la frecuencia de quiasmas; así, larvas privadas de todo alimento desde las 70 horas de la vida larval, hasta la formación de la pupa (26°C), aumentó la frecuencia de quiasmas en las *Drosóphilas* del experimento, en relación a los controles.

La nota distintiva de esta influencia nutritiva es que, actuó más

a) Influencia del sexo. En la mayoría de las especies estudiadas, hay Intercambio factorial en ambos sexos; o bien, el Intercambio es menor en uno de ellos. Cuando uno de estos dos fenómenos ocurre, la reducción o anulación del Inter. afecta al sexo heterog.

En los animales, el sexo puede influir en el "Intercambio".

En *Drosóphila* ($\text{♂} = XY$), no hay intercambio factorial, ni en los cromosomas sexuales, XY, ni en los autosomas, (Morgan, 1912).

En algunos casos han sido encontrados "Intercambios" entre X e Y, probablemente cerca del centrómero. (Stern 1936, Philip 1935).

La elevada temperatura y rayos X, han producido "Intercambio factorial en los cromosomas II y III, cerca del centrómero en el macho. (Fricson 1934).

Cánara y Vasconcelos, indujeron "Intercambio" en los ♂ de *Drosóphila*, con una frecuencia de 2'5 a 6 %, por rayos X.

Un caso similar a la conducta general de "no Intercambio" en el ($\text{♂} = XY$) de *Drosóphila*, ocurre en la ($\text{♀} = XY$) del gusano de seda (*Bombyx*) (Tanaka, en Sturtevant, 1915).

Tampoco hay "Intercambio" en la hembra de la polilla *Galleria mellonella*. (Smith 1938).

En las plantas: Los datos de las especies dioicas son inconcluyentes.- En las monoicas, se han citado diferencias de "Intercambio" para ciertas regiones, en micro y macro esporocitos, en cambio, no se han observado en otras; sin embargo, se necesitan más datos para sacar conclusiones generales Stadler, L. J. (1926).

Hay otros factores que influyen en la frecuencia de Intercambio.

b) Los factores C, en *Drosophila*, son dominantes y disminuyen o suprimen enteramente el entrecruzamiento en algunas regiones cromosómicas.

Probablemente, un gran número de estos factores C (supresores), son inversiones Graubardl (1932), y también otras modificaciones estructurales, como las traslocaciones, influyen en el entrecruzamiento de los cromosomas.

Los casos de anomalías estructurales, en las que, condiciones de orden mecánico son la causa fundamental de reducción de quiasmas, no las consideramos en relación estrecha con el problema que nos ocupa.

Por selección, es posible obtener líneas de maíz, en las que la frecuencia de Intercambio para algunos genes son muy diferentes, Collins 1927.

Es posible que también en este caso fueron seleccionadas pequeñas inversiones, o sea factores C, con pequeña acción cada uno de ellos, pero que sumados ejerzan un efecto evidente. Serra (1949).

c) Un nuevo factor puede ser considerado en esta breve exposición de los agentes que influyen en la frecuencia de quiasmas.

Un premiótico entrecruzamiento gonial, si ocurriera frecuentemente, originaría una falla en la proporción constante entre recombinaciones en alguna región cromosómica. Whittighile, M. (1950). Se han tenido en cuenta toda esta serie de circunstancias que modifican la frecuencia del Intercambio factorial, para experimentos de nuestras investigaciones, por lo cual, para soslayar todos estos variados agentes que afectan al Intercambio factorial nuestros experimentos consistieron en comparar la frecuencia de Intercambio factorial de líneas y sus correspondientes Híbridos, cultivando unos y otros simultáneamente, y en las mismas circunstancias.

De antiguo se sabe que la consanguinidad en animales domésticos y plantas superiores disminuye la fecundidad, llegando hasta la extinción de la extirpe en casos extremos.

Los numerosos experimentos de Darwin con plantas, permiten llegar a una conclusión parecida, en donde los individuos procedentes de autofecundaciones eran menos vigorosos que los de fecundación cruzada.

Es ya clásica la depresión producida por la autofecundación en maiz estudiada por Shull y East (1905), y desarrollada posteriormente por Jones y otros.

Algún reparo surgió con los ratones blancos estudiados por King, en los cuales, después de 25 generaciones de hermanos, se conservaba el vigor inicial; sin embargo hay que advertir que en este caso los individuos más vigorosos fueron seleccionados.

En *Drosophila* se llega rápidamente a una pérdida de vigor en algunas líneas, sin embargo, en otras, no se nota baja apreciable, según la opinión general; por nuestra parte hemos observado en *Drosophila melanogaster* el declive que experimentan las líneas consanguíneas obtenidas por uniones de una sola pareja de hermanos.

Ahora bien la hibridación de estas líneas, un tanto deterioradas, produce un vigor que en muchos casos supera el de los progenitores.

Es clásico el maiz híbrido. El vigor híbrido también se presenta en los animales; en *Drosophila melanogaster* es evidente cuando se realiza entre líneas muy consanguíneas, de igual modo que sucede, en general, en maiz. Iguales resultados se han encontrado, en gallinas, cobayas y otros animales de fecundación alógena.

Hay diversas interpretaciones genéticas sobre heterosis, y no vamos a entrar en una larga exposición; desde luego la heterocigosis va acompañada a menudo de una descendencia más vigorosa. Que este vigor híbrido sea debido a una interacción de alelos "overdominancia" o a una interacción de genes dominantes, su solución es todavía objeto de estudio.

Las hipótesis de East y Jones sintetizan las existentes respecto a consanguinidad y heterosis.

Para East, la heterocigosis supone complementación de funciones entre genes alelomorfos, por consecuencia la consanguinidad al determinar homocigosis reduce, destruye las complementaciones existentes en los organismos resultantes de la fecundación cruzada.

La de Jones parte de la observación de la frecuencia de los genes deletéreos, de condición recesiva en las especies de fecundación cruzada. Para éste el efecto de la consanguinidad es el debido a la homocigosis de estos genes y la manifestación de sus efectos deletéreos.

Para poner de manifiesto de tales genes deletéreos en poblaciones de fecundación cruzada citamos los trabajos de Dobzhansky y Dubinin:

Dobzhansky Holz y Sparsky (1941) encontraron genes recesivos mutantes en poblaciones naturales de *D. pseudoobscura* sobre los cromosomas II-III y IV, cuyos porcentajes varían según la clase de genes y cromosomas y cuyos efectos en homocigosis, pueden ser letales y semiletales del orden del 21 % en el II; "modificadores" deletéreos, 21 % en el mismo cromosoma; "modificadores" favorables 1 % y genes que producen cambios visibles de estructura 4 % sobre el mismo cromosoma.

Dubinin y sus colegas, Timoféeff-Rossovsky, Spencer han encontrado en diversas especies de *Drosophila*, *D. pseudoobscura*, *D. melanogaster*, *D. fúnebris* y otras, muchos genes recesivos mutantes, ocultos fenotípicamente en heterosis.

El coeficiente de consanguinidad alcanzado en las sucesivas generaciones eligiendo siempre una sola pareja de hermanos, es en general, muy elevado;

La inmensa mayoría de los datos acusan un coeficiente superior a 99,276, llegando a 99,997.... en las últimas generaciones ensayadas.

La línea recurrente P₂ utilizada para los retrocruzamientos tienen un coeficiente superior a 99,9974.....

A continuación exponemos las fórmulas y tablas calculadas para hallar dicho coeficiente hasta la generación S₆₉.

Para hallar dicho coeficiente, utilizamos la fórmula de Wright, (Se)wall, aunque para los cálculos, hemos tenido en cuenta el trabajo de Cruden Dorothy, que nos ha permitido abreviar notablemente, más aún, al ser favorecidos por tratarse de uniones sistemáticas sencillas.

La fórmula es $F_x = \left[(1/2)^{n+n'+1} (1 + F_A) \right]$ en la cual F_x representa el grado de consanguinidad del individuo X; A = ascendiente común a la línea paterna y materna. Σ = suma de los diferentes cálculos que pueden hacerse tomando cadenas de ascendencias tales, que pasen por un ascendiente común por parte de padre y madre y en las que no se pase más de una vez por cada ascendiente. n y n' = número de generaciones que hay desde la madre y el padre respectivamente, al ascendiente común, en la cadena que se considere. F_A = grado de consanguinidad de A, ascendiente común al padre y a la madre. Si no tiene historia de consanguinidad, $F_A = 0$.

En el caso de los Retrocruzamientos hacia la línea pura, F_A , representa la consanguinidad de la línea recurrente, que en todos nuestros casos se aproximaba al 100 % de homocigosis.

Siguiendo el trabajo de Cruden Dorothy (1949), hemos deducido las siguientes fórmulas para calcular el coeficiente de consanguinidad de un individuo de una generación determinada.

$$\text{Entre hermanos} = X_n + 1 = \frac{1}{4} [100 + 2 X_n + X_n - 1]$$

$$\text{Para autofecundaciones: } X_n = \frac{1}{2} [100 + X_n - 1]$$

Para Retrocruzamientos: en que el individuo recurrente es siempre el mismo, absolutamente homocigótico, o bien, como en nuestro caso son individuos de una línea pura.

$$X_n + 1 = \frac{1}{2} [100 + X_n]$$

Generación de Retrocruzamiento	% de Homocigosis probable	% de Heterocigosis probable
R ₁	50'	50'
2	75'	25'
R ₃	87'5	12'5
R ₄	93'75	6'25
R ₅	96'875	3'125
R ₆	98'4375	1'5625
R ₇	99'21875	0'78125
R ₈	99'609375	0'390625
R ₉	99'8046875	0'1953125
R ₁₀	99'90234375	0'0976562'5

En maíz se han encontrado en algunas variedades, diversas porcentajes de individuos heterocigóticos para varios genes recesivos, algunos de éstos son letales o semiletales.

Aunque se faltan datos seguros para otras poblaciones, lo cierto es que en *D. Sôphila* y en maíz, hay un gran número de genes perjudiciales o ocultos por la heterocigosis, como lo demuestran los ensayos de consanguinidad y heterosis.

resultantes de uniones entre hermanos, según la fórmula Wright, Sowell; calculados siguiendo las orientaciones Cruden Dorothy.

$X_1 = 0'$	$X_{24} = 99'276442$	$X_{47} = 99'994412$
$X_2 = 25'$	$X_{25} = 99'414629$	$X_{48} = 99'995236$
$X_3 = 37'5$	$X_{26} = 99'526425$	$X_{49} = 99'996146$
$X_4 = 50'$	$X_{27} = 99'616870$	$X_{50} = 99'996888$
$X_5 = 59'375$	$X_{28} = 99'690041$	$X_{51} = 99'9974805$
$X_6 = 67'1875$	$X_{29} = 99'749238$	$X_{52} = 99'99796225$
$X_7 = 73'4375$	$X_{30} = 99'778836$	$X_{53} = 99'9974805$
$X_8 = 78'515625$	$X_{31} = 99'826727$	$X_{54} = 99'9986662$
$X_9 = 82'6172125$	$X_{32} = 99'858072$	$X_{55} = 99'9989208$
$X_{10} = 85'9375125$	$X_{33} = 99'885718$	$X_{56} = 99'999127$
$X_{11} = 88'623059375$	$X_{34} = 99'907377$	$X_{57} = 99'9992937$
$X_{12} = 90'7959078125$	$X_{35} = 99'925118$	$X_{58} = 99'9994278$
$X_{13} = 92'255371875$	$X_{36} = 99'939403$	$X_{59} = 99'999537$
$X_{14} = 93'975836328$	$X_{37} = 99'950981$	$X_{60} = 99'999625$
$X_{15} = 95'12634785$	$X_{38} = 99'960341$	$X_{61} = 99'999697$
$X_{16} = 96'057133008$	$X_{39} = 99'967916$	$X_{62} = 99'999755$
$X_{17} = 96'818153467$	$X_{40} = 99'974043$	$X_{63} = 99'999802$
$X_{18} = 97'419359985$	$X_{41} = 99'979000$	$X_{64} = 99'999840$
$X_{19} = 97'912218359$	$X_{42} = 99'983011$	$X_{65} = 99'9998705$
$X_{20} = 98'310949176$	$X_{43} = 99'986255$	$X_{66} = 99'999897$
$X_{21} = 98'633529178$	$X_{44} = 99'988880$	$X_{67} = 99'999916$
$X_{22} = 98'894501383$	$X_{45} = 99'991004$	$X_{68} = 99'999932$
$X_{23} = 99'105632986$	$X_{46} = 99'992722$	$X_{69} = 99'999945$

Obtención de estirpes, con dos genes marcadores del cromosoma X. - Partiendo de las cepas homocigóticas para un "gen" marcador del cromosoma X multiplicadas en poblaciones numerosas hemos sintetizado nuestras estirpes de experimentación según el esquema general que sigue:

$$P_1, \frac{a B}{a B} \times P_2, Ab/Y$$

$$F_1 aB/Ab - aB/Y$$

$$S_1 aB/aB, \quad ab/aB,$$

$$AB/aB, \quad Ab/aB$$

$$aB/Y, \quad ab/Y$$

$$AB/Y, \quad Ab/Y$$

$$1 \text{ ♀ } A?/aB \times \text{♂ } ab/Y \text{ de } S_1$$

Eligiéndose las progonias resultantes de hembras Ab/aB a saber:

$$S_2 = \begin{matrix} Ab/ab, AB/ab, ab/ab, aB/ab \\ ab/Y, AB/Y, ab/Y, aB/Y \end{matrix}$$

De esta descendencia ya se pueden segregar las ♀♀ AB/ab y los ♂♂ ab/Y , las primeras heterocigóticas para los genes marcadores ligados y los segundos homocigóticos doble recesivos para los mismos genes; en las clases punto de partida para la obtención de líneas consanguíneas portadoras de dicho par de genes ligados en heterocigosis. Para ello se han seguido simultáneamente los esquemas A y A'.

ESQUEMA A

Obtención de la Estirpe consanguínea, heterocigótica para un par de genes marcadores ligados.

$$S_2 = 1 \text{ ♀ } AB/ab \times 1 \text{ ♂ } ab/Y$$

$$S_3 \begin{matrix} AB/ab, Ab/ab, aB/ab, ab/ab \\ 1 \text{ ♀ } Ab/ab \end{matrix} \quad \begin{matrix} AB/Y, Ab/Y, aB/Y, ab/Y \\ 1 \text{ ♂ } aB/Y \end{matrix}$$

$$S_4 \begin{matrix} Ab/aB, ab/aB \\ 1 \text{ ♀ } Ab/aB \end{matrix} \quad \begin{matrix} ab/Y, ab/Y \\ x 1 \text{ ♂ } ab/Y \end{matrix}$$

$$S_5 \begin{matrix} Ab/ab, AB/ab, ab/ab, aB/ab \\ 1 \text{ ♀ } AB/ab \end{matrix} \quad \begin{matrix} Ab/Y, AB/Y, ab/Y, AB/Y \\ x 1 \text{ ♂ } ab/Y \end{matrix}$$

$$S_6 \begin{matrix} AB/ab, Ab/ab, aB/ab, ab/ab \\ \end{matrix} \quad \begin{matrix} AB/Y, Ab/Y, aB/Y, ab/Y \\ \end{matrix}$$

oct.

S_n

El Esquema A - es peculiar de las Estirpes, C, I y D, hasta las S_{40} , S_{24} y S_{40} respectivamente; en las S - siguientes se multiplicaron con arreglo al Esquema A', al cual corresponden todos los valores de Intercambio factorial que fueron observados en generaciones posteriores a las referidas.

Obtención de las Estirpes consanguíneas, heterocigóticas para un par de genes marcadores ligados.

S₂ 1 ♀ AB/ab x 1 ♂ ab/Y
S₃ AB/ab, Ab/ab, aB/ab, ab/ab AB/Y, Ab/Y, aB/Y, ab/Y
1 ♀ AB/ab x 1 ♂ ab/Y
S₄ AB/ab, Ab/ab, aB/ab, ab/ab AB/Y, Ab/Y, aB/Y, ab/Y
1 ♀ AB/ab x 1 ♂ ab/Y
.
.
etc
.
.
S_n

El esquema A', fué el más empleado correspondiente, a las Estirpes C', N', D', E, B, K y H.

Esquema general del trabajo.- Siendo el propósito comprobar si el Intercambio factorial era ó no afectado por la consanguinidad, se obtuvieron líneas consanguíneas en cada una de las cuales se mantuvieron heterocigóticos, por selección, un par de factores ligados, con objeto de que tras un cierto número de reproducciones consanguíneas se pudiera determinar el Intercambio entre tales genes.

Como control se hicieron híbridos entre las líneas objeto de estudio y otras líneas consanguíneas portadora de los genes normales correspondientes obtenida a la vez que las otras en el laboratorio y entre dichas líneas problema de estudio y la variedad silvestre, tomada de la naturaleza y reproducida en cultivos de poblaciones en el laboratorio.

Así cada comparación comprendió: La línea consanguínea objeto de estudio que simbolizamos por I. Híbrido de esta línea con la variedad silvestre representado por II. Híbrido de esta línea con la línea pura designado por III. Por las ventajas de trabajo que ofrece, se eligió, para estudio, el cromosoma X. en los segmentos siguientes: y-w, w-ct, ct-v, v-m, y/m, ct-B, y-B, comprendiéndose así el cromosoma X en casi toda su longitud.

Algunos segmentos fueron estudiados en dos estirpes diferentes, aunque originarios de un mismo cruce ó F₁, las cuales se obtuvieron según los esquemas A y A' que más adelante se detallan.

Todas las estirpes fueron representadas por varias subestirpes, o sublíneas.

Pasado un cierto número de generaciones consanguíneas y supues un alto grado de homocigosis, se procedió al análisis del Intercambio factorial en dichas líneas y sus correspondientes híbridos.

Hacia la generación S₄₆ se observó en las Estirpes C-C' la presencia de clases genéticas inesperadas que hizo sospechar la existencia de "no disyunción". Este fenómeno motivó un estudio aparte que comprendió la comprobación de, 1º si se trataba de un caso de "no disyunción" y si ésta era o no primaria, y 2º la relación que este fenómeno tenía con la consanguinidad.

Por último, tanto la frecuencia del Intercambio factorial como la "no disyunción" fueron sometidos a una prueba para comprobar si el citoplasma tenía o no alguna influencia en ello

pes homocigóticas para esos genes, recibidas del Laboratorio de Genética del Itto. José Celestino de Farmacognosia, C. S. de I. C., el cual, a su vez los había recibido de la Estação Agronómica Nacional, Sacavem (Portugal) (+)

Medio de cultivo para Drosophilas.-

Agua	1.000	c. c.
Miel de abejas	180	c. c.
Agar - Agar	10	grs.
Harina de maíz	133	"
Levadura de pan	25	"

Análoga a la fórmula de Bridges (Bridges fórmula, for salivary glands. 1932. of. Dros Inf. Service, p. 62. 1936) modificada para nuestro propósito.

Para lo cual se redujo al 50 % la cantidad de agar - agar y se aumentó notablemente la cantidad de Levadura de pan, modificaciones que nos produjeron un medio de cultivo más fluido y muy rico en levaduras; dicho medio al principio se utilizaba unas horas después de la abundante fermentación que tenía lugar.

Se utilizaron frascos de boca ancha de 150 cc con 45 cc de medio nutritivo.

Se aislaban con gasa doblada convenientemente, regularizando su humedad, con papel de filtro.

También se usaron infinidad de tubos cilíndricos de vidrio, con rebordo, de 30 cms x 90 cms = 63 cc, conteniendo de 20 a 25 cc de alimento para la simple reproducción entre hermanos.

La cámara de cría se mantuvo a una temperatura oscilante entre 23°C y 25°C.

Las líneas puras silvestres para obtener Híbridos III, pertenecieron a las generaciones comprendidas entre F₄₂ (12-5-51) y F₇₆ (23-11-51).

Las líneas consanguíneas se obtuvieron por uniones de hermanos introduciendo en el frasco solamente una pareja.

Teniendo en cuenta los agentes que influyen en el Intercambio factorial hemos tomados las precauciones necesarias para eliminarlos ó compensarlos en nuestras pesquisas sobre la consanguinidad, como nuevo factor, que pudiera influir en el Intercambio factorial. Para ello se han sometido las Líneas consanguíneas y sus correspondientes Híbridos a las mismas condiciones ambientales, realizándose las correspondientes uniones en el mismo momento, tanto en Líneas como en sus respectivos controles, con los mismos días de huevos de puesta, generalmente 6 días, realizándose el contaje simultáneamente; todo ello en la misma cámara, que oscilaba de 23°C a 25°C y con igual alimentación; de esta forma se igualaron en las líneas y los híbridos controles o testigos las circunstancias que se sabe influyen en el intercambio factorial poniéndose en juego un factor nuevo, la consanguinidad, objeto de nuestro trabajo de investigación.

Como hemos dicho, exploremos los cromosomas X, en los siguientes segmentos: y-w = 1-5 u, porción distal, estirpe E; segmento w - ct = 8,5 u, también región distal estirpe = B; segmento ct - v = 13,0 u, estirpes C y C'; segmento v - m = 3,1 correspondiente a las estirpes N y ' ; segmento y - m = 36,1 u; estirpe K; segmento proximal ct - B = 7,0 u, estirpe = H; segmento y - B = 57,0 u, que comprende la casi totalidad del cromosoma; estirpe D y D'.

No damos valores de Intercambios factoriales considerados normales "standard", por las dificultades bibliográficas surgidas, para encontrar dichos valores para todos los segmentos referidos, obviándose esta insuficiencia bibliográfica al introducir los controles, Híbridos, que todo momento fueron cultivados, a la vez que las corras

plificación sin la observación de los referidos controles, puesto que verdaderamente, el objetivo de nuestro trabajo consistía en investigar las diferencias de Intercambio factorial entre Líneas consanguíneas y sus híbridos correspondientes, situados ambos en idénticas condiciones.

DETERMINACION DEL INTERCAMBIO FACTORIAL EN LINEAS E HIBRIDOS

Las distintas líneas y Sub-Líneas, fueron observadas en grados de consanguinidad diferentes: La Línea más joven, -H, (ct - B), fué estudiada entre las generaciones S₁₄ y S₂₄ y la Sub-Línea más vieja, C'c, (ct,v) fue probada entre las generaciones S₃₇ y S₅₃.

Las Líneas y Sub-Líneas, se cultivaron siempre, simultáneamente, y en la misma cámara sus cruces testigos, en idénticas condiciones, ambientales y de edad.

La totalidad de los individuos contados para medir valores de Intercambio factorial, es de 95.270 (noventa y cinco mil doscientos setenta) incluidas las hembras de D, D' y H y que no intervinieron en los cálculos de dicho Intercambio factorial.

Tanto en la Línea consanguínea, como en sus cruces testigos, se determinó el Intercambio factorial por retrocruzamiento, del doble heterocigótico para el par de genes marcadores, hacia el hemicigótico doble recesivo correspondiente; según los ES JUEMAS B y B' en donde se muestra como hemos medido el Intercambio factorial correspondiente a la gametogénesis S_n + 1, de las Líneas consanguíneas (I) y a las F₁ de los Híbridos, (II y III).

En las estirpes E, B, C - C'; N - N' y K se estudió el Intercambio factorial "coupling", siguiendo el esquema B, mientras que en las estirpes D - D' y H y el I.f. se estudió en la mayoría de los casos, en "repulsión" siguiendo el esquema B' y en contadas ocasiones en "coupling".

Interesando solamente el valor del Intercambio factorial de las Líneas consanguíneas en relación al Intercambio factorial de sus híbridos testigos, no se hicieron de cada línea simultáneamente, estudios de "coupling" y "repulsión" para contrarrestar, la acción de posibles diferencias de vitalidad de alguna de las clases, ya que en iguales circunstancias estaban los híbridos que la línea con que se comparaban.

ES JUEMA B

Para la observación del Intercambio factorial, en las Estirpes en "coupling"

Generación consanguínea = S_n

S_n P₁ 1 ♀ de la línea pura ab/ab x 1 ♂ AB/Y hermano P₂

I S_n - 1 = AB/ab x ab/Y (Línea pura (I))

6 ♀♀ AB/ab x 6 ♂♂ ab/Y

S_n - 2 AB/ab, Ab/ab, aB/ab, ab/ab AB/Y, Ab/Y, aB/Y, ab/Y

En la generación S_n - 2 es donde se determina el intercambio factorial de la S_n - 1 Línea pura (I).

(II)

F₁ AB/ab ab/Y (Híbrido (II))

6 ♀♀ AB/ab, x 6 ♂♂ ab/Y

Progenie F₂ AB/ab, Ab/ab, aB/ab, ab/ab AB/Y, Ab/Y, aB/Y, ab/Y

En la Progenie F₂ se determina el intercambio factorial de la F₁; Híbrido II.

S_n .. P₁ .. 1 ♀ de la línea pura ab/ab x 1 ♂ AB/Y .. P₂ Silvestre de la Línea pura "S₆₀" - Híbrido III.

(III)

F₁ AB/ab - ab/Y (Híbrido III)

6 ♀♀ AB/ab x ♂♂ ab/Y

Progenie F₂. AB/ab, Ab/ab, aB/ab, ab/ab AB/Y, Ab/Y, aB/Y, ab/Y

En la Progenie F₂ es dónde se determina el intercambio factorial, originado en la F₁ - Híbrido (III).

ESQUEMA B'

Para la observación del Intercambio factorial, en las Estirpes D y D', genes marcadores, "y" "B" y "H" gener marcadores "ct" "B".

Para obtener los híbridos II y III de las líneas D y D', los machos de la Línea S₆₀, de la variedad silvestre son de la constitución BY. Esto obligó a producir S_{n-1} y (II y III) doble heterocigóticas en "repulsión" 1 ♀ de Línea en estudio: By/By x ♂ By de la línea "S" o de variedad silvestre

♀ By/bY x By

Las ♀♀ By/By, distinguibles de sus hermanas by/BY por tener la "barra" de los ojos más estrecha.

Las ♀♀ By/By se cruzaron con los ♂♂ bY, según el esquema general B'. Para observar el Intercambio en Líneas e Híbridos, de esta forma;

1 ♀ By/By x 1 ♂ bY
Línea I
Silvestre II
Silvestre - S₆₀ - III
By/bY By/L

6 ♀♀ By/bY x 6 By/Y

By/By, BY/By, by/By, bY/By By/Y, BY/Y, by/Y, bY/Y.

Como consecuencia de esta modificación el Intercambio fué observado, como hemos dicho, en "repulsión" y, además, solamente en los OO.

En algunos casos, en las líneas puras, pero nunca en los híbridos, se contaron en "coupling" conforme a este esquema abreviado:

n ♀♀ BY/by x n ♂♂ by/L

BY/by, By/by, bY/by, by/by BY/Y, By/Y, by/Y, by/Y

En este caso, se contaron las cuatro clases, en las hembras y en los machos.

A continuación siguen los resultados expresados en sus correspondientes tablas:

Tablas que expresan la frecuencia numérica de las clases resultantes en el estudio del Intercambio factorial en líneas y sus correspondientes híbridos, en cultivos aislados y conjuntamente agrupados.

Tablas de valores de Intercambio factorial de sub-líneas (totalizadas en líneas) y de los correspondientes híbridos de sub-líneas (totalizados en híbridos de líneas). Para los cálculos de X^2 se utilizaron los totales.

Tablas resumen del Intercambio factorial.

Tablas (R') de diferencias de valores del Intercambio factorial entre líneas y sus correspondientes híbridos.

SUB-LINEA C_a - I

Culti
vos
Gonc-
racion
es de
las QQ

	Ctv/ctv	Número Ctv/ctv	de ctv/ctv	individuos ctv/ctv	de Ctv/	cada Ctv/	clase ctv/	ctv/	Total
S ₄₂ ...	33	2	0	11	29	1	1	26	103
S ₄₃ ...	80	8	3	56	98	15	11	79	350
S ₄₅ ...	90	12	11	90	94	10	9	81	397
S ₄₈ ...	90	16	11	102	102	13	10	90	434
S ₄₈ ...	27	4	5	21	28	4	3	29	121
S ₄₈ ...	131	21	14	140	112	15	13	129	575
Total	451	63	44	420	463	58	47	434	1.980

HIBRIDO C_a - II

S ₄₇ ...	125	18	22	105	121	11	15	94	511
S ₄₈ ...	84	9	7	70	82	10	5	93	360
Total.	209	27	29	175	203	21	20	187	671

SUB-LINEA C_b - I

S ₄₂ n	45	9	6	43	44	2	6	53	208
S ₄₃ ...	145	16	7	116	155	17	13	152	621
Total..	190	25	13	159	199	19	19	205	829

HIBRIDO C_b - II

S ₄₃ ...	96	12	4	62	89	10	3	68	344
S ₅₂ ...	39	5	6	37	45	3	7	29	171
	135	17	10	99	134	13	10	97	515

Culti
vos
Genera
ciones
de las
♀♀

	CtV/ctv	Ctv/ctv	ctV/ctv	ctv/ctv	CtV/	Ctv/	ctV/	ctv/	Total
S ₄₇ ••	36	4	3	86	91	12	7	88	387
S ₄₇ ••	65	6	3	66	72	3	9	92	316
S ₄₇ ••	64	5	2	53	47	5	4	46	226
S ₄₇ ••	71	3	3	60	62	4	5	94	302
S ₅₀ ••	32	1	3	26	30	0	2	27	121
Total	328	19	14	291	302	24	27	347	1.352

HIBRIDO C_d - II

S ₃₄ ••	116	6	19	108	142	12	13	95	511
S ₄₅ ••	54	10	3	54	48	5	7	68	249
S ₄₇ ••	78	7	14	95	78	9	15	98	394
Total	248	23	36	257	268	26	35	261	1.164

SUB-LINEA C'_a - I

	CtV/ctv	Ctv/ctv	ctV/ctv	ctv/ctv	CtV/	Ctv/	ctV/	ctv/	Total
S ₄₁ ..	29	5	2	21	34	2	1	17	111
S ₄₂ ..	145	14	12	106	143	9	15	134	578
S ₄₂ ..	30	0	2	13	15	1	3	11	75
S ₄₄ ..	14	1	1	16	29	3	2	15	81
S ₄₆ ..	57	2	8	61	51	1	4	63	247
S ₄₈ ..	23	2	1	26	25	3	1	30	111
S ₅₄ ..	41	4	4	39	33	8	4	41	174
Total.	339	28	30	282	330	27	30	311	377

HIDRIDO C'_a - II

S ₄₂ ..	51	16	3	52	61	9	10	41	243
S ₄₄ ..	103	5	9	53	115	17	11	57	300
S ₄₆ ..	62	5	11	56	66	6	5	50	261
Total	216	26	23	161	242	32	26	148	804

HIDRIDO C'_a - III

S ₄₃ ..	81	10	5	90	89	14	3	72	364
--------------------	----	----	---	----	----	----	---	----	-----

SUB-LINEA C_b - I

	CtV/ctv	Ctv/ctv	ctV/ctv	ctv/ctv	CtV/	Ctv/	ctV/	ctv/	Total
S ₄₁ ...	79	8	11	62	78	8	9	80	341
S ₄₅ ...	23	1	1	12	21	3	1	13	75
S ₄₆ ...	68	9	4	33	74	12	2	41	243
S ₄₇ ...	128	10	17	113	118	17	11	116	530
S ₄₉ ...	64	5	3	58	71	5	9	79	249
S ₄₉ ...	69	10	5	82	41	8	7	80	302
	431	43	41	360	403	53	39	415	1.785
	HIBRIDO C _b - II								
S ₄₁ ...	82	12	21	91	100	4	12	81	403
	HIBRIDO C _b - III								
S ₄₂ ...	45	1	5	28	51	3	5	50	188
S ₅₀ ...	61	8	13	59	64	3	12	59	279
S ₅₀ ...	67	6	17	59	73	13	15	75	325
Total..	193	15	35	146	188	19	32	184	792

	Ctv/ctv	Ctv/ctv	ctV/ctv	ctv/ctv	CtV/	Ctv/	ctV/	ctv/	Total
S ₃₇ ...	142	14	11	132	130	15	14	116	574
S ₄₇ ...	62	10	4		58	6	10	78	305
S ₄₈ ...	117	11	2	71	124	7	7	87	426
S ₄₉ ...	60	5	3	43	64	12	7	75	269
S ₄₉ ...	100	11	9	88	100	8	6	94	416
S ₄₉ ...	45	6	1	62	42	1	7	52	216
S ₅₃ ...	69	7	3	67	71	7	8	60	292
Total	595	64	33	530	599	56	59	562	2.498

HIBRIDO C'_c - II

S ₄₂ ...	131	8	17	132	139	14	11	111	563
S ₄₆ ...	41	3	3	27	37	0	13	29	153
S ₄₉ ...	74	4	7	65	83	7	4	72	316
S ₄₉ ...	23	4	5	33	21	4	2	30	122
S ₅₃ ...	39	5	6	37	45	3	7	29	171
S ₅₃ ...	55	6	8	55	69	11	10	84	290
Total	363	30	46	349	394	39	37	355	1.623

HIBRIDO C'_c - III

S ₃₇ ...	201	33	29	184	206	24	27	198	902
---------------------	-----	----	----	-----	-----	----	----	-----	-----

SUB-LINEA C_d - I

	CtV/ctv	Ctv/ctv	ctV/ctv	ctv/ctv	CtV/	Ctv/	ctV/	ctv/	Total
S ₄₁ ...	80	2	1	15	45	12	2	39	196
S ₄₁ ...	72	6	2	34	65	10	4	49	242
S ₄₂ ...	20	2	1	16	13	4	2	16	74
S ₄₇ ...	45	6	3	41	39	8	6	61	211
S ₄₈ ...	71	6	5	71	80	8	6	64	331
S ₄₈ ...	98	12	7	109	110	10	22	115	483
S ₄₉ ...	69	5	8	73	83	12	7	72	329
S ₄₉ ...	118	19	14	107	94	9	6	118	485
Total.	573	58	41	466	529	73	57	554	2.351

HIBRIDO C_d - II

S ₄₃ ...	75	10	5	47	59	13	2	36	247
S ₄₆ ...	63	9	0	4	68	9	0	10	163
S ₄₉ ...	56	9	14	63	67	9	6	56	230
S ₄₉ ...	86	7	9	101	86	8	8	80	385
S ₄₉ ...	87	10	17	74	86	6	11	93	385
Total.	367	45	45	289	367	45	27	275	1.460

HIBRIDO C_d - III

S ₄₁ ...	36	6	4	26	37	1	5	19	134
---------------------	----	---	---	----	----	---	---	----	-----

SUB-LINEA -- N_a -- I

	MV/mv	Mv/mv	mV/mv	mv/mv	MV/	Mv/	mV/	mv/	Total
S ₄₀ .m.	13	0	0	8	22	0	0	7	50
S ₄₄ ...	61	7	5	60	71	3	1	49	257
S ₄₆ ...	62	1	1	44	62	2	2	43	217
S ₄₇ .m.	127	3	0	72	112	8	2	112	436
Total..	263	11	6	184	267	11	5	211	960

SUB-LINEA -- N_b -- I

S ₃₉ ...	31	1	4	39	40	1	0	43	159
S ₄₄ ...	88	4	1	73	86	0	3	79	334
S ₄₅ .m.	71	2	5	58	74	2	0	53	265
S ₄₆ .m.	50	2	1	35	43	1	1	31	164
S ₄₇ ...	107	4	3	105	117	8	2	120	466
S ₄₇ .m.	91	3	2	81	88	3	6	82	356
S ₄₉ ...	94	4	2	79	111	4	3	76	373
Total..	532	20	18	470	559	19	15	484	2127

HIBRIDO N_b -- II

S ₄₃ ...	32	0	1	18	37	2	0	15	105
S ₄₇ ...	83	3	1	65	80	5	1	73	311
S ₄₉ ...	95	4	2	85	83	3	2	92	366
Total..	210	7	4	168	200	10	3	180	782

HIBRIDO N_b -- III

S ₄₁ ...	130	8	3	116	115	1	6	106	485
---------------------	-----	---	---	-----	-----	---	---	-----	-----

SUB-LINEA - N_c - I

	MV/mv	Mv/mv	mV/mv	mv/mv	MV/	Mv/	mV/	mv/mv	Total
S ₄₁ ...	47	0	2	37	36	3	1	33	159
S ₄₂ .m.	47	0	1	40	46	2	1	43	180
S ₄₄ ...	56	2	1	66	70	1	1	36	233
S ₄₅ ...	115	4	2	85	99	5	3	96	409
S ₄₇ ...	114	3	3	113	104	3	1	95	436
S ₄₈ .m.	68	0	1	56	59	0	0	55	239
S ₄₈ ...	104	1	5	100	121	4	4	101	440
S ₄₉ ...	103	2	4	140	131	4	3	132	559
S ₅₀ ...	161	3	3	145	133	3	7	146	601
S ₅₂ ...	179	3	4	168	171	5	6	190	726
Total.	1.034	18	26	950	970	30	27	927	4.002

HIBRIDO N_c - II

S ₄₄ ...	187	5	1	100	169	4	3	99	568
S ₄₈ ...	86	0	1	61	85	3	1	76	313
S ₄₃ ...	61	3	0	66	71	1	4	67	273
S ₅₀ ...	99	10	2	116	132	5	3	115	482
Total	433	18	4	343	457	13	11	357	1.636

HIBRIDO N_c - III

S ₄₈ ...	60	2	1	35	54	3	2	49	206
S ₄₈ ...	107	0	5	96	108	2	7	106	431
S ₄₈ ...	87	7	0	83	115	1	7	83	383
Total.	254	9	6	214	277	6	16	238	1.020

SUB-LINEA N_d - I

	MV/mv	Mv/mv	mV/mv	mv/mv	MV/	Mv/	mV/	mv/	Total
S ₃₉	70	3	1	51	63	1	2	46	237
S ₄₀	11	0	1	10	15	0	0	9	46
S ₄₄ .m..	63	3	1	46	52	0	2	71	238
S ₄₅	108	1	3	117	108	3	2	135	477
S ₄₆	33	0	4	43	48	0	2	44	174
S ₄₇ .m..	87	4	3	59	100	3	2	96	354
S ₅₂	76	6	0	76	71	1	3	62	295
Total ..	448	17	13	402	457	8	13	463	1.821

HIBRIDO N_d - II

S ₄₄	123	4	0	96	109	5	4	123	464
S ₄₆	36	2	1	44	54	1	4	38	180
S ₅₂	27	1	0	24	17	0	1	21	91
Total ..	186	7	1	164	180	6	9	182	755

HIBRIDO N_d - III

S ₃₉	47	1	1	31	58	3	1	41	183
S ₄₀	88	0	2	97	91	6	1	75	360
Total...	135	1	3	128	149	9	2	116	543

	MV/mv	Mv/mv	mV/mv	mv/mv	MV/	Mv/	mV/	mv/	Total
S ₄₅ ..m.	57	2	0	35	59	0	1	29	183
SUB-LINEA N' _b - I									
S ₄₅ ..m.	62	2	2	56	76	2	2	47	249
S ₄₉	102	1	3	105	97	2	3	82	395
S ₄₉	73	2	4	71	94	2	0	70	316
Total ..	237	5	9	232	267	6	5	199	960
HIBRIDO N' _b - II									
S ₄₅	137	7	1	98	129	3	2	99	476
HIBRIDO N' _b - III									
S ₄₀	49	1	3	32	38	0	1	34	158
SUB-LINEA N' _c - I									
S ₄₀	25	0		15	20	0	0	21	81
S ₄₄	51	1	0	50	62	1	0	39	204
S ₄₈	55	2	0	77	73	3	2	79	291
S ₄₈	131	3	0	142	155	4	2	139	582
HIBRIDO N' _c - II									
S ₄₃	85	3	0	23	77	1	1	17	207
SUB-LINEA N' _d - I									
S ₄₁	27	2	1	28	35	0	0	31	124
S ₄₄	35	0	0	21	45	0	0	19	120
S ₄₅	49	2	2	54	63	2	3	58	233
S ₄₆	95	5	2	100	88	1	1	45	337
Total..	206	9	5	203	231	3	4	153	814
HIBRIDO N' _d - III									
S ₄₀	53	3	0	36	19	2	0	42	155

	YW/yw	Yw/yw	yW/yw	yw/yw	YW/	Yw/	yW/	yw/	Total
S ₄₃	106	1	1	105	108	2	1	108	432
S ₄₃ ..m..	84	1	0	28	98	2	0	49	262
S ₄₃	85	0	0	44	95	2	1	59	286
S ₄₄	88	1	0	36	96	1	1	64	287
S ₄₄	84	1	1	85	90	0	3	60	324
S ₄₅	165	3	5	162	191	4	0	135	665
Total ..	612	7	7	460	678	11	6	475	2.256

HIBRIDO E_a - II

S ₄₂	114	3	2	76	94	1	1	87	378
S ₄₅	60	3	1	58	62	0	1	48	233
S ₄₇	119	0	2	141	125	1	3	129	520
Total ..	293	6	5	275	281	2	5	264	1.131

SUB-LINEA E_b - I

S ₄₂	64	1	2	21	56	0	1	43	188
S ₄₃	88	1	0	75	82	2	1	77	326
S ₄₃ ..m..	92	4	1	37	105	2	0	49	290
S ₄₄	64	1	1	66	76	1	1	68	278
S ₄₆	128	2	0	137	152	2	0	120	541
Total ..	436	9	4	336	471	7	3	357	1.623

HIBRIDO E_b - II

S ₄₄	69	0	1	66	61	1	0	39	237
S ₄₇	95	2	2	92	106	2	2	107	408
Total ..	164	2	3	158	167	3	2	146	645

	YW/yw	Yw/yw	yW/yw	yw/yw	YW/	Yw/	yW/	yw/	Total
S ₄₂	24	0	1	15	30	0	0	17	87
S ₄₂	67	0	0	25	62	0	3	46	213
S ₄₃	58	0	0	4	43	0	0	8	113
S ₄₃	177	4	1	100	180	1	1	75	539
S ₄₄	67	1	1	64	106	1	1	61	302
S ₄₅	115	2	1	135	101	2	2	104	460
Total ..	508	7	4	351	522	4	7	311	1.714

HIBRIDO E_c - II

S ₄₁	63	0	0	58	49	0	1	46	217
S ₄₂	124	1	0	87	91	2	2	81	388
S ₄₂	103	4	0	15	110	2	2	25	261
S ₄₅	103	2	1	109	100	4	3	89	411
Total ..	393	7	1	269	350	8	8	241	1.277

SUB-LINFA E_a - I

S ₄₃	78	1	4	58	65	0	2	66	274
S ₄₄	140	3	1	125	135	0	3	157	592
S ₄₅	165	2	2	151	164	2	4	160	630
Total ..	383	6	7	324	382	2	9	383	1.496

HIBRIDO E_a - II

S ₄₁	218	1	3	215	179	3	0	184	803
S ₄₃	104	1	0	31	69	2	0	29	236
S ₄₄	31	2	1	36	33	1	1	40	145
Total ..	353	4	4	282	281	6	1	253	1.184

SUB-LINEA B_a - I

	WCt/wct	Wct/wct	wCt/wct	wct/wct	WCt/	Wct/	wCt/	wct/	Total
S ₁₈ ..m...	52	3	8	31	47	5	3	33	182
S ₁₉	150	42	18	136	144	23	33	108	654
S ₁₉	114	13	9	58	89	11	3	55	352
S ₂₀	104	11	18	65	79	13	9	68	367
S ₂₁	135	10	8	102	112	13	14	90	484
S ₂₁	120	14	15	90	79	12	19	86	435
S ₂₃	104	6	17	91	109	11	13	94	445
S ₂₃	61	6	7	43	51	5	7	47	227
S ₂₄	98	11	9	67	91	8	3	66	353
S ₂₄	47	6	10	52	47	6	9	50	227

Total ... 985 122 119 735 848 107 113 697 3.726

HIBRIDO B_a - II

S ₁₇	80	12	21	35	71	14	14	42	289
S ₁₇	175	25	12	87	127	16	28	109	579
S ₁₉	76	12	12	51	71	4	8	54	288
S ₂₀	112	11	18	113	107	16	13	90	480
S ₂₆	80	14	16	71	87	7	15	95	385
S ₃₀	34	6	5	32	42	1	8	38	166

Total ... 557 80 84 389 505 58 86 428 2.187

SUB-LINEA B_b - I

	WCt/wct	Wct/wct	wCt/wct	wct/wct	WCt/	Wct/	wCt/	wct/	Total
S ₂₁	120	12	13	10	105	22	20	85	480
S ₂₁ ..m..	76	10	22	47	67	9	21	59	311
S ₂₅	126	12	31	106	104	26	22	91	510
S ₂₅	113	24	19	108	122	24	21	100	531
S ₂₅	48	15	16	47	44	12	12	50	241
S ₂₆	83	11	15	65	91	16	12	81	371
S ₂₆	105	14	16	111	120	23	17	114	581
Total ..	671	98	132	587	653	132	125	580	2.171

HIBRIDO B_b - II

S ₂₁	99	26	38	96	122	28	23	98	530
S ₂₆	71	7	12	51	60	5	12	42	231
S ₂₉	75	14	9	83	86	18	22	78	381
Total..	245	47	59	230	268	51	57	218	1.175

SUB-LINEA B_c - I

	WCt/wct	Wct/wct	wCt/wct	wct/wct	WCt/	Wct/	wct/	wct/	Total
S ₁₉	120	27	19	90	91	27	17	94	485
S ₂₁	109	5	12	74	169	8	13	70	369
S ₂₃	25	7	8	31	32	9	8	44	164
S ₂₃	104	6	17	91	109	11	13	94	445
S ₂₄	50	5	5	47	57	7	7	67	245
S ₂₄	78	9	7	60	57	11	13	65	300
S ₂₅	104	20	18	102	117	21	22	94	498
S ₂₉	63	18	20	58	60	16	21	62	310
Total..	653	97	106	553	601	110	114	590	2.824

HIBRIDO B_c - II

S ₁₉	75	16	16	70	66	7	15	54	319
S ₂₁	54	7	7	49	67	5	10	69	268
S ₂₃	78	15	9	77	91	15	20	75	380
S ₂₉	160	27	27	140	159	23	34	138	708
S ₃₀	34	6	5	32	42	1	8	38	166
Total..	401	71	64	368	425	51	87	374	1.841

	YM/ym	Ym/ym	yM/ym	ym/ym	YM/	Ym/	yM/	ym/	Total
S ₂₃	48	20	15	54	68	17	14	55	291
S ₂₉	33	18	20	40	41	17	13	32	214
Total...	81	38	35	94	109	34	27	87	505

HIBRIDO K_a - II

S ₂₁	81	24	24	55	74	29	24	59	370
S ₂₆	68	23	22	57	67	28	27	42	334
S ₂₇	39	13	10	33	36	12	10	40	193
S ₂₈	47	16	15	33	40	16	11	31	219
Total ..	235	76	71	178	217	85	72	172	1.116

SUB-LINEA K_b - I

S ₁₈	78	25	25	46	61	10	26	63	334
S ₂₂	63	24	13	61	68	20	20	82	351
S ₂₂ ..m..	37	22	10	44	42	11	18	38	222
S ₂₃	56	11	18	50	46	18	22	30	251
S ₂₅	53	12	17	50	55	14	24	46	271
S ₂₅	62	19	18	56	58	18	16	56	303
Total ..	349	113	101	307	330	91	126	315	1.732

HIBRIDO K_b - II

S ₂₇	29	12	18	24	39	6	15	31	174
S ₂₈	48	28	22	45	47	16	19	38	263
Total ..	77	40	40	69	86	22	34	69	437

SUB-LINEA K_C - I

	YM/ym	Ym/ym	yM/ym	ym/ym	YM/	Ym/	yM/	ym/	Total
S ₂₂	60	26	18	59	71	22	19	56	331
S ₂₃	85	28	23	53	68	18	17	76	368
S ₂₃	87	28	31	70	75	30	30	71	422
S ₂₆	47	8	13	41	33	13	11	31	197
S ₂₈	22	4	6	14	19	9	5	15	94
Total ..	301	94	91	237	266	92	82	249	1.412

HIBRIDO K_C - II

S ₂₇	21	10	6	4	15	10	10	1	71
-----------------------	----	----	---	---	----	----	----	---	----

HIBRIDO K_C - III

S ₂₇	18	10	10	18	32	11	9	26	128
-----------------------	----	----	----	----	----	----	---	----	-----

SUB-LINEA D_b - I

	BY/by	By/by	bY/by	by/by	BY/	By/	bY/	by/	Total
S ₃₈ ...m..	16	15	15	14	35	22	20	29	166
S ₃₉ ...m..	8	5	9	8	15	9	8	17	79
S ₄₁ ...m..	10	3	5	4	29	22	35	32	140
S ₄₂ ...m..	11	8	5	10	23	18	26	21	122
S ₄₄ ...m..	37	18	28	39	42	22	31	45	262
S ₄₅ ...m..	13	9	13	25	14	15	25	16	130
Total ...	95	58	75	100	158	109	145	160	899

SUB-LINEA D_d - I

S ₃₉ ...m..	17	17	9	15	32	6	23	29	148
S ₆₂ ...m..	20	7	15	20	37	23	28	41	191
Total ...	37	24	24	35	69	29	51	70	339

SUB-LINEA D'_a - I

S ₃₉ ...m..	21	21	19	22	37	17	25	24	186
S ₄₀ ...m..	37	27	28	41	44	30	38	33	278
S ₄₃ ...m..	13	23	16	23	16	16	25	21	153
Total ...	71	71	63	86	97	63	88	78	617

SUB-LINEA D'_b - I

S ₃₉ ...m..	25	8	20	11	18	10	11	24	127
S ₄₁ ...m..	15	16	20	31	23	18	22	30	175
Total ..	40	24	40	42	41	28	33	54	302

SUB-LINEA D'_c - I

S ₄₁ ...m..	21	14	22	22	57	18	34	57	245
------------------------	----	----	----	----	----	----	----	----	-----

SUB-LINEA - H_a - I

	CtB/ctb	Ctb/ctb	ctB/ctb	ctb/ctb	CtB/	Ctb/	ctB/	ctb/	Total
S ₁₇ ...m..	31	10	10	19	71	30	28	42	241
S ₁₉ ...m..	76	45	33	72	78	46	53	70	473
Total ...	107	55	43	91	149	76	81	112	714

SUB-LINEA - H_c - I

S ₁₁ ...m..	60	25	19	36	49	26	23	51	209
S ₁₅ ...m..	18	19	5	6	22	13	10	12	105
S ₁₈ ...m..	64	43	30	68	78	40	38	57	411
Total...	142	87	54	110	149	79	71	120	625

 QQ	yB/	yb/	YB/	Yb/	Total
S ₄₄ 53	14	7	11	21	106
S ₄₆ 108	47	37	23	55	270
Total 161	61	44	34	76	376
HIBRIDO D _a - II						
S ₄₇ 168	46	48	44	72	378
HIBRIDO D _a - III						
S ₄₆ 144	47	47	35	56	329
SUB-LINEA D _b - I						
S ₄₃ 31	18	32	20	21	122
S ₄₄ 341	66	63	61	99	628
S ₄₆ 134	70	51	43	60	358
Total 506	152	146	124	180	1.108
HIBRIDO D _b - II						
S ₃₆ 184	57	54	40	67	402

SUB-LINEA D_c - I

	♀♀	yB/	yb/	YB/	Yb/	Total
S ₄₄	185	46	38	33	42	344
S ₄₄	95	38	21	26	61	241
S ₄₄	35	29	13	15	25	117
S ₄₄	112	44	36	21	48	261
Total ..	427	157	108	95	176	963

HIBRIDO D_c - III

S ₃₇	124	15	13	33	53	238
S ₅₄	179	44	36	48	63	370
S ₅₄	180	56	46	46	58	386
Total ..	483	115	95	127	174	994

HIBRIDO D_d - II

S ₄₃	290	52	52	64	72	530
S ₄₅	214	72	48	51	75	460
Total ..	504	124	100	115	147	990

HIBRIDO D_d - III

S ₅₃	67	18	12	14	23	134
-----------------------	----------	----	----	----	----	-----

SUB-LINEA D'a - I

 QQ	yB/	yb/	YB/	Yb/	Total
S ₃₆	328	97	64	56	88	633
S ₄₄	65	23	38	22	41	189
S ₄₅	124	52	40	38	68	322
S ₄₇	182	95	55	57	71	460
Total..	699	267	197	173	268	1.604

HIBRIDO D'a - II

S ₃₆	325	86	65	65	86	627
-----------------------	-----------	----	----	----	----	-----

SUB-LINEA D' b - I

 QQ	yB/	yb/	YB/	Yb/	Total
S ₄₀	161	33	41	40	52	327
S ₄₃	295	70	62	67	96	590
S ₄₃	261	53	56	43	97	510
S ₄₃	308	53	60	43	77	541
S ₄₆	128	38	32	21	40	259
S ₄₇	60	22	22	15	23	142
S ₄₈	169	52	34	41	65	361
Total1382	321	307	270	450	2.730

HIBRIDO D' b - II

S ₄₀ 220	63	63	35	65	446
S ₄₀ 72	12	16	12	21	133
S ₄₃ 213	39	27	47	70	396
S ₄₃ 105	31	24	34	55	249
S ₄₃ 205	56	65	55	67	520
S ₄₆ 67	29	22	29	31	177
S ₄₈ 175	39	40	26	62	342
S ₄₈ 136	44	27	26	42	275
S ₄₈ 88	29	32	14	18	101
S ₄₉ 218	55	37	54	48	412
S ₄₉ 160	55	41	34	42	332
Total1.739	452	414	366	501	3.471

HIBRIDO D' b - III

S ₄₀ 233	40	45	57	52	427
-----------------------	-----------------	----	----	----	----	-----

	♀	yB/	yb/	YB/	Yb/	Total
S ₄₄	173	88	71	58	116	506
S ₄₆	91	47	36	52	92	318
S ₄₆	325	91	72	46	94	628
Total ...	589	226	179	156	302	1.452

HIBRIDO D'_c - III

S ₅₅	85	24	27	18	20	174
SUB-LINEA D' _d - I						
S ₄₀	73	29	18	22	28	170
S ₄₃	93	63	48	27	76	307
S ₄₄	191	130	87	92	133	633
S ₄₄	375	102	89	77	144	787
Total ...	732	324	242	218	381	1.897

HIBRIDO D'_d - II

S ₄₀	115	36	33	29	30	243
S ₄₃	96	15	17	14	25	167
S ₄₃	61	7	13	9	18	108
S ₄₄	103	27	55	27	39	251
S ₄₇	131	39	35	37	51	293
S ₄₇	110	36	43	29	45	263
S ₄₇	140	41	31	34	45	291
S ₄₇	212	57	53	45	77	444
Total ...	968	258	280	224	330	2.060

HIBRIDO D'_d - III

S ₅₅	124	46	34	32	46	202
S ₅₅	139	31	22	16	22	226
Total ...	259	77	56	48	68	508

SUB - LINEA Ha - I

	♀♀	ctB/	ctb/	CtB/	Ctb/	Total
S ₂₄	152	55	19	26	40	292

HIBRIDO H_a - II

S ₂₀	125	38	36	32	48	279
S ₂₄	101	36	25	10	40	212
S ₂₇	84	27	13	19	42	185
Total...	310	101	74	61	130	676

SUB - LINEA H_c - I

S ₁₅	111	41	25	10	42	229
S ₁₇	72	31	20	14	37	174
S ₂₁	125	34	26	33	54	272
S ₂₆	159	54	20	25	60	318
Total...	467	160	91	82	193	993

Tabla que expresa los números de individuos de cada clase (qq y Qq separados) resultantes de los cruces de los CO doble heterocigóticas de "genes marcadores" con los machos doble-rocisivos correspondientes, en líneas y sus respectivos híbridos, para el estudio comparativo del "Intercambio factorial. Indicándose, para cada línea, las generaciones en que se hicieron los cómputos y, para los híbridos, las generaciones de las líneas consanguíneas a las que pertenecían las hembras progentitoras.

Procedencia	Genes	Generaciones	AB/ab	Ab/ab	ab/ab	AB/ab	Ab/ab	ab/ab	AB/ab	Ab/ab	Nos. Totales
Línea C-I	ctv	S42-S52	969	107	870	964	101	93	986	4.161	
Híbrido C-II	"	S34-S52	592	67	531	605	60	65	545	2.550	
Línea C'-I	"	S41-S53	1.938	193	1.638	1.861	209	185	1.842	8.011	
Híbrido C'-II	"	S41-S53	1.028	118	890	1.103	125	107	859	4.370	
Híbrido C'-III	"	S41-S50	501	64	446	510	58	67	473	2.192	
Línea N-I	IV	S39-S52	2.277	68	2.026	2.253	68	60	2.085	8.900	
Híbrido N-II	"	S43-S52	829	32	667	837	29	23	727	3.153	
Híbrido N-III	"	S39-S48	519	18	458	541	16	24	460	2.048	
Línea N'-I	"	S39-S49	631	19	618	712	13	12	520	2.539	
Híbrido N'-II	"	S43-S45	222	10	121	206	4	3	116	683	
Híbrido N'-III	"	S40-S46	102	4	68	57	2	1	76	313	
Línea E-I	YW	S42-S46	3.992	29	1.471	2.053	24	25	1.325	7.089	
Híbrido E-II	"	S41-S47	1.203	19	984	1.079	19	16	904	4.237	
Línea D-I	wct	S18-S29	2.309	317	1.875	2.102	349	352	1.867	9.528	
Híbrido D-II	"	S17-S30	1.203	198	987	1.198	160	230	1.020	5.203	
Línea K-I	YI	S18-S29	711	245	658	705	217	235	651	3.649	
Híbrido K-II	"	S21-S28	312	116	257	303	107	106	241	1.553	
Línea D-I	YB	S27-S44	132	10	13	32	11	9	26	1.133	
Híbrido D-II	"	S38-S44	132	99	135	227	196	137	230	1.238	
Línea D'-I	ctD	S39-S43	132	125	150	195	155	108	189	1.164	
Línea H-I	"	S14-S19	249	142	201	298	155	152	232	1.526	
Línea D-I	YB	S43-S46	1.094	107	984	1.094	298	253	432	2.447	
Híbrido D-II	"	S36-S45	856	67	531	605	60	65	286	1.770	
Híbrido D-III	"	S37-S54	694	193	1.638	1.861	209	185	253	1.770	
Híbrido D'-I	"	S36-S48	3.402	317	2.577	3.033	349	352	2.537	11.457	
Híbrido D'-II	"	S36-S47	2.233	116	257	303	107	106	401	7.683	
Híbrido D'-III	"	S40-S47	577	10	13	32	11	9	667	4.547	
Línea H-I	"	S15-S26	619	99	135	227	196	137	140	1.109	
Híbrido H-II	"	S20-S27	310	142	201	298	155	152	195	1.285	
									101	1.285	
									101	676	
									Total	92.216	

NOTA: En los híbridos se indica la generación de las qq.

Tabla que expresa los números de individuos de cada clase (♂♂ y ♂♂) resultantes del cruceamiento de las ♀♀ de la heterocigotía de "genes recesivos" con los ♂♂ de tipo recesivos, correspondientes en líneas y sus respectivos híbridos; para el estudio comparativo del intercambio factorial. Indicándose, para cada línea, las generaciones en que se hicieron los cruces y, para los híbridos las generaciones de las líneas consanguíneas de las que pertenecían las hembras procreatoras. Estos valores son los que se han utilizado en los cálculos de χ^2 de heterocigotía entre grupos (líneas versus híbridos)

Genes	Generaciones	♂♂ Y		♂♂ r		u n i		o s		Nos. ♂♂ y ♀♀ Totales	Nº de Recombinaciones	Intercambio %
		AD/ab	Ab/ab	Ab/ab	ab/ab	ab/ab	ab/ab	ab/ab				
ea C-I	ctv	1.933	200	164	1.854	1.151	372	8.940				
rrido C-I	"	1.197	127	140	1.086	2.550	267	10.433				
ea C-I	"	3.799	402	330	3.480	8.011	732	9.1013				
rrido C-I	"	2.131	243	247	1.749	4.370	490	11.212				
ea C-I	"	1.011	122	140	919	2.192	262	11.952				
rrido C-I	"	4.530	136	123	4.111	8.900	259	2.910				
ea N-I	IV	1.666	61	32	1.394	3.153	93	2.949				
rrido N-I	"	1.060	34	36	918	2.048	70	3.415				
ea N-I	"	1.343	32	26	1.138	2.539	58	2.284				
rrido N-I	"	4.28	14	4	237	683	18	2.635				
ea N-I	"	159	6	4	144	313	10	3.194				
rrido N-I	"	3.992	53	47	2.997	7.089	100	1.410				
ea E-I	YV	2.282	30	29	1.888	4.237	67	1.581				
rrido E-I	"	4.411	666	709	3.742	9.528	1.371	14.431				
ea D-I	wct	2.401	358	437	2.007	5.203	795	15.280				
rrido D-I	"	1.416	462	452	1.309	3.649	924	25.322				
ea K-I	YH	615	223	217	498	1.553	440	28.332				
rrido K-I	"	50	21	19	44	1.333	40	29.350				
ea D-I	YD	359	295	219	365	1.238	514	41.518				
rrido D-I	"	327	280	218	339	1.164	498	41.606				
ea H-I	ctD	547	297	249	433	1.526	546	35.753				
rrido H-I	"	370	298	253	432	1.353	551	40.484				
ea D-I	YD	227	202	199	286	914	401	43.787				
rrido D-I	"	180	154	176	253	763	330	43.125				
ea D-I	"	1.138	925	817	1.401	4.281	1.742	40.691				
rrido D-I	"	995	553	499	667	2.314	1.052	45.462				
ea H-I	"	141	120	123	140	532	251	47.180				
rrido H-I	"	233	108	110	195	666	218	32.732				
ea H-I	ctD	130	51	74	101	366	135	36.885				
Total		11.189	1.189	1.189	11.189	11.189	11.189	11.189				

$\chi^2 = 1.094$
 $\chi^2 = 056$
 $\chi^2 = 694$
 $\chi^2 = 3.402$
 $\chi^2 = 577$
 $\chi^2 = 619$
 $\chi^2 = 310$

Línea	Genes	Generación	CtV/ctv	Ctv/ctv	ctv/ctv	ctv/ctv	Nº total	Nº Recomb binaciones	% Intercambio
Línea I C									
Línea Ca... C'p... Cc...	ctv " "	S42 - S48 S42 - S43 S47 - S52	914 389 630	121 44 43	91 32 41	854 364 638	1.980 829 1.352	212 76 84	10.707 9.179 6.213
Línea C-I	"	S42 - S52	1.933	208	164	1.856	4.161	372	8.940
Híbridos II	"	S47 - S48	412	48	49	362	871	97	11.127
Híbridos Ca	"	S43 - S52	269	30	20	196	515	50	9.708
" Cb	"	S34 - S47	516	49	71	528	1.164	120	10.396
" Cd	"								
Línea C-II	"	S34 - S52	1.197	127	140	1.086	2.550	267	10.433
<u>Totales-C</u>							6.711		

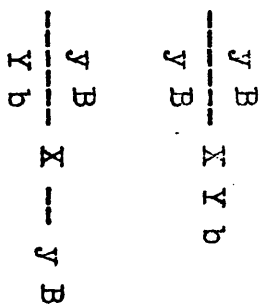
11011

Línea	Cl	Genes	Generación	Ctv/ctv	Ctv/ctv	ctv/ctv	Ctv/ctv	Ctv/ctv	Nº total	Nº Recom binaciones	% Intercom
Línea,	Cl a	ctv	S41 - S54	669	55	60	593	1.377	115	81350	
"	Cl b	"	S41 - S49	834	96	80	775	1.785	176	91850	
"	Cl c	"	S41 - S53	1.194	120	92	1.092	2.498	212	81486	
"	Cl d	"	S41 - S49	1.102	131	98	1.020	2.351	229	91740	
L....	Cl e	"	S41 - S53	3.799	402	330	3.480	8.011	732	91013	
Ido II	Cl a	"	S41 - S46	458	68	49	309	884	117	131235	
Híbrido	Cl b	"	S41 - S46	182	16	33	172	403	49	121150	
"	Cl c	"	S42 - S53	757	59	93	704	1.623	162	91981	
"	Cl d	"	S43 - S49	734	90	72	564	1.460	162	111095	
L....	Cl e	"	S41 - S53	2.131	243	247	1.749	4.370	490	111212	
Ido - III	Cl a	"	S43	170	24	8	162	364	32	81791	
Híbrido	Cl b	"	S42 - S50	361	34	67	350	792	101	121750	
"	Cl c	"	S47	407	57	56	382	902	113	121520	
"	Cl d	"	S41	73	7	9	45	134	16	111940	
Ido - III	Cl e	"	S41 - S50	1.011	122	140	919	2.192	262	111952	

Totales Cl

14.573

D - I



Linea - D (I)	Genes	Generación	yB/Y	yb/Y	YB/Y	Yb/Y	Total	Recombinación	Intercambio %	Total	Total
Linea - D (I)	yB	S44 - S46	61	44	34	76	215	78	36.1279	161	378
	"	S43 - S46	152	146	124	160	602	270	44.1850	506	1108
	"	S44 - S46	157	108	95	176	536	203	37.1873	427	963
	"	S43 - S46	370	298	253	432	1353	551	40.1784	1094	2449
Linea - D (II)	"	S47 - S45	46	48	44	72	210	92	43.1809	168	378
	"	S36 - S45	57	54	40	67	218	94	43.1119	184	402
	"	S43 - S45	124	100	115	147	486	215	44.1238	504	950
Linea - D (III)	"	S36 - S45	227	202	199	286	914	401	43.1787	856	1770
	"	S46 - S54	47	47	35	56	185	82	44.1324	144	329
Linea - D (III)	"	S37 - S54	115	95	127	174	511	222	43.1108	483	994
	"	S37 - S54	18	12	14	23	67	26	38.1805	67	134
			180	154	176	253	763	330	43.125	694	1457
							Total			694	1457
							Total			694	1457

Total
5.676

~~Y~~ P
~~Y~~ B

~~Y~~ P
~~Y~~ b

F₁ Y P X Y b
 ~~Y~~ B X Y B
 Y P X Y B
F₂ Y P X Y b
 ~~Y~~ B X Y B
 Y P X Y B

D'

Genes	Generación	yB/Y	yB/Y	YB/Y	Ib/Y	Total	Recombinación	Intercambio	qq	Total	
D' (I)	yB	S36 - S47	267	197	173	268	905	370	401880	699	1.664
		S40 - S48	321	307	270	450	1.348	577	421804	1382	2.730
		S44 - S46	226	179	156	302	863	335	381818	589	1.452
		S40 - S44	324	242	218	381	1.165	460	391484	732	1.897
			1.136	925	817	1.401	4.281	1.742	2802	7.683	
D' - II	"	S36 - S49	85	65	65	86	302	130	431046	325	627
		S40 - S47	251	208	210	251	920	418	451434	940	1.860
		S40 - S47	258	280	224	330	1.092	504	461153	968	2.060
			595	553	499	667	2.314	1.052	2.233	4.547	
D' - III	"	S40 - S47	40	45	57	52	194	102	521573	233	427
		S45 - S47	24	27	18	20	89	45	501561	85	174
		S45 - S47	77	56	48	68	249	104	411767	259	508
			141	128	123	140	532	251	471180	577	1.109
<u>Total</u>											

1111

línea N	Genes	Generación	MV/mv	MV/mv	MV/mv	MV/mv	Nº Total	Nº Recombinaciones	% Intercambio
línea Na Nb Nc Nd	mv " " "	S40 - S47 S39 - S49 S41 - S52 S39	530 1.091 2.004 905	24 39 48 25	11 33 53 26	395 954 1.897 865	960 2.117 4.002 1.821	35 72 101 51	3.645 3.401 2.1536 2.800
1 - N-I	"	S39 - S52	4.530	136	123	4.111	8.900	259	2.910
Agos II Mb Mc Md	" " " "	S43 - S49 S47 - S52 S44	410 890 366	17 31 13	7 15 10	348 700 346	782 1.636 735	24 46 23	3.069 2.011 3.129
H-II	"	S43 - S52	1.666	51	32	1.304	3.153	93	2.949
10 - III Mb Mc Md	"	S41 - S40 S48 S39	245 531 284	9 15 10	9 22 5	222 452 244	485 1.020 543	18 37 15	3.771 3.627 2.762
LN - III	"	S39 - S48	1.060	34	36	918	2.048	70	3.415
							<u>Total</u> 14.101		

línea N°	Genes	Generación	MV/mv	MV/mv	MV/mv	MV/mv	Nº Total	Nº Recombinaciones	% Intercambio
línea N° a	mv	S45 - S48	116	2	1	64	183	3	1'639
" N° b	"	S45 - S48	504	11	14	431	960	25	2'521
" N° c	"	S39 - S46	286	7	2	287	582	9	1'562
" N° d	"	S41	437	12	9	356	814	21	2'579
línea N° - I		S39 - S49	1.343	32	26	1.138	2.539	58	2'284
línea N° - II	"	S45	266	10	3	197	476	13	2'731
" N° b	"	S43	162	4	1	40	207	5	2'415
línea N° - II		S43 - S45	428	14	4	237	683	18	2'635
línea N° - III	"	S40	87	1	4	66	158	5	3'164
" N° b	"	S40	72	5	0	78	155	5	3'260
línea N° - III	"	S40	159	6	4	144	313	10	3'194
Total							3.535		

D y D' - POSICIONES
=====

Masas	Genes	Generación	YB/yb	Yb/yb	yB/yb	yb/yb	Total	Nº Recombinaciones	% Intercambio
..... D _b	" YB	S ₃₈ - S ₄₅	253	220	166	260	899	386	42.936
..... D _a	"	S ₃₉ - S ₄₄	106	75	53	105	339	128	37.758
..... D	"	S ₃₈ - S ₄₄	359	295	219	365	1.238	514	41.518
..... D _a (M)	"	S ₃₉ - S ₄₃	168	151	134	164	617	285	46.191
..... D _b (M)	"	S ₃₉ - S ₄₁	81	73	52	96	302	125	41.390
..... D _c (M)	"	S ₄₁	78	56	32	79	245	88	35.918
..... D' (M)	"	S ₃₉ - S ₄₃	327	280	218	339	1.164	498	-----
..... D' (M)	"	S ₃₈ - S ₄₆	729	593	472	797	2.591	1.065	41.103
..... D' (Masas)	"	S ₃₆ - S ₄₈	1.465	1.205	1.035	1.740	5.445	2.240	41.175
..... D' (Masas)	"						<u>Total</u> 2.402		<u>Total</u>

E (I - II)

Línea E	Genes	Generación	Yw/yw	Yw/yw	yw/yw	yw/yw	Total	Recombinaciones Nº	Intercambio %
Línea E Ea Eb Ec Ed	yw " " "	S43 - S45 S42 - S46 S42 - S46 S43 - S45	1.290 907 1.030 765	18 16 11 8	13 7 11 16	935 693 662 707	2.256 1.623 1.714 1.496	31 23 22 24	11.374 11.417 11.283 11.642
cido - II Ea Eb Ec Ed	" " " "	S45 - S47 S44 - S47 S41 - S44 S41	574 331 743 334	8 5 15 10	10 5 9 5	539 304 510 535	1.131 645 1.277 1.184	18 10 24 15	11.591 11.550 11.877 11.266
al E - II		S45 - S47	2.282	38	29	1.888	4.237	67	11.581
							<u>Total</u> 11.326		

"B"

Línea B - (I)	Genes	Generación	Wct/wct	Wct/cwt	wct/wct	wct/wct	Total	Nº Recombi- naciones	% Inter- cambio
b-Línea " " " " " "	B _a B _b B _c	S18 - S24 S21 - S26 S19 - S29	1.833 1.324 1.254	229 230 207	232 257 220	1.432 1.167 1.143	3.726 2.978 2.824	461 487 427	12.372 16.353 15.120
Total B (I)	"	S18 - S29	4.411	666	709	3.742	9.528	1.371	14.431
Híbridos (II) b-Híbr. " " " " " "	" " " " " "	S17 - S30 S21 - S29 S19 - S30	1.062 513 826	138 98 122	170 116 151	817 448 742	2.187 1.175 1.841	308 214 273	14.083 18.212 14.828
Total B-II	"	S17 - S30	2.401	358	437	2.007	5.203	795	15.280
							Total 14.731		

"X"

Gen X (I)	Genos	Generación	Ym/ym	Ym/ym	yM/yM	ym/ym	Total	No Recombinaciones	Intercambio %
Gen. Ka .. Kb .. Kc	ym	S23 - S29	190	72	62	181	505	134	26.534
	"	S18 - S25	659	204	227	642	1.732	431	24.883
	"	S22 - S28	567	186	173	486	1.412	359	25.425
K-I	"	S18 - S29	1.416	462	462	1.309	3.649	924	25.322
Gen. - II K Kb	"	S21 - S28	452	161	143	360	1.116	304	27.040
	"	S27 - S28	163	62	74	136	437	136	31.121
Gen. - III K Kc	"	S21 - S28	615	223	217	498	1.553	440	28.332
	"	S27	50	21	14	44	129	35	27.131
							<u>Total</u>		
							5.331		

"H_a"

línea - H-I	Genos	Generación	CtB/ ctb/	CtB/ ctb/	ctb/ ctb/	ctB/ ctb/	Total 00	Recombinación	Intercambio	00 00-00	Totales
línea H _a H _c	CtB "	S ₂₄ - S ₂₆ S ₁₅	40 193	26 82	19 91	55 140	140 526	45 173	32142 321889	152 467	292 993
línea - II H _b -H _a	"	S ₂₀ - S ₂₇	130	61	74	101	366	135	361885	310	734
s - H			CtB/ ctb/	CtB/ ctb/	ctB/ ctb/	ctb/ ctb/	-				
línea H _a línea H _c	" "	S ₁₇ - S ₁₉ S ₁₄	256 291	131 166	124 125	203 230	- -	255 291	351714 351837	- -	714 812
línea - H _a - I _m	"	S ₁₄ - S ₁₉	547	297	249	433	-	546	351753	-	1.526
			780	405	359	628	-	764			
								<u>Total</u> 899			<u>Total</u> 3.545

"RESUMEN DEL INTERCAMBIO FACTORIAL"

	L I N E A (I)			H I B R I D O S (I I)			H I B R I D O S (I I I)			
	Genes	Generacio- nes obser- vadas	Nº indivi- duos ob- servados	% Inter- cambio	Generacio- nes obser- vadas	Nº indivi- duos ob- servados	% Inter- cambio	Generacio- nes obser- vadas	Nº indivi- duos ob- servados	% Inter- cambio
Estirpes										
Sub-Líneas	ctv	S42 - S48	1.980	10.907	S47 - S48	871	11.127			
"	"	S42 - S43	829	9.179	S43 - S52	515	9.708			
"	"	S47 - S52	1.352	6.213	S34 - S47	1.164	10.396			
Línea C										
Sub-Líneas	ctv	S42 - S52	4.161	8.940	S34 - S52	2.550	10.433			
"	"	S41 - S49	1.377	8.350	S41 - S46	884	13.235	S43 - S50	364	8.1
"	"	S37 - S49	2.498	9.850	S41 - S53	403	12.150	S42 - S50	792	12.1
"	"	S41 - S49	2.351	9.740	S42 - S49	1.623	9.981	S37 - S47	902	12.1
Línea C'		S41 - S53	8.011	9.013	S41 - S53	4.370	11.212	S41 - S50	2.192	11.1
Estirpe										
Na	mv	S40 - S47	960	3.645	S43 - S49	782	3.069	S41 - S48	485	3.3
Nb	"	S39 - S49	2.117	3.401	S44 - S50	1.636	2.811	S48 - S40	1.020	3.3
Nc	"	S41 - S52	4.002	2.536	S44 - S52	1.735	3.129	S39 - S40	543	2.2
Nd	"	S39 - S52	1.821	2.800	S44 - S52	1.735	3.129	S39 - S40	543	2.2
Total N:		S39 - S52	8.900	2.910	S43 - S52	3.153	2.949	S39 - S48	2.048	3.3
N'a	mv	S45 - S48	183	1.639	S45 - S48	476	2.731	S40 - S40	158	3.3
N'b	"	S40 - S48	960	2.521	S43 - S43	207	2.415	S40 - S40	155	3.3
N'c	"	S39 - S48	582	1.562	S43 - S43	207	2.415	S40 - S40	155	3.3
N'd	"	S41 - S46	814	2.579	S43 - S45	603	2.625	S40 - S40	313	3.3
Total N:		S39 - S49	2.539	2.284	S43 - S45	603	2.625	S40 - S40	313	3.3

Estirpes	Genes	I I N E A (I)			H I D R I D O S (II)			H I D R I D O S (III)		
		Generaciones observadas	Me Indiv. servados	% Inter cambio	Generaciones observadas	Me Indiv. servados	% Inter cambio	Generaciones observadas	Me Indiv. servados	% Inter cambio
Estirpes Ea Eb Ec Ed	Yw " " " "	S43 - S45	2.256	1'374	S42 - S47	1.131	1'591	S27 -	129	27'131
		S42 - S46	1.623	1'417	S44 - S47	645	1'550			
		S42 - S45	1.714	1'283	S41 - S45	1.277	1'377			
Total E	wct " " " "	S19 - S29	1.496	1'642	S19 - S30	1.184	1'266			
		S18 - S26	3.726	12'372	S21 - S29	2.187	44'083			
		S21 - S29	2.978	16'353	S19 - S30	1.175	8'212			
Estirpes Ba Bb Bc	ym " " " "	S18 - S29	2.824	15'120	S17 - S30	1.841	44'828			
		S18 - S29	9.528	14'431	S17 - S30	5.203	15'281			
		S23 - S29	505	26'534	S21 - S28	1.115	27'040			
Total B	ym " " " "	S18 - S28	1.732	24'883	S27 - S28	437	31'121			
		S22 - S28	1.412	25'425						
		S18 - S29	3.649	25'322	S25 - S28	1.553	28'332			
Total K	ym " " " "	S18 - S29	3.649	25'322	S25 - S28	1.553	28'332			
		S18 - S29	3.649	25'322	S25 - S28	1.553	28'332			
		S18 - S29	3.649	25'322	S25 - S28	1.553	28'332			

Estirpo	Genes	H I B R I D O (I I)			H I B R I D O (I I I)					
		Generaciones observadas	Nº individuos servados	% Inter cambio	Generaciones observadas	Nº individuos servados	% Inter cambio			
D _a D _b D _c D _d	YB	\$44 - \$46	215	36.279	\$47 - \$45	210	43.809	\$46 - \$54	185	44.324
	"	\$38 - \$46	1.501	43.704	\$36 - \$49	218	43.119	\$37 - \$54	576	42.924
	"	\$44 - \$44	339	37.873	\$43 - \$45	486	44.238			
Total D		\$38 - \$46	2.591	41.103	\$36 - \$45	914	43.787		763	43.125
D ₁ D ₂ D ₃ D ₄	YB	\$36 - \$47	1.522	43.025	\$35 - \$49	302	43.046	\$40 - \$55	194	52.573
	"	\$39 - \$46	1.650	42.545	\$40 - \$49	920	45.434	\$55 - \$55	89	50.561
	"	\$41 - \$44	1.108	38.176	\$40 - \$47	1.092	46.153		249	41.767
Total D ₁		\$36 - \$48	5.445	41.175	\$36 - \$49	2.314	45.462		532	47.180
H _a H _b H _c	ctB	\$17 - \$24	854	35.128	\$20 - \$27	366	36.885			
	"	\$14 - \$18	1.338	34.693	\$20 - \$27	366	35.885			
Total H		\$14 - \$24	2.192	34.854	\$20 - \$27	366	35.885			

VALORES DE INTERCAMBIO FACTORIAL EN LÍNEAS E HÍBRIDOS

Sub-Líneas	Genes	Generación Observada	Nº total de Líneas (I)	de individuos Híbr-II	Híbr-III	% de Línea	Intercambio Híbr-II	Híbr-III	Dif. en % de Intercambio de Líneas a Híbridos II	Híbridos III
Ga	ctv	S 42	1.980	871	/	10.1707	11.127	/	0.420	--
Gb	"	S 47	829	515	/	9.1179	9.1708	/	0.529	--
Gc	"	S 47	1.352	/	/	6.1213	/	/	--	--
Gd	"	S 34	/	/	/	/	/	/	--	--
C'a	"	S 41	1.377	884	364	8.1350	10.1396	8.1791	4.1885	0.1441
C'b	"	S 41	1.785	403	792	9.1661	12.1150	12.1750	2.1489	3.1089
C'c	"	S 37	2.498	1.623	902	8.1486	9.1981	12.1520	1.1495	4.1034
C'd	"	S 41	2.351	1.460	134	9.1740	11.1095	11.1940	1.1355	2.1200
Da	yB	S 46	215	210	185	36.1279	43.1803	44.1324	7.1524	8.1045
Db	"	S 36	1.501	218	578	4.31704	4.31119	--	-0.1585	--
Dc	"	S 44	536	--	486	37.1873	--	42.1924	6.1480	5.1051
Dd	"	S 39	339	486	--	37.1758	44.1238	--	0.1021	--
D'a	"	S 36	1.522	302	194	4.31025	4.31046	--	2.1039	--
D'b	"	S 39	1.650	920	89	4.21545	4.51434	5.21573	--	10.1028
D'c	"	S 41	1.108	--	249	38.1176	--	50.1561	--	12.1385
D'd	"	S 40	1.165	1.092	155	39.1484	46.1153	41.1767	6.1669	2.1283
Na	mv	S 40	960	762	485	31.645	31.069	31.771	-0.1332	0.1310
Nb	"	S 39	2.117	1.635	1.020	3.1401	2.1811	3.1627	0.1275	1.1091
Nc	"	S 41	4.002	1.735	543	2.1536	3.1129	2.1760	0.1329	0.1040
Nd	"	S 39	1.821	--	158	2.1800	2.1731	3.1164	--	0.1643
Na	"	S 45	183	476	158	1.1639	2.1415	--	0.1210	--
Nb	"	S 40	960	207	155	2.1521	--	3.1260	0.1853	0.1681
Nc	"	S 39	582	--	--	2.1562	--	--	--	--
Nd	"	S 40	814	--	--	2.1579	--	--	--	--

2017A-00002

Linhas	Genos	Generacion Observadas	No total Linha (I)	de individuos Hib-II	Hib-III	% de Intercambio Linhas Hib-II	Hib-III	Dif. en % de Intercambio Hibridos II a Hibridos III
Ea	Yw	S43	2.256	1.131	---	11374	11591	0.217
Eb	"	S42	1.623	645	---	11417	11550	0.133
Ec	"	S41	1.714	1.277	---	11283	11877	0.594
Ed	"	S41	1.496	1.184	---	11642	11266	0.376
Ba	wct	S17	3.726	2.187	---	121372	141083	1.711
Bb	"	S21	2.978	1.175	---	161353	181212	1.859
Bc	"	S19	2.824	1.841	---	151120	141828	0.292
Ka	ym	S21	505	1.116	---	261534	271040	0.536
Kb	"	S18	1.732	437	---	241883	311121	6.238
Kc	"	S18	1.412	---	129	251425	---	---
Ha	ctB	S17	854	366	---	351128	361885	1.757
Hc	"	S15	1.338	---	---	341753	---	---
C	ctv	S34	4.161	2.550	---	81940	101433	1.493
O	"	S34	8.011	4.370	2.192	91013	111212	2.199
D	yB	S36	2.591	914	763	411103	431783	2.580
D'	"	S36	5.445	2.314	532	411175	451462	4.1287
N	uv	S39	8.900	3.153	2.048	21910	21949	0.039
N'	"	S39	2.539	603	313	21284	21635	0.351
E	yw	S41	7.089	4.237	---	11410	11581	0.171
B	wct	S17	9.528	5.203	129	141431	151281	0.850
B'	ym	S18	3.649	1.553	---	251322	281332	3.010
K	ctB	S14	2.192	366	---	341854	361885	2.031
H	"	S14	2.192	366	---	341854	361885	2.031
tilrpe	ctv	S34	12.172	6.920	2.192	91069	101939	1.870
CtC'	yB	S36	8.036	3.228	1.295	411127	451012	3.685
DtD'	uv	S36	11.439	3.836	2.361	21771	21893	3.122
N+N'	yw	S41	7.089	4.237	---	11410	11581	0.171
E	wct	S17	9.528	5.203	129	141431	151281	0.850
B	ym	S18	3.649	1.553	---	251322	281332	3.010
K	ctB	S14	2.192	366	---	341854	361885	2.031
H	"	S14	2.192	366	---	341854	361885	2.031

noas

Dif. en % de Intercambio Hibridos II a Hibridos III

1.706

1.809

1.809

Los valores del Intercambio factorial de cada una de las sub-líneas líneas y estirpes y los de sus respectivos híbridos, se detallan en la Tabla R'.

En dicha tabla, se señalan las diferencias en los tantos % del Intercambio factorial entre el material consanguíneo y los correspondientes híbridos. De su examen resulta:

1º Que el % de Intercambio factorial es inferior en todos los datos de estirpes y de líneas, en relación a los datos correspondientes a los híbridos.

2º De las 42 comparaciones que se hicieron entre los datos de las 36 sub-líneas y los correspondientes híbridos estudiados, en la casi totalidad (37) el Intercambio factorial de las Sub-líneas resultó inferior al de los híbridos respectivos, solamente las Sub-líneas Db, Nb, Nd, Ed, Bc, mostraron tantos % de valores de Intercambio factorial superiores al de sus híbridos.

3º En las sub-líneas, Nb y Nd el Intercambio factorial resultó intermedio entre los valores de sus dos híbridos. Mención especial, merecen las estirpes C y K, en las cuales, todas las sub-líneas consideradas, mostraron tantos % de Intercambio inferiores a los de sus híbridos.

De la comparación entre los tantos % de valores de Intercambio factorial en híbridos II (línea problema x variedad silvestre) e híbridos III (línea problema x silvestre consanguínea), correspondientes a la misma línea consanguínea resulta:

1º Que de 11 sub-líneas analizadas, dicho % es mayor en los híbridos III que en sus respectivos híbridos II, en 9 sub-líneas.

2º Que de 5 líneas estudiadas, se observa que, en 4 de ellas, dicho % es mayor el correspondiente a los híbridos III, comparados con los híbridos II.

Se hace observar, que en esta comparación se excluye el híbrido III de la línea K, por referirse a un solo cultivo.

3º Reunidos los correspondientes valores de Intercambio factorial de sub-líneas, 1º en líneas y éstas en estirpes de iguales genes marcadores, resulta que de las tres extensamente analizadas, dicho % es mayor en el híbrido III que en el de su respectivo híbrido II.

La comparación entre el Intercambio factorial de las líneas y sus híbridos, se ha hecho por medio de la prueba de X^2 de heterogeneidad en que, dos a dos, se enfrentaron los valores de Intercambio a saber:

1º Cada línea o estirpe consanguínea con su híbrido II (línea problema x variedad)

2º Cada línea o estirpe y su híbrido III (línea problema x Línea "S").

Para lo cual, en la línea y en los híbridos, las cuatro clases de individuos a_1, a_2, a_3, a_4 , se redujeron a tres clases, reuniendo las "combinaciones" a_2 y a_3 en una clase sola, conforme se detalla en las tablas referentes a los cálculos de X^2 de heterogeneidad en las estirpes C, C', D, D', N, N', E, B, K y H. Además, tomando como hipótesis en cada comparación de X^2 el porcentaje de Intercambio factorial resultante de agrupar las dos series de valores en cuestión (línea e híbrido) en una sola, a dicho valor designado por P_t .

Con esa hipótesis P_t , hallamos por separado los X^2 de heterogeneidad de las dos series enfrentadas, que una vez serán, líneas e híbridos y otras híbridos entre sí; de este modo obtenemos en cada una de ellas un X^2 de heterogeneidad con $n = 2$ grados de libertad, porque eran tres

Sumando estas dos X^2 , resulta un X^2 de heterogeneidad con solamente $n = 3$ grados de libertad, puesto que se pierde un grado ($n = 1$) por haber fijado como $\%$ el correspondiente a su valor intermedio entre las dos series es decir a su verdadero valor, $pr = P_t$.

Por otra parte para eliminar la desviación de la segregación mendeliana correspondiente a las clases extremas, tanto de las líneas, como de sus híbridos, hallamos sus X^2 de heterogeneidad con su propia hipótesis para cada grupo y así se obtiene para cada uno de ellos un X^2 con $n = 1$, grados de libertad.

Sumados ambos nos dan un X^2 de heterogeneidad, que representa la desviación de las clases extremas, cuyo X^2 restado del X^2 de heterogeneidad para valores de intercambio, nos dá un X^2 con $n = 1$, grado de libertad.

A continuación siguen las Tablas referentes a los cálculos de X^2 de heterogeneidad para comparar los valores de Intercambio factorial:

- a) Línea (I) con los correspondientes híbridos de variedad (II)
- b) Idem (I) con idem de líneas (III)
- c) Híbridos de variedad (II) con híbridos de línea (III)

en las estirpes : C, C', D, D', N, N', E, B, K y H.

Tabla resumen de los X^2 de heterogeneidad entre valores de Intercambio factorial de líneas y estirpes y los correspondientes de sus híbridos.

En la Tabla R'', se expresan, los X^2 de heterogeneidad entre los valores de Intercambio factorial de líneas y estirpes y los valores correspondientes de sus híbridos.

De estos análisis resultaron veintidós X^2 ; de los cuales : ocho fueron altamente significativos, tres significativos, y once X^2 , no significativos.

Destacan los correspondientes a las líneas C y C' y a la estirpe, (Ctc'), que son altamente significativos al nivel de P; .01 y .001; .001 y , respectivamente.

Los X^2 de heterogeneidad de los correspondientes híbridos II y III, entre sí no son significativos.

C y G' (reunidos)

I, f.

II 10'939
I - 9'069
1'870
d = II - I

1.104

Línea I 5.732 - 610 - 494 - 5.336 = 12.172 ... PL = 9'069
757

Híbrido II .. 3.328 - 370 - 387 - 2.835 = 6.920 ... PH = 10'939 P_T 186,100 = 9'747
9.060 - 980 - 881 - 811 = 19.092 ... P_T = 9'747
1.861

P _L = 9'069 X ²	d ²	d	Esperados	Línea I	Esperados	d	d ²	P _T = 9'747 X ²
7'084	39.204	198	5.534	a ₁ = 5.732 a ₂ = 610	5.492'8	239'2	57.121	10'399
	0	0	1.104	1.104	1.186'4	82'4	6.789'76	5'723
7'084	39.204	198	5.534	a ₃ = 494 a ₄ = 5.336	5.492'8	156'8	24.649	4'487
<u>14'168</u>				Total. = 12.172				<u>20'609</u>
				X ² c.o.L.				<u>14'168</u>
								<u>6'741</u>
P _H = 10'939 H ²	d ²	d	Esperados	Híbrido - II	Esperado	d	d ²	P _T = 9'747 H ²
19'638	60.516	246'5	3.081'5	a ₁ = 3.328 a ₁ = 370	3.122'75	205'25	42.025	13'456
			757	757	674'49	82'51	6.806'25	10'090
19'638				a ₃ = 387 a ₄ = 2.835	3.122'75	287'75	82.944	<u>26'561</u>
<u>39'276</u>				Tot. = 6.920				<u>50'107</u>
				X ² c.o.HII =				<u>8'841</u>
								<u>39'276</u>
								<u>10'831</u>

Comprobación = 3'841

C y C' (Reunidos)

P. I. f.

HIII 11'953
I -9'069
III - I 2'884

Línea I 5.732 - 610 - 494 - 5.336 = 12.172 " P_I = 9'069

Híbrido III ... 1.011 - 122 - 140 - 919 = 2.199 " P_{III} = 11'953

6.743 - 732 - 634 - 6.255 = 14.364

P_T = 136'600 = 9'510
14'364

P = 9'069 X ² PL	d ²	d	Esperado	Línea I	Esperado	d	d ²	H ² con P _T = 9'510
7'084	39.204	198	5.534	a1 = 5.732 a2 = 610	5.507	225	50.625	9'193
	0	0	1.104	1.104	1.157'57	53'57	2.873	2'481
7'084 <u>14'168</u>	39.204	198	5.534	a3 = 494 a4 = 5.336 Tot. = 12.172	5.507	171	29.241	5'310 <u>16'984</u>
			X ² c.o.l. =	16'984 -14'168 <u>2'816</u>				
P _H = 11'953 X ²	d ²	d	Esperado	Híbrido III	Esperado	d	d ²	X ² P _T = 9'510
2'193	2.116	46	965	a1 = 1.011 a2 = 122	991'77	19'23	368'64	0'372
			262	262	208'46	53'54	2.862'25	13'730
2'193 <u>4'386</u>	2.116	46	965	a3 = 140 a4 = 919 Tot. = 2.192	991'77	72'77	5.329	5'373 <u>19'473</u>
			X ² c.o.l. =	19'473 -4'386 <u>15'087</u>				
			X ² c.o.l. =	15'087	2'816 + 15'087 <u>17'903</u>			
			X ² hc.o. =					

4490 = 31841

C y C' (Reunidos)

% I. f.

III 11'953
II -10'939
III - II 01'014

Híbridos - II 3.328 - 370 - 387 - 2.835 = 6.920 = P_{HII} = 10'939
Total

Híbridos - III 1.011 - 122 - 140 - 919 = 2.192 = P_{HIII} = 11'953
4.339 - 492 - 527 - 3.754 = 9.112 = P_T = 11'183
1.019

χ^2 con P _{HII} = 10'939	d ²	d	Esperados	Híbrido - II	Esperados	d	d ²	con P _T = 11'183
0	0	0	757	a1 = 3.328 a2 = 370 757	3.073	255	65.025	21'601
				a3 = 387 a4 = 2.835 Tot. = 6.920	773'86	16'86	282'24	0'365
<u>39'276</u>				40'399 -39'276 <u>1'123</u>	3.073	238	56.644	18'433
				χ^2 c.o.HII = 1'123	Significativo = 3'841			40'399
χ^2 con P _{HIII} = 11'953	d ²	d	Esperado	Híbrido III	Esperado	d	d ²	con P _T = 11'18
0	0	0	262	a1 = 1.011 a2 = 122 262	973'5	37'5	1.406'25	1'444
				a3 = 140 a4 = 919 Tot. = 2.192	245	17	289	1'179
<u>4'386</u>				5'674 -4'386 <u>1'288</u>	973'5	54'5	2.970'25	3'051 <u>5'674</u>
				χ^2 c.o.HIII = 1'288	Significativo = 3'841			
					χ^2 c.o.HII = 1'123			
					χ^2 c.o.HIII = 1'288			

- C -

% I. I.
II 101433
I 81940
II-I 11943

Línea - I - 1.933 - 208 - 164 - 1.856 = $\frac{\text{Total}}{4.161}$ - P_T = 81940
 Híbrido - III - 1.197 - 127 - 140 - 1.086 = 2.550 - P_H = 101433
~~3.130 - 335 - 304 - 2.942 = 6.711 - P_H = 91521~~
 372
 267
 639

on P _T = 81940	d ²	d	Esperado	Línea II	Esperado	d	d ²	X ² con P _H = 91521
0:782	1.482125	3815	1.89415	a ₁ = 1.933 a ₂ = 208 372	1.38215	5015	2.550125	11355
0	0	0	372	a ₃ = 164 a ₄ = 1.856 Tot. = 4.161	396	24	576	11454
0:782 1:564	1.482125	3815	1.89415	61539 -11564 41975	1.88215	2615	702125	31730 61539
on P _H = 101433	d ²	d	Esperado	Híbrido II	Esperado	d	d ²	X ² con P _H = 91521
21698	3.080125	5515	1.14115	a ₁ = 1.197 a ₂ = 127 267	1.154	43	1.849	11602
0	0	0	267	a ₃ = 140 a ₄ = 1.086 Tot. = 2.550	241178	25	625	21585
21698 51396	3.080125	5515	1.14115	81194 -51396 21798	1.154	68	4.624	41007 81194

Significativo = 31841

X²c.o.H =

=

X²c.o.H = 41975
 X²c.o.H = 21798
 X²h.c.o = 71773

G'

% I. F.

II	11'212
I	9'013
II - I	<u>2'199</u>

Línea - I 3.799 - 402 = ⁷³²330-3.480 = ^{Total}8.011 = P_L = 9'013

Híbrido - II 2.131 - 243 = ⁴⁹⁰247 - 1.749 = 4.370 = P_H = 11'212

~~5.930 - 645 = 5'285 - 5.229 = 12.381~~
 P_T = 9'869

con	d ²	d	Es erado	Línea I	Es erado	d	d ²	X ²	con
6'946	25.281	159'5	3.639'5	a ₁ = 3.799 a ₂ = 402	3.610	189	35.721	9'895	
0	0	0	732	732	790'60	58'60	3.433'96	4'343	
6'946	25.281	159'5	3.639'5	a ₃ = 330 a ₄ = 3.480 Tot. = 8.011	3.610	130	16.900	4'681	
<u>3'892</u>								<u>18'919</u>	

$$X^2_{c.o.L} = \frac{18'919 - 13'892}{5'027}$$

con P. II'	d ²	d	Es erado	Híbrido II	Esperado	d	d ²	X ²	con 9'
18'804	36.481	191	1.940	a ₁ = 2.131 a ₂ = 243	1.969'5	161'5	25.921	13'161	
0	0	0	490	490	431	59	3.481	8'076	
18'804	36.481	191	1.940	a ₃ = 247 a ₄ = 1.749 Tot. = 4.370	1.969'5	220'5	48.400	24'574	
<u>37'608</u>								<u>45'811</u>	

$$X^2_{c.o.o.} = \frac{45'811 - 37'608}{8'203}$$

$$X^2_{c.o.L} = 5'027$$

$$X^2_{c.o.H} = 8'203$$

$$13'230$$

Significativo = 3'841

% I. P.

III 11.952
 I 9.013
 III - I 21.939

0' 732
 Total 8.011 = P_L = 9.013
 Línea - I - 3.799 - 402 - 330 - 3.480 = 8.011 = P_L = 9.013
 Híbrido III 1.011 - 122 - 140 - 919 = 2.192 = P_H = 11.952
 4.810 - 524 - 470 - 4.399 = 10.203 = P_H = 9.742
 994

χ^2 con P_L = 9.013

	d ²	d	Esperado	Línea I	Esperado	d	d ²	χ^2 con P _L = 9.742
6.946	25.281	159.15	3.639.15	a ₁ = 3.799 a ₂ = 402 732	3.615.28	183.72	33.489	9.263
0	0	0	732	a ₃ = 330 a ₄ = 3.480 P ₀ t. = 8.011	780.43	48.43	2.342.56	3.001
6.946	25.281	159.15	3.639.15	17.1305 -13.1892 3.413	3.615.28	135	18.225	5.1041 17.1305

χ^2 c.o.L = 3.413

χ^2 con P_L = 11.952

	d ²	d	Esperado	Híbrido - III	Esperado	d	d ²	χ^2 con P _L = 9.742
2.193	2.116	46	965	a ₁ = 1.011 a ₂ = 122 262	989.23	21.77	4.70.89	0.476
0	0	0	262	a ₃ = 140 a ₄ = 919 P ₀ t. = 2.192	213.54	48.46	2.352.1	11.014
2.193	2.116	46	965	16.471 -4.385 12.085	989.23	70.23	4.928	4.1981 16.471

χ^2 c.o.H =

χ^2 c.o.L = 3.413
 χ^2 c.o.H = 12.085
 15.498

Significativo = 3.841

01

% I. f.

III	11'952
II	11'212
III-III	0'740

Híbrido - II ... 2.131 - 243 - 247 - 1.749 - = 4.370 = P_{III} = 11'212
 490
 262
 Híbrido - III ... 1.011 - 122 - 140 - 919 - = 2.192 = P_{III} = 11'952
 3.142 - 365 - 387 - 2.668 = 6.562 = P_{II} = 11'459
 752

d² d Es erado Híbrido - II Es erado d d²

a₁ = 2.131 1.934'62 196'38 38.416 19'855
 a₂ = 243 500'75 10'75 114'49 0'228
 490 1.934'62 185'62 34.596 17'885

a₃ = 247
 a₄ = 1.749
 Tot. 4.370
37'968

$$X^2_{c.o.HII} = \frac{37'968}{0'360} = 105'467$$

d² d Es erado Híbrido - III Es erado d d²

a₁ = 1.011 970'50 40'50 1640'25 1'690
 a₂ = 122 251 11'00 121 0'482
 262 970'50 51'50 2652'25 2'732

a₃ = 140
 a₄ = 919
 Tot. = 2.192
4'904

$$X^2_{c.o.HIII} = \frac{4'904}{0'518} = 9'467$$

Significativo = 3'841

$$X^2_{h.c.o.} = \frac{X^2_{c.o.HII} + X^2_{c.o.HIII}}{X^2_{h.c.o.}} = \frac{105'467 + 9'467}{0'878} = 121'934$$

$$X^2_{com P_{II}} = 11'759$$

$$\frac{2'732}{4'904}$$

4'386

37'608

% I.F.

D y D', (Reunidos)

III 44'856
 I -41'127
 III-I 3'738

Línea I 2.194 - 1.507 = 3.305
 581
 1.798 - 2.537 = 8.036 = $P_L = 41'127$
 262 - 393 = 1.295 = $P_H = 44'865$
 Híbrido III .. 321 - 299 = 22
 2.515 - 1.806 = 2.060 - 2.930 = 9.331 = $P_H = 44'865$
 3.886

X^2	d^2	d	Esperado	Línea I	Esperado	d	d^2	$X^2_{con P_T} = 41'646$
12'506	29.584	171'5	2.365'15	a ₁ = 2.194 a ₂ = 1.507	2.344'66	150'66	22.801	9'725
0	0	0	3.305	3.305	3.346'67	41'67	1.764	0'527
12'506	29.584	171'5	2.365'15	a ₃ = 1.798 a ₄ = 2.537 Tot. = 8.036	2.344'66	192'34	36.864	15'722
<u>25'012</u>			$X^2_{c.o.o.L} =$	25'969 - 25'012 <u>0'957</u>				<u>25'969</u>

$X^2_{con} = 44'865$	d^2	d	Esperado	Híbrido III	Esperado	d	d^2	$X^2_{con P_T} = 41'646$
3'630	1.296	36	357	a ₁ = 321 a ₂ = 299	378	57	3.249	8'595
0	0	0	581	581	539	42	1.764	3'273
3'630	1.296	36	357	a ₃ = 282 a ₄ = 393 Tot. = 1295	378	15	225	0'595
<u>7'260</u>				12'463 - 7'260 <u>5'203</u>				<u>12'463</u>

Significativo = 3'841

$X^2_{c.o.o.L} = 0'957$
 $X^2_{c.o.o.H} = 45'203$
 $X^2_{inc.o.o.} = 6'160$

D y D' (Remidos)

III	44'865
II	-45'012
III - II	0'147

Híbrido - II 822 - 698 = 124
 581
 1.453
 1.453 - 299 = 1154
 1.143 - 997 = 146
 1.143 - 1037 = -1346 = 4.523
 2.034
 P_{III} = 44'865
 P_{II} = 44'970

2 con HTI =	d ²	d	Es rado	Híbrido-II	Es rado	d	d ²	X ² con π =
0	0	0	1.453	a ₁ = 822 a ₂ = 698	888'18	66'18	4.382	4'933
				a ₃ = 755 Tot. = 3228	888'18	64'82	4.199	4'1727 <u>9'1661</u>

2 con HTI =	d ²	d	Es rado	Híbrido-III	Esperado	d	d ²	X ² con $P_{\pi} = 4$
0	0	0	581	a ₁ = 321 a ₂ = 299	356'2	35'2	1.239	3'478
				a ₃ = 393 Tot. = 1.295	582'36	1'36	1.8496	0'003
				7'1283 -7'1260 <u>0'023</u>	356'2	36'8	1.354'24	3'802 <u>7'283</u>

Significativo = 3'841

$$\begin{aligned} X^2_{c.o.HII} &= 0'0001 \\ X^2_{o.o.HII} &= 0'023 \\ X^2_{h.c.o.o} &= 0'022 \end{aligned}$$

D y D' (Reunidos)

% I. F.

II	45'012
I	41'127
II - I	3'885

Línea - I 2.194 - 1.507 = 3.305
 Línea - II 1.453 - 1.798 = 2.537 = $\frac{0.036}{\text{Totales}} = P_L = 41'127$
 Híbrido - I 822 - 698 = 1.453
 Híbrido - II 3.016 - 2.205 = 755 - 953 = 3.228 = $\frac{P_{HTI}}{P_{HTI}} = 45'012$
 $P_T = 4.75800 = 42'240$
 $P_T = 11.264$

Linea	d ²	d	Es erado	Línea I	Es erado	d	d ²	X ² con T=
12'361	29.241	171'5	2.365'5	a ₁ = 2.194 a ₂ = 1.507	2.321	127	15.129	6'949
12'361	29.241	0	3.305	a ₃ = 1.798 a ₄ = 2.537 Tot. = 8.036	3.394	89	7.921	2'334
24'722	29.241	171'5	2.365'5	29'384 -24'722 4'662	2.321	216	46.656	20'101
								29'384

H	d ²	d	Es erado	Híbrido II	Esperado	d	d ²	X ² P _T = 42'24
4'834	4.290'25	65'5	887'5	a ₁ = 822 a ₂ = 698	932	110	12.100	12'982
0	0	0	1.453	a ₃ = 755 a ₄ = 953	1.363'5	89'5	8.010'25	5'875
4'834	4.290'25	65'5	887'5	Tot. = 3.228	932	21	441	0'473
9'668								19'330

$$X^2_{c.o.H} = \frac{19'330 - 9'668}{9'662}$$

Significativo = 3'841 para un grado de libertad = p = .05

$$X^2_{nc.o.} = 4'166$$

% I. f.

II 43'787
 I -41'103
 II - I 2'684

D

Línea - I 729 - 472 = 257
 Total 539-797 = 2.591 - P_L = 41'103
 401
 Híbrido - II 227 - 199 = 28
 956 - 671 = 285
 202-286 = -84
 795-1083 = -288
 3.505 - P_H = 43'787
 1.466 - P_I = 41'825

con P _L = 41'103	d ²	d	Esperado	Línea I	Esperado	d	d ²	X ² con P _H = 41'825
1'515	1.156	34	763	a ₁ = 729 a ₂ = 472	754'166	25'166	655'136	0'868
0	0	0	1.065	1.065	1.083'68	18'166	345'196	0'319
1'515	1.156	34	763	a ₃ = 593 a ₄ = 797 Tot. = 2.591	754'166	42'34	1.789'13	2'371 3'550
				X ² c.o.o.L = 3'553 -3'030 0'523				
con P _H = 43'787	d ²	d	Esperado	Híbrido - II	Esperado	d	d ²	X ² con P _H = 41'825
3'393	870'25	29'5	256'15	a ₁ = 227 a ₂ = 199 401	266	39	1.521	5'718
			401	a ₃ = 202 a ₄ = 286 Tot. = 914	382	19	361	0'945
3'393	870'25	29'5	256'15	8'167 -6'786 1'381	266	20	400	1'504 8'167
				X ² c.o.o.H = 1'381				
				X ² c.o.o.L = 0'528 X ² c.o.o.H = 1'381 1'909				

Significativo = 3'841

P = 1'642 - 0'20

Con un grado de libertad

D

% I. f.

III	43'125
I	-41'103
III-I	2'022

Línea - I 729 - 472-593 - 797 = Total 2.591 - P_I = 41'103
 330
 Híbrido III 180 - 176-154 - 253 = 763 - P_H = 43'125
 909 - 648-747 - 1050 = 3.354 - P_H = 41'592
 1.395

com L = 14	d ²	d	Es erado	Línea - I	Es erado	d	d ²	X ² con P _T = 41'592
1'515	1.156	34	763	a ₁ = 729	756'68	27'68	784	1'036
0	0	0	1.065	a ₂ = 472	1.077'64	12'64	156	0'145
1'515				a ₃ = 593	756'68	40'32	1.600	2'114
<u>3'030</u>				a ₄ = 797				<u>3'295</u>
				tot. = 2.591				

X²c.o.L = $\frac{3'295}{-3'030} = 0'265$

com H = 43'125 d² d Esperado Híbrido Esperado d d² X² con P_T = 41'592

6'153	1.332'25	36'15	216'15	a ₁ = 180	222'83	42'83	1.849	8'297
0	0	0	330	a ₂ = 176	317'34	12'66	156	0'491
6'153	1.332'25	36'15	216'15	a ₃ = 154	222'83	30'17	900	4'039
<u>12'306</u>				tot. = 763				<u>12'827</u>

X²c.o.H = $\frac{12'827}{-12'306} = 0'521$

X²c.o.L = 0'265
 X²c.o.H = 0'521
 X²h.c.o.o. = 0'786

Significativo = 3'841

D.

% I. f.
 III 43'125
 II 43'787
 III -II 0'662

Híbrido II 227 - 199 - 202 - 286 = 914 - P_{HI} = 43'787
 401
 330
 Híbrido III 180 - 176 - 154 - 253 = 763 - P_{HI} = 43'125
 407 - 375 - 356 - 539 = 1677 - P_m = 43'589
 731

con P _{HI} = 43'787		d ²	d	Esperado	Híbrido II	Esperado	d	d ²	X ² con 43'589
6'786	d ²	d	X ² _{c.o.HII} = -0'006 (-)	a ₁ = 227	257'8	30'8	948'64	3'679	
				a ₂ = 199	398'40	2'6	6'76	0'017	
				a ₃ = 202 a ₄ = 286 Tot. = 914	257'8	28'2	795'24	3'084 6'780	
2	d ²	d	X ² _{c.o.HII} = 0'006	Esperado	Híbrido III	Esperado	d	d ²	X ² con 43'589
				330	a ₁ = 180 a ₂ = 176 a ₃ = 154 a ₄ = 253 Tot. = 763	215'2	35'2	1'239	5'757
				330	215'2	2'58	6'58	0'020	
12'306			X ² _{c.o.HIII} = 0'181	12'487 -12'306 0'181	X ² _{c.o.HII} = -0'006 X ² _{c.o.HIII} = 4'0181 X ² _{h.c.o.o.} = 0'175	6'710 12'487			

Significativo = 3'841

% I. F.

II	45'468
I	-41'175
II-I	4'293

D'

Total $P_I = 41'175$

Línea - I 1.465 - 1.035 = 5.445 = P_I

Híbrido II 595 - 499 = 553 = 667 = 2.314 = P_H = 45'462

2.060 - 1.534 = 1.758 = 2.407 = 7.759 = P_H = 42'428

3.292

con L =	d ²	d	Es erado	Línea I	Es erado	d	d ²	χ^2_{con}	$\eta = 42'428$
11'712	18.769	137'5	1.602'5	a ₁ = 1.465 a ₂ = 1.035	1.567'5	102'5	10.404	6'637	
0	0	0	2.240	2.240	2.310	70	4.900	2'121	
11'712	18.769		1.602'5	a ₃ = 1.205 a ₄ = 1.740 Tot. = 5.445	1.567'5	172'5	29.584	18'873	
<u>23'424</u>				$\chi^2_{c.o.l} = 27'611$ $-23'424$ <u>4'187</u>				<u>27'611</u>	

con H =	d ²	d	Es erado	Híbrido - II	Es erado	d	d ²	χ^2_{con}	$\eta = 12'589$
2'054	1.296	36	631	a ₁ = 595 a ₂ = 499	666	71	5.041	7'569	
0	0	0	1.052	1.052	981'78	70'22	4.928	5'019	
				a ₃ = 553 a ₄ = 667 Tot. = 2.314	666	1	1	0'001	
<u>4'108</u>				$\chi^2_{c.o.l} = 12'589$ $-4'108$ <u>8'481</u>				<u>12'589</u>	

Significativo = 3'841

$\chi^2_{c.o.l} = 4'187$
 $\chi^2_{c.o.H} = 8'481$
 $\chi^2_{h.c.o.o} = 12'668$

% I. f.

III 47'180
I -41'175
III-I 6'005

D'

línea - I 1.465 - 1.035 = 2.240
 251
 Total = P_L = 41'175

Híbrido - III ... 141 = 123 - 128 = 140 = 532 = P_{HIII} = 47'180
 1.606 - 1.158 = 1.333 - 1.880 = 5.977 = P_I = 41'676
 2.491

d^2	d	Es erado	línea - I	Es erado	d	d^2	$\chi^2_{con P}$
11'712	18.769	137'5	1.602'5	a ₁ = 1.465 a ₂ = 1.035	1.587'87	122'87	15.129
0	0	0	2.240	2.240	2.269'25	29'25	841
				a ₃ = 1.205 a ₄ = 1.740	1.587'87	152'15	23.104
<u>23'424</u>				Tot. = 5.445			<u>14'550</u>
							24'448

$\chi^2_{c.o.L} = \frac{24'448}{23'424} = 1'024$

d^2	d	Es erado	Híbrido III	Es erado	d	d^2	$\chi^2_{con P}$
0'002	0'25	0'5	140'5	a ₁ = 141 a ₂ = 123	155	14	196
0	0	0	251	251	221'71	29'29	841
<u>0'002</u>	0'25	0'5	140'5	a ₃ = 128 a ₄ = 140	155	15	225
0'004				Tot. = 532			<u>1'452</u>
							6'509

$\chi^2_{c.o.H} = \frac{6'509}{0'004} = 6'1505$

Significativo = 3'841

$\chi^2_{c.o.L} = 1'024$
 $\chi^2_{c.o.H} = 6'1505$
 $\chi^2_{c.o.} = 7'1529$

% I. F.

III 47'180
 II -45'462
 III - II 1'718

Híbrido II 595 - 499-553 = 1.052
 251
 Total 2.314 = P_{III} = 45'462
 Híbridos III 141 - 123 - 128 - 140 = 532 = P_{III} = 47'180
 736 - 622 - 681 - 807 = 2846 P_{II} = 45'783
 1.303

2 con P _{III} = 45'462	d ²	d	Esperado	Híbrido - II	Esperado	d	d ²	X ² con P _{II} = 45'783
4'108			1.052	a ₁ = 595 a ₂ = 499 a ₃ = 553 a ₄ = 667 Tot. = 2.314	627'29	32'29	1.043'29	1'663
				X ² c.o.H _{III} = 4'227 -4'108 0'119	627'29	7'41	54'91	0'052
					627'29	39'71	1.576'09	2'512 -4'227
2 con P _{III} = 47'180	d ²	d	Esperado	Híbrido III	Esperado	d	d ²	X ² con P _{II} = 45'783
0'004			251	a ₁ = 141 a ₂ = 123 a ₃ = 128 a ₄ = 140 Tot. = 532	144'22	3'22	10'37	0'072
				X ² c.o.H _{III} = 0'422 0'004 0'418	243'56	7'44	55'35	0'227
					144'22	4'22	17'81	0'123 -0'422

Significativo = 3'841

X² c.o.H_{III} = 0'119
 X² c.o.H_{III} = 0'418
 X² h.c.o = 0'537

N y N' (Reunidos)

% I. F.

II 21802
I 21771
II - I 01031

Línea - I 5.873 - 168 = 5.705
 Total 1111
 149 .. 5.249 = 11.439 = P_I = 21771

Híbrido - II .. 2.094 = 75 - 36 = 1.631 = P_H = 21893
 243 - 185 = 58 = P_T = 21802
 428

$X^2_{PT} = 21771$	d^2	d	Esperado	Línea I	Esperado	d	d^2	X^2
171504	97.344	312	5.561	a ₁ = 5.673 a ₂ = 158	5.559	314	98.596	171736
0	0	0	317	a ₃ = 149 a ₄ = 5.249 Total = 11.439	320.52	3152	12.39	01033
171504	97.344	312	5.561	a ₁ = 5.673 a ₂ = 158	5.559	310	96.100	171237
351004				Total = 11.439				351004
				$X^2_{c.o.l} = 0.057$				
$X^2_{PT} = 21893$	d^2	d	Esperado	Híbrido II	Esperado	d	d^2	X^2
201650	53.361	231.5	1.862.15	a ₁ = 2.094 a ₂ = 75	1.864	230	52.900	281380
0	0	0	111	a ₃ = 36 a ₄ = 1.631 Total = 3.836	107.48	3152	12.39	01115
281650	53.361	231.5	1.862.15	a ₁ = 2.094 a ₂ = 75	1.864	233	54.289	291125
571300				Total = 3.836				571620
				$X^2_{c.o.H} = 0.320$				

Significativo = 31841

$X^2_{c.o.l} = 0.057$
 $X^2_{c.o.H} = 0.320$
 $X^2_{c.o.o.} = 0.377$

0.70 y 0.5

N y M (Redondeados)

% I. f.

II 3'388
I 2'1771
II - I 0'617

Línea - I 5.873 - 168 = 5.705
 317
 80
 149 - 5.249 = 11.439 = P_L = 2'1771
 Total
 11.439
 80
 149 - 5.249 = 11.439 = P_L = 2'1771
 Híbrido III ... 1.219 - 40 = 1.062 = 2.361 = P_H = 3'388
 7.092 - 208 = 6.884 = 13.800
 397
 P_{II} = 2'877

con P _L = 2'1771	d ²	d	Esperado	Línea - I	Esperado	d	d ²	X ² con P _{II} = 2'877
17'504	97'344	312	5.561	a ₁ = 5.873 a ₂ = 168 317	5.555	318	101.124	18'204
0	0	0	317	a ₃ = 149 a ₄ = 5.249 P _{0t} = 11.439	329	12	144	0'437
17'504	97'344	312	5.561	35'497 -35'008 <u>0'489</u> X ² c.o.I. = 0'489	5.555	306	93.636	16'856 <u>35'497</u>

con P _L = 2'1771	d ²	d	Esperado	Híbrido - III	Esperado	d	d ²	X ² con P _{II} = 2'877
5'417	5.177'196	78'5	1.140'5	a ₁ = 1.219 a ₂ = 40 80	1.174'5	44'5	1.980'25	1'686
0	0	0	80	a ₃ = 40 a ₄ = 1.062 P _{0t} = 2.361	68	12	144	2'117
10'834				14'483 -10'834 <u>3'649</u> X ² c.o.H.III	1.174'5	112'5	12.544	10'680 <u>14'483</u>

Sigmi icativo = 3'841
 "Con un grado de libertad"

X² c.o.I = 0'489
 X² c.o.H.III = 3'649
X² h.c.o. = 4'138
 '05 y '02

N y N' (Reunidos)

% I. f.

III	31388
II	21893
III - II	01495

Híbrido - II 2.094 - 75 = 111
 111
 80
 36 - 1.631 = 3.836 = P_{III} = 21893

Híbrido - III 1.219 - 40 = 80
 80
 40 - 1.062 = 2.361 = P_{III} = 31388
 3.313 - 115 = 76 - 2.693 = 6.197 = P_{II} = 31082

con P_{III} = 21893 d² d Esperado Híbrido - II Esperado d d² X² con P_{II} = 31082

0	0	0	111	a ₁ = 2.094 a ₂ = 75	111	1.058159	23514	55.225	291713
				a ₃ = 36 a ₄ = 1.631 Tot. = 3.836		118122	7122	521128	01441
						1.858159	227159	51.729	271832
									571936

X²c.o.H_{II} =
 571986
 -571300
 01686

con P_{III} = 31388 d² d Esperado Híbrido - III Esperado d d² X² con P_{II} = 31082

0	0	0	80	a ₁ = 1.219 a ₂ = 40	80	1.144	75	5.625	41917
				a ₃ = 40 a ₄ = 1.062 Tot. = 2.361		721766	71234	521273	01718
						1.144	82	6.724	61331
									111956

X²c.o.H_{III} =
 111956
 -101834
 11122

Significativo = 31841

X²c.o.H_I = 01686
 + X²c.o.H_{III} = 11122
 X²h.c.o. = 11808

N

% I. F.

II	21949
I	21910
II - I	01039

Línea - I 4.530 - 136 - 123 - 4.111 = $\frac{\text{Total}}{8.900}$ - P_L = 21910
 93
 Híbrido - II .. 1.666 - 61 - 32 - 1.394 = 3.153 - P_H = 21949
 6.196 - 197 - 155 - 5.505 = 12.053 P_H = 21920
 352

Line	d ²	d	Es erado	Línea - I	Es erado	d	d ²	X ² con
101110	43.681	20915	4.32015	a1 = 4.530 a2 = 136	4.320	210	44100	101208
0	0	0	259	a3 = 123 a4 = 4.111 Tot. = 8.900	259188	0188	01774	01003
<u>201220</u>				201322 -201220 <u>01102</u>	4.320	209	43681	<u>101111</u> 101111

Line	d ²	d	Es erado	Híbrido II	Es erado	d	d ²	X ² con
121089	18.496	136	1.530	a1 = 1.666 a2 = 61	1.53015	135153	18225	111907
0	0	0	93	a3 = 32 a4 = 1.394 Tot. = 3.153	92106	0194	01884	01009
<u>121089</u>	18.496	136	1.530	241000 -241178 <u>01178</u>	1.53015	13515	18496	<u>121084</u> 241000

Significativo 31841

X²c.o.l = 01102
 X²c.o.H = 01178
 X²h.c.o.o. = 01076

4 I. F.

III 3'418
 I 2'910
III - I 0'508

Línea I 4.530 - 136 = 4.111 - = 8.900 - $P_I = 2'910$
 259 N Total
 70
 Híbrido III .. 1.060 = 34 = 36 = 918 = 2.048 - $P_{HIII} = 3'418$
~~5.590 - 170 = 159 - 5.029 = 10.948 -~~
 329 $P_{\eta} = 3'005$

con L =	d ²	d	Es erado	Línea I	Es rado	d	d ²	X ² con η =
				a ₁ = 4.530	4.316'60	213'40	45.369	10'510
				a ₂ = 136	267'40	8'40	70'56	0'264
				a ₃ = 123	4.316'60	205'6	42.025	9'735
				a ₄ = 4.111				
				Tot. = 8.900				<u>20'509</u>

201509
~~-201220~~
X² c.o.L = 0'289

con HIII=3	d ²	d	Es erado	Híbrido -III	Es erado	d	d ²	X ² con η =
5'097	5.041	71	989	a ₁ = 1.060	993	67	4.489	4'521
0	0	0	70	a ₂ = 34	61'54	8'44	71'57	1'163
5'097	5.041	71	989	a ₃ = 36	993	75	5.625	5'665
10'194				a ₄ = 918				
				Tot. = 2.048				<u>11'349</u>

11'349
~~10'194~~
2 c.o.HIII = 1'155

Significativo = 3'841

X² c.o.L = 0'289
 X² c.o.HIII = 1'155
X² h.c.o. = 1'444

N

% I. F.

III	3'418
II	2'949
III - II	0'469

Híbrido - II ... 1.666 - 61 - 32 - 1.394 = $\frac{\text{Total}}{P_{III}} = P_{III} = 2'949$

Híbrido - III ... $\frac{1.060 - 34 - 36 - 918 = 2.048 = P_{III} = 3'418}{2.726 - 95 - 68 - 2.312 = 5.201 = P_{II} = 3'134}$

con HII =	d ²	d	Es era o	Híbrido-II	Es erado	d	d ²	X ² con
0	0	0	93	a ₁ = 1.527 a ₂ = 61 a ₃ = 32 a ₄ = 1.394 Tot. = 3.153	1.527 98'81 1.527	139 5'81 133	19.321 33'7561 17.689	12'652 0'342 <u>11'584</u> 24'578

$$X^2_{c.o.H_{II}} = \frac{24'578 - 24'178}{0'400}$$

con HIII =	d ²	d	Es erado	Híbrido III	Es erado	d	d ²	X ² con
0	0	0	70	a ₁ = 1.060 a ₂ = 34 a ₃ = 36 a ₄ = 918 Tot. = 2.048	992 64'18 992	68 5'82 74	4.624 33'87 5.476	4'661 0'528 <u>5'520</u> 10'709

$$X^2_{c.o.H_{III}} = \frac{10'709 - 10'194}{0'515}$$

Significativo = 3'841

$$X^2_{c.o.H_{II}} = 0'400$$

$$X^2_{c.o.H_{III}} = 0'515$$

$$X^2_{h.c.o.o.} = 0'915$$

N°

% I. F.

II	21635
I	21284
II - I	01351

Línea - I 1.343 - 32 - 26 - 1.138 = $\frac{\text{Total}}{58} = 2.539$ - P_I = 21284

Híbrido - II $\frac{428 - 14 - 4 - 237}{18} = \frac{683 - P_H}{76} = 21635$
 $\frac{1.771 - 46 - 30 - 1.375}{76} = 3.222$ P_{II} = 21359

Con P _I = 21284	d ²	d	Esperado	Línea - I	Esperado	d	d ²	X ² con P _{II} = 21359
81386	10.404	10215	1.24015	a ₁ = 1.343 a ₂ = 32 a ₃ = 26 a ₄ = 1.138 Tot. = 2.539	1.239155	103145	10.609	81555
0	0	0	58		59189	1189	3157	01059
<u>81386</u> <u>161772</u>	10.404	10215	1.24015	161839 -161772 = 01067	1.239155	101155	10.201	<u>81225</u> <u>161839</u>
Con P _{II} = 21635	d ²	d	Esperado	Híbrido - II	Esperado	d	d ²	X ² con P _I = 21359
271367	9.120125	9515	33215	a ₁ = 428 a ₂ = 14 a ₃ = 4 a ₄ = 237 Tot. = 603	33315	9415	8.930125	261773
541734	9.120125	18	18		16	2	4	01250
<u>271367</u> <u>541734</u>	9.120125	9515	33215	541946 -541734 = 01212	33315	9615	9.312125	<u>271923</u> <u>541946</u>

Significativo = 31841

X²c.o.l. = 01067
 X²c.o.H. = 01212
 X²h-c.o.o. = 01279

Nº

% I. F.

Línea - I 1.343 - 32 - 26 - 1.138 = $\frac{\text{Total}}{2.539}$ - $P_I = 2.284$

III	3.194
I	2.284
III - I	0.910

Híbrido III ... $\frac{159}{1.502} - \frac{6}{38} - \frac{4}{30} - \frac{144}{1.282} = \frac{313}{2.852} = P_{HIII} = 3.194$
 $P_{II} = 2.1384$

on I =

d ²	d	Es erado	Línea - I	Es erado	d	d ²	X ² con
58			a ₁ = 1.343 a ₂ = 32 a ₃ = 36 a ₄ = 1.138 Tot. = 2.539	1.239	104	10.816	8.729
				60.52	2.52	6.35	0.105
				1.239	101	10.201	8.233
							17.067

$X^2_{c.o.l} = \frac{17.067 - 16.772}{0.295}$

on II=3 9.

d ²	d	Es erado	Híbrido - III	Esperado	d	d ²	X ² con
56.25	7.5	151.5	a ₁ = 159 a ₂ = 6 a ₃ = 4 a ₄ = 144 Tot. = 313	152.77	6.23	38.81	0.254
0	0	10		7.46	2.54	6.45	0.864
56.25	7.5	151.5		152.77	8.77	76.91	0.503
							1.621

$X^2_{c.o.HIII} = \frac{1.621 - 0.742}{0.879}$

Significativo = 3.841

$X^2_{c.o.l} = 0.295$
 $X^2_{o.o.HIII} = 0.879$
 $X^2_{h.c.o.} = 1.174$

N

% I. F.

Híbrido - II - 428 - 14 - 4 - 237 = 683 - P_{HII} = 2'635

III 3'194
II 2'635
III-II 0'559

Híbrido - III - 159 - 6 - 4 - 144 = 313 - P_{HIII} = 3'194
~~587 - 20 - 8 - 381 = 996~~
 P_{II} = 2'811

on P _{HII} = 2'635	d ²	d	Esperado	Híbrido - II	Esperado	d	d ²	X ² con P _{II} = 2'811
0	0	0	18	a ₁ = 428 a ₂ = 14 a ₃ = 18 Tot. = 683	332	96	9.216	27'759
<u>54'734</u>				X ² _{c.o.H_{II}} = $\frac{55'017 - 54'734}{0'283}$	332	95	9.025	<u>27'184</u> <u>55'017</u>
on P _{HIII} = 3'194	d ²	d	Esperado	Híbrido - III	Esperado	d	d ²	X ² con P _{III} = 3'194
0	0	0	10	a ₁ = 159 a ₂ = 6 a ₃ = 10 Tot. = 313	152	7	49	0'322
<u>0'742</u>				X ² _{c.o.H_{III}} = $\frac{0'907 - 0'742}{0'165}$	8'80	1'20	1'44	0'164
				X ² _{c.o.H_{III}} = $\frac{0'907 - 0'742}{0'165}$	152	8	64	<u>0'421</u> <u>0'907</u>
				Significativo = 3'841				X ² _{h.c.o.} = 0'448

E

	S.I.F.
II	1'581
I	1'410
II - I	0'171

Línea I 3.992 - 47 - 53 - 2.997 = $\frac{\text{Total}}{P_I} = 1'410$

Híbrido - II ... $\frac{67}{2.282 - 29 - 38 - 1.888 = 4.237 = P_H = 1'581}$
 $\frac{167}{6.274 - 76 - 91 - 4.885 = 11.326 = P_H = 1'474}$

χ^2 con $P_H = 1'581$		χ^2 con $P_H = 1'474$	
d^2	d	Esperado	Línea I
70'685	247.009	497'5	3.494'5
0	0	100	100
70'685	247.009	497'5	3.494'5
141'370			$\chi^2_{c.o.I} = 141'952 - 141'370 = 0'582$
			$a_1 = 3.992$ $a_2 = 47$ $a_3 = 53$ $a_4 = 2.997$ $\text{Tot.} = 7.089$
			$\frac{141'952}{-141'370} = 0'582$
			$\chi^2_{c.o.I} = 0'582$
			$\chi^2_{c.o.H} = 0'300$
			$\chi^2_{h.c.o} = 0'882$

$\chi^2_{c.o.H} = 0'300$

Significativo = 3'841
 Con un grado de libertad ... Entre 50 y 30

B_I y B_{II}

% I. f.

Línea - I 4.411 - 666 - 709 - 3.742 = 9.528 = P_I = 14.431

II - 15.280
I - 14.431
II - I 0.849

Híbrido - II .. 2.401 - 358 - 437 - 2.007 = 5.203 = P_H = 15.280
6.812 - 1024 - 1146 - 5.749 = 14.731 = P_H = 14.730
2.170

on P _I = 14.431	d ²	d	Esperado	Línea I	Esperado	d	d ²	X ² con P _H = 14.730
27.533	112.225	335	4.076	a ₁ = 4.411 a ₂ = 666 a ₃ = 709 a ₄ = 3.742 Tot. = 9.528	4.062	349	121.801	29.985
0	0	0	1.375		1.403	28	784	0.559
27.533	112.225	335	4.076		4.062	320	102.400	25.209
55.066				X ² c.o.L = 0.687				55.753

on P _H = 15.280	d ²	d	Esperado	Híbrido II	Esperado	d	d ²	X ² con P _H = 14.730
17.608	38.809	197	2.204	a ₁ = 2.401 a ₂ = 358 a ₃ = 437 a ₄ = 2.007 Tot. = 5.203	2.218	183	33.489	15.098
0	0	0	795		766.40	29	841	1.097
17.608	38.809	197	2.204		2.218	211	44.521	20.072
35.216				X ² c.o.H = 0.1051				36.267

Signifi. activo = 3.841
on un grado de libertad
1.542 : 20
2.705 : 10

X² c.o.L = 0.687
X² c.o.H = 1.051
H² c.o.L = 1.738

K

II	28'332
III	27'131
II - III	1'201

S. I. P.

Híbrido - II \dots 615-223 - 217 - 498 = $\frac{\text{Total}}{P_{HTI}} = 28'332$

Híbrido - III \dots 50-21 - 14 - 44 = 129 = $\frac{P_{HTI}}{P_{HTII}} = 27'131$
 $\frac{475}{665 - 247 - 231 - 542} = 1.682 = P_{\Pi} = 28'240$

con 28'332	d ²	d	Esperado	Híbrido - II	Esperado	d	d ²	X ²	con P _Π = 28'240
				a ₁ = 615 a ₂ = 223 a ₃ = 217 Tot. = 1.0553	557'22 438'56 557'22	57'78 1'44 59'22	3340'84 2'0736 3504'64	5'995 0'005 6'289	
con 27'131	d ²	d	Esperado	Híbrido - III	Esperado	d	d ²	X ²	con P _Π = 28'240
				a ₁ = 50 a ₂ = 21 a ₃ = 14 Tot. = 129	46'29 36'42 45'29	3'71 1'42 2'29	13'7641 2'0164 5'2441	0'297 0'055 0'113 0'465	
				X ² c.o.H _{II} = (-) 0'009					
				X ² c.o.H _{III} = 0'083					
				X ² c.o.H _{II} = 0'009					
				X ² c.o.H _{III} = 0'083					
				X ² c.o.c.o. = 0'074					
				Sig. ficativo = 3'481					

0'382

H-I y H-II

II 361885
 I 341854
 II - I 21031

Línea - I 780-405- 359 - 648 = 2.192 - P_L = 341854

Híbrido - II ... 130-61- 74 - 101 = 366 - P_H = 361885
 910-466- 433 - 749 = 2.558 P_H = 351144
 135
 764
 899

2 con P _L = 341854		2 con P _H = 361885		Híbrido - II		2 con P _H = 351144	
d ²	d	Esperado	Línea - I	Esperado	d	d ²	X ² con P _H
6'101	4.356	66	a ₁ = 780 a ₂ = 405	711	69	4.761	6'696
0	0	764	a ₃ = 359 a ₄ = 648 Tot. = 2192	770	6	36	0'046
6'101				711	63	3.969	5'582
		X ² c.o.l = 0'122					
		121324					
		121202					
		0'122					
1'820	210'25	14'5	a ₁ = 130 a ₂ = 61	118'69	11'3	127'69	1'076
0	0	135		128'62	6'4	40'96	0'318
1'820	210'25	14'5	a ₃ = 74 a ₄ = 101 Tot. = 366	118'69	17'7	313'29	2'639
3'640							4'033

X² c.o.H =

4'033
 3'640
 0'393

Significativo = 3'481

0'445 • 50

1'074 • 30

n = 1 - Con un Grado de Libertad

X² c.o.l = 0'122
 X² c.o.H = 0'393
 X² n.c.o. = 0'515

- X² DE HETEROGENEIDAD ENTRE VALORES DE INTERCAMBIO FACTORIAL DE LINEAS Y ESTIRPES Y
LOS CORRESPONDIENTES DE SUS HIBRIDOS

TABLA R''

Lineas	Genes	X ² Linea - Híbrido II	Grados de Libertad	Probabilidad entre (+)	X ² Linea - Híbrido III	Grados de Libertad	Probabilidad entre (+)
.....	ctv	7'1773	1	+ .01 y .001	-----	1	-----
.....	"	13'1230	"	+ .001 y ---	15'1498	"	+ .00 y ---
.....	yB	1'1909	"	.20 y .10	0'1786	"	.50 y .30
.....	"	12'1668	"	+ .001 y ---	7'1529	"	+ .01 y .001
.....	III	- 0'1076	"	+ .80 y 70	1'1444	"	- .30 y .20
.....	"	0'1279	"	- .70 y .50	1'1174	"	- .30 y .20
.....	yW	0'1882	"	- .50 y .30	-----	"	-----
.....	wct	1'1738	"	- .20 y .10	-----	"	-----
.....	yM	4'1843	"	- .05 y .02	0'1800	"	- .50 y .30
.....	ctB	0'1515	"	- .50 y .30	-----	"	-----
Estirpes							
(C+c') ..	ctv	17'1272	1	.001 y ---	17'1903	1	.001 y ---
(D+d') ..	yB	14'1324	"	.001 y ---	6'1160	"	.02 y .01
(N+n') ..	III	0'1377	"	.70 y .50	4'1138	"	.05 y .02

A) Influencia de la consanguinidad sobre el Intercambio factorial en las series de Retrocruzamientos: BC, CB y (BC + CB).

Una última prueba para el estudio del efecto de la consanguinidad sobre el Intercambio y las anomalías "no disyuntivas" fue llevada a cabo, la cual, nos ofreció a la vez, la oportunidad de estudiar el posible efecto del citoplasma sobre estos dos fenómenos.

Consistió ello en realizar cruces entre la línea C'd y la variedad silvestre:

C' d x Variedad y Variedad x C'd. A partir de ellos se hicieron dos series de retrocruzamientos: hacia la Línea pura C'd que partiendo de la F₁ de citoplasma de Línea (Serie CB) llegaron hasta el retrocruzamiento R₄ y en la serie de citoplasma de variedad silvestre (serie BC) hasta el retrocruzamiento = R₅.

Serie BC

(citoplasma de variedad)

Se cruzaron varias ♀♀ de *Drosophila melanogaster*, silvestres con otros tantos ♂♂ consanguíneos "ctv" de la Línea C'd - S₅₄, en la siguiente forma:

$$4 \text{ ♀♀ } P_1 \text{ CtV/CtV} \quad \times \quad 4 \text{ ♂♂ } P_2 \text{ ctv/Y (C'd - S}_{54}\text{)}$$

$$F_1 \text{ ♀♀ CtV/ctv} \quad \text{♂♂ CtV/Y}$$

Las ♀♀ CtV/ctv de la F₁ se cruzan con ♂♂ ctv/Y de la Línea recurrente F₁; ♀♀ CtV/ctv x ctv/Y (C'd - S₅₅)

$$R_1 \text{ CtV/ctv, CtV/ctv, ctV/ctV, ctv/ctv - CtV/Y, CtV/y, ctV/Y, ctv/Y.}$$

Se calcula el Intercambio factorial correspondiente a este R₁ y se continúa hacia el segundo Retrocruzamiento, cruzando las ♀♀ CtV/ctv del R₁ por ♂♂ ctv/Y de la línea recurrente C'd - S₅₆:

$$\text{♀♀ CtV/ctv} \quad \times \quad \text{♂♂ ctv/Y (C'd - S}_{56}\text{)}$$

$$R_2$$

y así sucesivamente hasta obtener el R₅.

Los resultados se muestran en el cuadro R - 1.

Serie CB

(citoplasma de Línea C'd)

El retrocruzamiento BC, es paralelo y simultáneo con el CB, que tiene del anterior, porque en el CB, los retrocruzamientos llevan Citoplasma de línea consanguínea, en cambio en el BC, el Citoplasma correspondía exclusivamente a *Drosophila silvestre* no consanguínea. [♀♀ ctv/ctv de *Drosophila melanogaster*, de Línea consanguínea (C'd - S₅₅) x ♂♂ silvestres] x ♂♂ ctv/Y de Línea consanguínea, con genes "ct" "y".

Se cruzaron varias ♀♀ ctv/ctv (C'd - S₅₅) de Línea x ♂♂ CtV/Y silvestres. (No consanguíneos), en esta forma:

$$\text{♀♀ } P_1 \text{ ctv/ctv} \quad \times \quad P_2 \text{ ♂♂ CtV/Y}$$

$$F_1 = \text{♀♀ ctv/CtV} \quad \text{ctv/Y}$$

Resultados del Retrocruzamiento: BC
 (Silvestre x Línea pura C'd) x Línea pura C'd (n veces),
 para estudiar el Intercambio factorial

Nº de individuos de cada clase

R - 1

Ctv/	Ctv/	ctv/	ctv/	Total	Nº total de Recombinaciones	% Intercambio factorial	% Homocigosis
671	90	76	613	1.450	166	11'4,48	0'
643	65	64	584	1.356	129	9'513	50'
925	114	78	947	2.064	192	9'302	75'
975	97	85	931	2.088	182	8'716	87'5
445	54	35	432	966	89	9'213	93'75
860	89	82	897	1.928	171	8'869	96'875
4.519	509	420	4.404	9.852	929	9'4295	-----

de idéntica constitución genica (excepto en lo que se refiere al cromosoma Y) que el progenitor materno, P₁.

F₁ ♀♀ CtV/ctv x ctv/Y (C'd - S55)

R₁ ♀♀ CtV/ctv, Ctv/ctv, ctv/ctv y ctv/ctv - ♂♂ C'V/Y, Ctv/Y, ctv/Y, ctv/Y.

Se calcula el Intercambio correspondiente a este R₁, y se continúa hacia el R₂, cruzando ♀♀ CtV/ctv del R₁ con ♂♂ de la Línea consanguínea recurrente C'd - S56:

Así, sucesivamente, hasta obtener el R₄.

Los resultados se muestran en el cuadro CB - 2

Se hace observar, que aunque el Progenitor recurrente no es el mismo individuo en las distintas generaciones, sin embargo, a los efectos genéticos, es igual que si lo fuera, por pertenecer a la misma Línea, la cual, a esa altura, es ya prácticamente homocigótica.

Serie (BC + CB)

Puesto que, como veremos enseguida, la diferencia entre los coeficientes de correlación y de regresión entre las series BC y CB, no es significativa, podemos agrupar los datos de ambas series en un conjunto que designaremos por (BC + CB), cuyo desarrollo se expresa en el cuadro R - 3.

Obtenidos los datos del Intercambio factorial en las generaciones, R₁ a R₅, inclusive, en la serie BC, y en las generaciones, F₁ a R₄, en la serie CB; así como, los valores de dicho Intercambio en la serie conjunta (BC + CB), procede averiguar: La correlación entre el valor del intercambio factorial y el coeficiente de consanguinidad en cada generación:

a) Por separado en las dos series

b) Tomando conjuntamente los datos de ambas series.

Correlación entre el valor del Intercambio factorial de la serie BC y coeficiente de consanguinidad de cada generación.

Verificados los cálculos para hallar el coeficiente de correlación (r), con los datos del cuadro R - 4, entre el % de homocigosis (X) y el de Intercambio (Y) de la Serie BC de Retrocruzamientos encontramos, $r = -0,8866$, para $u = 5$ grados de libertad que es negativo, y altamente significativo, con un nivel de significación entre 0,01 y 0,001.

Calculado el correspondiente coeficiente de regresión (t), hallamos $t = 4,4033$, para $n = 5$ grados de libertad que es significativo, puesto que $P = 0,01$.

Correlación entre el valor del Intercambio de la serie CB y su coeficiente de consanguinidad.

Realizados los correspondientes cálculos para hallar el coeficiente de correlación (r), con los datos del cuadro R - 4 entre los % de homocigosis (X) y de Intercambio (Y') de dicha serie CB; nos da, $r = -0,8476$ para $n = 4$ grados de libertad, con una probabilidad F entre 0,05 y 0,02 resultando así la correlación negativa y significativa, como en la serie BC.

Hallado el correspondiente coeficiente de regresión (t) entre dichos valores; % de homocigosis (X) y % de intercambio factorial (Y'), nos da $t = 3,1972$, para $n = 4$ grados, el cual es significativo, ya que P está comprendida entre 0,05 y 0,02.

Resultados del Retrocruzamiento:
 (Línea pura C₁d x Silvestre) x Línea pura C₁d (n veces)
 para estudiar el Intercambio factorial

R-2

C ₁ B.		Nº de individuos de cada clase				Total	Nº total de Recombinaciones	% Intercambio Factorial	% Homocigosis
	CtV /	CtV /	ctV /	ctV /					
F ₁	805	132	99	773	1.809	231	12.769	0	
R ₁	684	85	76	670	1.515	161	10.627	50	
R ₂	564	59	48	526	1.197	107	8.939	75	
R ₃	264	28	31	225	548	59	10.766	87.5	
R ₄	638	60	65	576	1.339	125	9.335	93.75	
Total	2.955	364	319	2.770	6.408	683	10.658	---	

Resultados de los Rotocruzamientos (BC + CB)
(Intercambio Factorial)

Nº de individuos de cada clase		Nº total de Recombinaciones		% Intercambio Factorial		% Homocigosis	
F1	R1	R2	R3	R4	R5	Total	Total
1.476	1.327	1.438	1.239	1.083	860	7.473	873
222	150	173	125	114	89	739	82
175	140	126	116	100	82	7.174	897
1.386	1.254	1.473	1.156	1.008	897	7.174	897
3.286	2.871	3.261	2.636	2.305	1.928	16.260	1.928
397	290	299	241	214	171	1.612	171
12.182	10.101	9.169	9.143	9.284	8.869	9.912	8.869
0.1	50.1	75.1	87.5	93.75	96.875	---	96.875
Total		Total		Total		Total	
7.473	873	739	7.174	897	16.260	1.612	9.912

$$\frac{BC - CB}{(BC + CB)}$$

Datos para calcular los coeficientes de correlación y regresión, entre el % de homocigosis (X) y el % de Intercambio factorial (Y) de los Retrocruza-
mientos, (BC + CB).

R₄

Procedencia	% de Homocigosis (X)	% de Intercambio BC = (Y)	% de Intercambio OB = (Y')	% de Intercambio (BC + CB) = (Y'')
F ₁	0'000	11'448	12'769	12'182
R ₁	50'000	9'513	10'627	10'101
R ₂	75'000	9'302	8'939	9'169
R ₃	87'500	8'716	10'766	9'143
R ₄	93'750	9'213	9'335	9'284
R ₅	96'875	8'869	---	8'869
P ₂	100'000	9'582	9'582	9'582

NOTA

Se ha tomado para P₂ la generación O'1 - S'1 40-49, de genos marcadores "ct" "v" con coeficiente de consanguinidad = 100'000.

Correlación entre el Intercambio factorial del conjunto de las series BC y CB con su coeficiente de consanguinidad respectiva.

Puesto que la diferencia entre los coeficientes de correlación y de regresión entre las series BC y CB no es significativa, solución corroborada por la prueba X^2 de heterogeneidad, podemos agrupar los datos obtenidos en un conjunto que designaremos por (BC + CB), cuyo desarrollo se vé en el cuadro R - 3.

Calculados los correspondientes coeficientes de correlación (r) y de regresión, con los datos del cuadro R - 4) entre los % de homocigosis (X) y de intercambio (Y'), hallamos, para el coeficiente de correlación (r): $r = -0.9381$, para $n = 5$ grados de libertad, con $P =$ entre 0,01 y 0.001, resultando así la correlación negativa y muy significativa como en las series aisladas.

En cuanto al coeficiente de regresión nos dá $t = 6.0662$, para $n = 5$ grados de libertad que resulta altamente significativa.

De dónde, podemos concluir que la correlación negativa y significativa entre el coeficiente de consanguinidad y el % de intercambio factorial confirma los resultados de la comparación entre el Intercambio factorial en líneas puras y sus correspondientes híbridos.

Observación :

Los datos del número de individuos de cada clase en cada cultivo, agrupados según el mismo coeficiente de consanguinidad y los cálculos correspondientes siguen a continuación en sus respectivos cuadros.

RESULTADOS DEL REPROCRUZAMIENTO: BC

(Silvestre x línea pura C'd) x línea pura C'd (n voces), para estudiar el Intercambio factorial

Generaciones	Número de individuos de cada clase										Total
	Ctv/ctv	Ctv/ctv	ctv/ctv	ctv/ctv	Ctv/Ctv	Ctv/Ctv	ctv/ctv	ctv/ctv	ctv/ctv	ctv/ctv	
F ₁	45	7	6	48	73	12	6	73	270		
F ₁	60	5	3	50	55	3	9	61	246		
F ₁	72	13	2	40	51	7	7	58	250		
F ₁	45	5	9	45	53	5	17	59	238		
F ₁	68	8	5	45	58	14	4	58	260		
F ₁	45	6	4	35	46	5	4	41	186		
F ₁ Total ...	335	44	29	263	336	46	47	350	1.450		
R ₁	50	5	5	44	46	7	6	41	204		
R ₁	80	5	4	50	72	10	6	68	295		
R ₁	129	15	20	129	133	15	15	142	598		
R ₁	72	5	4	55	61	3	4	55	259		
R ₁ - Total...	331	30	33	276	312	35	31	306	1.356		

REPROGRUZIENNO: BC

Generaciones	Ctv	Número de individuos de cada clase:							Total
		ctv	ctv	ctv	ctv	ctv	ctv	ctv	
R ₂	59	9	3	53	52	7	3	52	238
R ₂	49	8	4	37	46	6	0	37	187
R ₂	25	3	3	27	20	1	2	30	111
R ₂	42	6	2	47	53	4	9	54	217
R ₂	97	13	9	96	115	11	8	118	467
R ₂	72	17	5	84	93	5	19	95	390
R ₂	90	14	4	97	112	10	7	120	454
R ₂ -- Total ..	434	70	30	441	491	44	48	506	2.064
R ₃	55	8	4	51	61	3	7	45	234
R ₃	94	12	6	92	117	10	6	100	437
R ₃	65	10	7	50	51	6	8	65	262
R ₃	99	9	5	75	75	5	8	85	357
R ₃	96	6	12	78	106	8	5	115	426
R ₃	83	11	12	83	73	9	9	92	372
R ₃ -- Total ..	492	56	46	429	483	41	39	502	2.088

REPROCRUZAMIENTO: BC

Generaciones	Número de Individuos de cada clase:										Total
	CtV/ctv	Ctv/ctv	ctv/ctv	ctv/ctv	CtV/	Ctv/	ctv/	ctv/	ctv/	ctv/	
R ₄	86	8	7	65	68	9	8	83	334		
R ₄	75	7	5	83	76	11	5	83	345		
R ₄	70	10	3	58	70	9	7	60	287		
R ₄ - Total ..	231	25	15	206	214	29	20	226	966		
R ₅	53	6	10	61	56	4	6	57	253		
R ₅	88	11	4	80	75	7	2	92	359		
R ₅	101	12	10	90	70	12	12	103	410		
R ₅	47	3	3	45	30	5	5	50	188		
R ₅	116	11	11	82	87	9	9	108	433		
R ₅	68	4	5	58	69	5	5	71	285		
R ₅ - Total ..	473	47	43	416	387	42	39	481	1.928		

RESULTADOS DEL REPROCRUZAMIENTO: CB

(Línea pura C¹d x Silvestre) x Línea pura C¹d (n, voces) para estudiar el Intercambio factorial

Generaciones	Número de individuos de cada clase										Total
	CtV/ctv	Ctv/ctv	ctv/ctv	ctv/ctv	CtV/	Ctv/	ctv/	ctv/	ctv/	ctv/	
F ₁	87	9	17	88	90	13	6	83	393		
F ₁	78	14	9	65	66	14	10	84	340		
F ₁	70	10	7	74	101	19	8	72	361		
F ₁	94	18	8	85	83	14	13	70	385		
F ₁	71	13	9	72	65	8	12	80	330		
F ₁ - Total ..	400	64	50	384	405	68	49	389	1.909		
R ₁	48	10	7	36	37	4	5	44	191		
R ₁	59	11	4	52	50	3	10	49	238		
R ₁	50	8	4	45	51	4	7	53	222		
R ₁	83	6	8	96	97	13	9	98	410		
R ₁	50	7	2	40	44	4	2	50	199		
R ₁	65	6	8	53	50	9	10	54	255		
R ₁ - Total ..	355	48	33	322	329	37	43	348	1.515		

RESULTADOS DEL RETROGAUZAMIENTO: CB

Generaciones	Ctv/ctv	Ctv/ctv	Número de individuos de cada clase				Total		
			ctv/ctv	ctv/ctv	Ctv/Ctv	Ctv/ctv			
R ₂	73	5	8	79	63	10	8	72	318
R ₂	95	8	9	81	111	9	10	129	452
R ₂	116	11	7	75	106	16	6	90	427
R ₂ - Total ..	284	24	24	235	280	35	24	291	1.197
R ₃	128	17	14	125	136	11	17	100	548
R ₃ - Total ..	128	17	14	125	136	11	17	100	548
R ₄	75	12	10	65	86	7	12	81	348
R ₄	49	5	6	57	85	6	6	55	269
R ₄	79	9	8	76	81	6	8	70	337
R ₄	95	7	9	93	88	8	6	79	385
R ₄ - Total ..	298	33	33	291	340	27	32	285	1.339

BC = Retrocruzamiento (silv x I) x Lin.
 Coeficiente de correlación = r (Intercambio factorial)

Retrocruzamientos	Homocigosis % X	Intercambio factorial Y	X ²	Y ²	XY
F1	0'	11'448	0'0000	131'056	0'000
R1	50'	9'513	2'500'0000	90'497	475'650
R2	75'	9'302	5'625'0000	86'527	697'450
R3	87'5	8'716	7'656'0000	75'968	762'650
R4	93'75	9'213	8'789'0625	84'879	863'718
R5	96'875	8'869	9'384'7650	78'659	859'184
P2	100'000	9'582	10'000'0000	91'815	958'200
Linea Cid-S'48-49	ΣX = 503'125	ΣY = 66'643	ΣX ² = 43'954'8275	ΣY ² = 639'301	ΣXY = 4'617'052

$$(\sum X)^2 = 253.134'765 // (\sum Y)^2 = 4.441'289 // \sum X \sum Y = 33.529'759$$

$$\frac{(\sum X)^2}{n} = 36.162'109 // \frac{(\sum Y)^2}{n} = 634'469 // \frac{\sum X \sum Y}{n} = 4.789'965$$

$$\sum X^2 = 43.954'827 \quad \sum Y^2 = 639'301 \quad \sum XY = 4.617'052$$

$$\frac{(\sum X)^2}{n} = \frac{36.162'109}{7} \quad \frac{(\sum Y)^2}{n} = \frac{634'469}{7} \quad \frac{\sum X \sum Y}{n} = \frac{4.789'965}{7}$$

$$\sum X^2 = 7.792'718 \quad \sum Y^2 = 004'832 \quad \sum XY = -0.172'913$$

$$r = \frac{\sum XY}{\sqrt{\sum X^2 \cdot \sum Y^2}} = \frac{-172'913}{\sqrt{37,654'413}} = \frac{-172'913}{194'58} = -0'8886,$$

r = -0'8886, n = 5, significativo

n	0'05	0'01	0'001
5	0'7545	0'8745	0'9507

BO = Retrocruzamiento
"Coeficiente de Regresión"

S.S. x = 7.792,718
S.S.y = 4,832
S.P. x y = - 172,91

$b_{xy} = - \frac{172,91}{4,83} = - 35,799$

$\sum (x - \bar{X})^2 = 7.792,71 - (35,799)^2 \times 4,83 = 7.792,71 - 6.190,32 = 1.600,182$

Standard error de $b_{XX} = \sqrt{\frac{1.600,182}{5 \times 4,832}} =$

$= \sqrt{\frac{1.600,182}{24,160}} = 66,235 = 8,13$

$t = \frac{b_{xy}}{\text{Standard error de } b_{xy}} = - \frac{35,799}{8,13} = - 4,4033$

para n = 5 grados de libertad.

n	0'05	0'02	0'01
5	2'571	3'365	4'032

+ Significativo

Retrocruzamiento CB.
"Coeficiente de regresión"

S.S. x = 7.063,800
S.S. y = 9,71
S.P. x y = -221,978
b_{xy} = - 22,860

$\sum (x - \bar{X})^2 = S.S.x - b_{xy}^2 \times S.S.y = 1.989,55$

Standard error de b_{xy} = $\sqrt{\frac{\sum (x - \bar{X})^2}{(n - 2) \cdot S.S.y}} = \sqrt{\frac{1.989,55}{4 \times 9,71}} =$

$= \sqrt{\frac{1.989,55}{38,84}} = 51,224 = 7,15$

$t = - \frac{22,860}{7,15} = - 3,1972$, para n = 4 grados de libertad

n	0.05	0'02
4	2.766	3,747

+ Significativo

CB = Retrocruzamiento (I x Silv) x I
 Coeficiente de correlación = r, (Intercambio Factorial)

Retrocruzamientos	Homoigosis % X	Intercambio factorial Y	X ²	Y ²	XY
F1	0'000	12'769	0'0000	163'0473	0'000
R1	50'000	10'627	2'500'0000	112'9334	531'350
R2	75'000	8'939	5'625'0000	79'9057	670'425
R3	87'500	10'766	7'656'2500	115'9067	942'025
R4	93'750	9'335	8'789'0625	87'1422	875'156
P2	100'000	9'562	10'000'0000	91'615	958'200
id - S'49 -	Σ X = 406'25	Σ Y = 62'018	X² = 34.570'3125	Y² = 650'7500	XY = 3.977'156

$(\sum X)^2 = 165.039'062$ // $(\sum Y)^2 = 3.846'23$ // $\sum X \cdot Y = 25.194'812$
 $(\frac{\sum X}{6})^2 = 27.506'512$ // $(\frac{\sum Y}{6})^2 = 641'04$ // $\frac{\sum X \cdot Y}{6} = 4.199'134$

$\sum X^2 = 34.570'312$ $\sum Y^2 = 650'75$ $\sum XY = 3.977'56$

$\frac{(\sum X)^2}{6} = \frac{27.506'512}{6}$ $\frac{(\sum Y)^2}{6} = \frac{641'04}{6}$ $\frac{\sum X \cdot Y}{6} = \frac{4.199'134}{6}$

$\sum X^2 = 7.063'800$ $\sum Y^2 = 09'71$ $\sum XY = 221'978$

$$r = \frac{\sum XY}{\sqrt{\sum X^2 \cdot \sum Y^2}} = \frac{-221'978}{\sqrt{68.589'490}} = \frac{-221'978}{261'69} = -0'8476$$

r = - 0'8476, n = 4, significativo

n	0.05	0.01
4	0'8114	0'9172

(BC + CB) Retrocruzamiento (I x SIIV) x I
 Coeficiente de correlación = r, (Intercambio factorial)

Retrocruzamientos	Homocigosis % X	Intercambio factorial Y	X ²	Y ²	XY
F1	0'	12'132	0'000	148'401	0'000
R1	50'	10'101	2.500'000	102'030	505'050
R2	75'	9'169	5.626'000	84'070	687'675
R3	87'5	9'143	7.656'250	83'594	800'012
R4	93'75	9'284	8.789'062	86'192	870'375
R5	96'875	8'869	9.384'765	78'659	859'184
P2	100'000	9'582	10.000'000	91'614	958'200
$\Sigma X = 503'125$		$\Sigma Y = 68'330$	$\Sigma X^2 = 43.954'827$	$\Sigma Y^2 = 674'760$	$\Sigma XY = 4.680'496$

$$(\Sigma X)^2 = 253.134'765 \quad // \quad (\Sigma Y)^2 = 4.668'938 \quad // \quad \Sigma X \cdot \Sigma Y = 34.378'531$$

$$\frac{(\Sigma X)^2}{7} = 36.162'109 \quad // \quad \frac{(\Sigma Y)^2}{7} = 666'998 \quad // \quad \frac{\Sigma X \cdot \Sigma Y}{7} = 4.911'218$$

$$\Sigma X^2 = 43.954'827 \quad \Sigma Y^2 = 674'760 \quad \Sigma XY = 4.680'496$$

$$\frac{(\Sigma X)^2}{7} = 36.162'109 \quad \frac{(\Sigma Y)^2}{7} = 666'998 \quad \frac{\Sigma X \cdot \Sigma Y}{7} = 4.911'218$$

$$\Sigma X^2 = 7.792'718 \quad \Sigma Y^2 = 07'762 \quad \Sigma XY = -230'722$$

$$r = \frac{\Sigma XY}{\sqrt{\Sigma X^2 \cdot \Sigma Y^2}} = \frac{-230'722}{\sqrt{60487'077}} = -0'9381$$

r = - 0'9381, n = 5, significativo

n	.01	.001
5	0'9745	0'9507

$$\begin{aligned} S.S.x &= 7.792'718 \\ S.S.y &= 7'762 \\ S.S.xy &= 230'722 \end{aligned}$$

$$b_{xy} = \frac{S.P.xy}{S.S.y} = - \frac{230'722}{7'762} = - 29'7245$$

$$\sum(x - X)^2 = S.S.x - b^2_{xy} X S.S.y = 7.792'718 - 6858'084 = 934'634$$

$$\begin{aligned} \text{Standard error de } b_{xy} &= \sqrt{\frac{(x-X)^2}{(n-2) \cdot S.S.y}} = \frac{934'634}{5 \times 7'762} = \frac{936'634}{38'810} = \\ &= \sqrt{24'0822} = 4'90 \end{aligned}$$

$$t = \frac{b_{xy}}{\text{Standard error } b_{xy}} = - \frac{29'7245}{4'9} = 6'0662 \text{ para 5 grados de libertad}$$

Muy significativo

Diferencia entre coeficientes de correlación

rAB
rCB

$$\begin{aligned} Z'_1: r_{BC} &= - 0'8886 ; N = 7 \\ Z'_2: r_{CB} &= - 0'8476 ; N = 6 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} Z'_1 &= \frac{1}{2} \log_e \frac{1+r_1}{1-r_1} = \frac{1}{2} \log_e \frac{1+0'8886}{1-0'8886} = \frac{1}{2} \log_e \frac{1'8886}{0'1114} = \\ &= \frac{1}{2} \log_{10} 16'9533 \times 2'3026 = \end{aligned}$$

$$= \frac{1}{2} 1'229255 \times 2'3026 = 0'614627 \times 2'3026 = \underline{1'41524}$$

$$Z'_2 = \frac{1}{2} \log_e \frac{1+r_1}{1-r_1} = \frac{1}{2} \log_e \frac{1+0'8476}{1-0'8476} = \frac{1}{2} \log_e \frac{1'8476}{0'1524} =$$

$$= \frac{1}{2} \log_e 12'123 \times 2'3026 = \frac{1}{2} 1'08610 \times 2'3026 = 0'541805 \times 2'3026 = 1'24756$$

$$Z'_1 - Z'_2 = 1'41524 - 1'24756 = 0'16768$$

Standard error de la diferencia

$$S_{Z'_1 - Z'_2} = \sqrt{\frac{1}{N_1-3} + \frac{1}{N_2-3}} = \sqrt{\frac{1}{4} + \frac{1}{3}} = \frac{7}{12} =$$

$$= \sqrt{0'58333} = 0'763$$

$$\frac{Z'_1 - Z'_2}{S_{Z'_1 - Z'_2}} = \frac{0'16768}{0'763} = 0'21976$$

$$d/Sd = 0'21976$$

La "d" no excede 2 veces al error standard.

No significativa

B) Influencia de la consanguinidad sobre la frecuencia de las Anomalías no disyuntivas primarias en las series de Retrocruzamientos BC, CB (BC + CB).

Anomalías "no disyuntivas primarias" en función de la homocigosis.

Al realizar los Retrocruzamientos BC y CB, para el estudio del "Intermedio factorial", se investigó las "no disyunción primaria" en las dos series: en la BC, de citoplasma silvestre, y en la CB, de citoplasma de la línea consanguínea, por lo tanto designaremos sus correspondientes anomalías primarias, por B'C' y C'B' para facilitar, su exposición.

Serie B'C'

No disyunción primaria en el retrocruzamiento de citoplasma silvestre.

Esquema de trabajo

P₁ ♀♀ CtV/CtV (silvestres) x ♂♂ ctv/Y (Línea C'd-S'54)

F₁ ♀♀ CtV/ctv, ♂♂ CtV/Y

♀♀ CtV/Y de la F₁, se eliminan.

Las ♀♀ CtV/ctv de la F₁, se cruzan con ♂♂ ctv/Y de la misma línea (C'd-F'55) y prácticamente de consanguinidad = 99'998.920,8.- igual que el progenitor paterno; cuyo coeficiente de homocigosis es 9'998.920,8

F₁ ♀♀ CtV/ctv x ctv/Y (C'd-F'55)

R₁ ♀♀ CtV/ctv, CtV/ctv, ctv/ctv, ctv/ctv, ♂♂ CtV/Y, CtV/Y, ctv/Y, ctv/Y

Las ♀♀ ctv/ctv del R₁ se cruzaron con ♂♂ hermanos CtV/Y en esta forma:

♀♀ ctv/ctv ? (R₁) x ♂♂ CtV (R₁)

♀♀ ctv/CtV, ctv/ctv/Y, ♂♂ ctv/Y CtV/o

El % de esta no disyunción primaria, es referida al Retrocruzamiento, pues en su oogénesis, se produjeron estas anomalías primarias, y el zamiento las detecta simplemente.

Tenemos que utilizar nuevamente las ♀♀ ctv/ctv ? del Retrocruzamiento R₃, correspondiente a la Serie BC, para cruzarlas con sus hermanos CtV/Y y obtener sus anomalías de "no disyunción primaria" del Retrocruzamiento y así sucesivamente, las ♀♀ ctv/ctv ? del R₃ x ♀♀ CtV/Y hermanos, darían, las anomalías R'₃ resumiendo los resultados en el cuadro: B' C' = R-A-1.

Calculando el coeficiente de correlación (r), con los datos del cuadro R-A-4, entre el % de homocigosis (X) y el % de no disyunción primaria) relativa al Retrocruzamiento BC, encontramos un r = 0'6022, para n = 4 grados de libertad, que es positivo, pero no significativo, ya que 0.1.

Calculado el correspondiente coeficiente de regresión (t), hallamos = 1'512, para n = 4 grados de libertad, que no es significativo, ya que t > 2.

BIC = ANOMALIAS PRIMARIAS EN LOS REPRODUZAMIENTOS, BC.

Relación numérica de los individuos de cada clase, indicando la procedencia, y agrupándoles en "totales" de igual coeficiente de consanguinidad.

Procedencia de las QQ	Cultivos	Nº de individuos normales	Número de individuos CtV/cTV/Y	individuos CtV/O	anómalos QQ y OO	% total de anomalias	Reprostruamiento
BC - R ₁	8 ctv/ctv x CtV-I	186	- 1	-	- 1	-	R' 1
"	" " x CtV-II	118	- 2	-	- 2	-	"
"	" " x CtV-I	118	-	-	-	-	"
"	" " x CtV-I	70	-	-	-	-	"
"	" " x CtV-II	215	-	- 2	- 2	-	"
"	" " x " -II	132	-	-	-	-	"
"	" " x " -II-I	175	-	-	-	-	"
"	" " x " -II-I	122	-	-	-	-	"
Total	1.136	3	2	5	0'438	R' 1
BC - R ₂	" " x " -II	201	-	-	-	-	R' 2
"	" " x " -II	208	-	- 2	- 2	-	"
"	" " x " -I	68	-	-	-	-	"
"	" " x " -I	144	-	- 1	- 1	-	"
"	" " x " -I	131	-	-	-	-	"
"	" " x " -I	337	-	- 2	- 2	-	"
"	" " x " -I	395	10	- 3	1 3	-	"

Procedencia de las QQ	Cultivos	Nº de individuos normales	Nº de individuos Ctv/ctv/Y	Nº de individuos anómalos Ctv/O	Nº de individuos QQ y OO	% total de anómalas	Retrocruzamiento
BC - R ₂	3 ctv/ctv x Ctv-I	460	- 1	- 8	- 9	-	R' 2
"	3 " x " -I	430	- 1	- 6	- 7	-	"
"	3 " x " -I	381	- 1	- 2	- 3	-	"
Total	2.755	13	24	37	1'325	R' 2
BC - R ₃	5 " x " -I	289	- -	- 2	- 2	-	R' 3
"	id id	374	- 2	- 4	- 6	-	"
"	id id	355	- 2	- 4	- 6	-	"
"	id id	344	- 4	- 1	- 5	-	"
"	id id	251	- 2	- -	- 2	-	"
"	id id	198	- 1	- 1	- 2	-	"
Total	1.811	11	12	23	1'254	R' 3
BC - R ₄	6 " x " -I	537	- 3	- 3	- 6	-	R' 4
"	id id	331	- 2	- 4	- 6	-	"
"	id id	251	- 1	- 3	- 4	-	"
"	id id	312	- 4	- 1	- 1	-	"
Total	1.431	- 6	11	17	1'174	R' 4

Procedencia de las QQ	Cultivos	Nº de individuos normales	Nº de individuos anómalos			% total de anomalías	Retrocruzamiento
			Ctv/ctv/Y	Ctv/O	QQ y OO		
BC - R ₅	6 ctv/ctv x Ctv-I	385	- 2	- 2	- 4	- -	R' 5
"	id	283	- 1	- 4	- 5	- -	"
"	id	255	- -	- 4	- 4	- -	"
Total	923	- 3	10	13	1'388	R' 5

B'C'

R-A (1)

procedencia	% Homocigosis	Nº total de individuos	No disyunción primaria				
			XY	X	Total	%	% Bridges
R'1	50'000	1.141	3	2	5	0'438	0'0500
R'2	75'000	2.792	13	24	37	1'325	---
R'3	87'500	1.834	11	12	23	1'254	---
R'4	93'750	1.140	6	11	17	1'174	---
R'5	96'875	936	3	10	13	1'300	---
Total	---	8.151	36	59	95	---	---

Resultados de la no disyunción primaria obtenidos en los Retrocruzamientos CB, Genes ct. v.

C'B'

R-A (2)

procedencia	% Homocigosis	Nº total de individuos	No disyunción primaria				
			XXY	X	Total	%	% Bridge
R'1	50'000	2.561	11	9	20	0'780	0'0500
R'2	75'000	1.150	4	8	12	1'036	---
R'3	87'500	1.285	4	10	14	1'039	---
R'4	93'750	1.155	5	7	12	0'836	---
Total	---	6.459	24	34	58	---	---

Resultados de la no disyunción primaria obtenidos en el conjunto de los Retrocruzamientos (BC + CB)

(B'C' + C'B')

R-A (3)

procedencia	% Homocigosis	Nº total de individuos	No disyunción primaria				
			XXY	X	Total	%	% Bridges
R'1	50'000	3.702	14	11	25	0'675	0'0500
R'2	75'000	3.950	17	32	49	1'240	---
R'3	87'500	2.669	15	22	37	1'186	---
R'4	93'750	2.903	11	18	29	0'999	---
R'5	96'875	936	3	10	13	1'309	---
Total	---	14.160	60	93	153	---	---

No disyunción primaria en el retrocruzamiento de citoplasma de línea consanguínea.

tema de trabajo

El cual se desenvuelve así:

P_1 QQ ctv/ctv (Línea C'd - S'55) x $\bar{\bar{O}}$ CtV/Y Silvestres

F_1 QQ ctv/CtV $\bar{\bar{O}}$ ctv/Y

anomalías no disyuntivas ctv/ctv/Y CtV/o Anomalías no disyuntivas

correspondientes a la Línea.

idem.

Los QQ ctv/Y se eliminan, así como los individuos de anomalías no disyuntivas.

Las QQ CtV/ctv de la F_1 , se cruzan con $\bar{\bar{O}}$ ctv/Y de la misma línea C'd-S'56 de consanguinidad prácticamente equivalente al progenitor materno. Coeficiente de homocigosis es de 99'999.127.

F_1 CtV/ctv x ctv/Y C'd-S'56)

P_1 QQ CtV/ctv, CtV/ctv, ctv/ctv, ctv/ctv $\bar{\bar{O}}$ CtV/y, CtV/Y, ctv/Y, ctv/Y,

se sigue el mismo procedimiento utilizando para examinar la Anomalías o disyuntivas primarias en el Retrocruzamiento B'C', de QQ de citoplasmas silvestres x $\bar{\bar{O}}$ muy consanguíneos; concretando los resultados obtenidos en la Tabla C'B' = No disyunción primaria, cuadro C'B' R-A-2.

Calculado el coeficiente de correlación (r), con los datos del cuadro A-4, entre el % de homocigosis (X) y el % de no disyunción primaria correspondiente al Retrocruzamiento CB, encontramos un $r = 0'5635$, para $n = 3$, grados de libertad que es positivo, pero no significativo, puesto que $P > 0'1$.

Hallado el coeficiente de regresión (t) correspondiente, encontramos, $t = 1'18132$, para $n = 3$ grados de libertad, el cual no es significativo, esto que $P > 0'3$.

En ambas series B'C' y C'B' hay una correlación positiva, aunque no significativa entre el % de homocigosis y el % de individuos de no disyunción primaria. Teniendo en cuenta que la generación F_1 de este experimento es heterocigótica para los genes, ct,v; no me fué posible determinar esa generación producía o no: anomalías no disyuntivas primarias. Pasa esta generación los porcentajes de homocigosis en las generaciones de F_2 , aumentan en proporciones pequeñas, lo cual obligaría a un número mayor de individuos para detectar las existencias del fenómeno. Así, cuando agrupamos las Series B'C' y C'B' en una sola (B'C' + C'B') agrupación que es posible realizar, pues dichas series dan un χ^2 de heterogeneidad no significativa - resulta el cuadro R-4 = (3).

Calculado el coeficiente de correlación (r), con los datos del cuadro A-A, entre el % de homocigosis (X) y el % de no disyunción primaria Y correspondiente al conjunto de los Retrocruzamientos (BC + CB), hallamos un $r = 0'8069$, para $n = 4$, grados de libertad, el cual es positivo no significativo, puesto que $P > 0.05$.

Hallado el coeficiente de regresión (t), correspondiente de (B'C' + C'B'), hallamos que $t = 2'7333$, para $n = 4$, grados de libertad, el cual es significativo, ya que $P > 0.05$.

Se observa, por consecuencia, que hay una correlación positiva, aunque

ue no significativa, cuando se estudian en las series B'C' y C'B' aisla
amente, los coeficiente de correlación y de regresión entre el % de hom
igosis y el % de frecuencias de anomalías primarias; sin embargo, dicha
orrelación es débilmente no significativa, cuando consideramos las dos
eries B'C' y C'B' en bloque, cosa permitible, puesto que la heterogenei
ad entre dichas series, no es significativa.

En consecuencia, a medida que se opera con mayor números de individuos
de generaciones consanguíneas se bordea y se podría establecer que las
recuencias de anomalías no disyuntivas primarias son función directa de
u coeficiente de consanguinidad.

Observación: Los correspondientes datos y cálculos siguen a continua
ción expresados en sus respectivos cuadros.

CIB: ANOMALIAS PRIMARIAS EN LOS REPROCRUZAMIENTOS, CB.

Relación numérica de los individuos de cada clase, indicando la procedencia, y agrupándoles en "totales" de igual coeficiente de consanguinidad

Procedencia de las ♀♀	Cultivos	Nº de individuos normales	Nº de individuos ctv/ctv/Y	Nº de individuos CtV/O	Nº de anomalos ♀♀ y ♂♂	% total de anomalias	Reprocruzamiento
HB - R ₁	8 ctv/ctv x 13 CtV-I	293	-	-	-	1	R ₁
"	" 0 x "CtV-II	296	-	-	-	-	"
"	" 0 x "CtV-I	205	-	-	-	1	"
"	" 0 x "CtV-II	222	-	-	-	2	"
"	" 0 x "CtV-I	258	-	-	-	-	"
"	id	203	-	-	-	1	"
"	id	225	-	-	-	3	"
"	id	384	-	-	-	6	"
"	id	455	-	-	-	6	"
Total	2.541	11	9	20	0.780	R ₁
HB - R ₂ ..	8 ctv/ctv x 13 CtV-I	225	-	-	-	3	R ₂
"	id	206	-	-	-	3	"
"	id	323	-	-	-	4	"
"	id	392	-	-	-	2	"
Total	1.146	4	8	12	1.036	R ₂

Procedencia de las qq	Cultivos	Nº de individuos normales	Nº de individuos ctv/ctv/Y	individuos ctv/O	anómalos qq y oo	% total de anomalías	Retrocruzamiento
B - B ₃	8 ctv/ctv x 13 CtV-I	337	-	3	3	-	R ₃
"	id	432	3	4	7	-	"
"	id	330	1	2	3	-	"
"	id	172	-	1	1	-	"
Total	1.271	4	10	14	1.039	"
JB - R ₄	" ctv/ctv x " CtV-I	300	1	1	2	-	R ₄
"	id	308	2	1	3	-	"
"	id	350	1	3	4	-	"
"	id	303	1	-	1	-	"
"	id	182	-	2	2	-	"
Total	1.443	5	7	12	0.836	R ₄

Datos para calcular los coeficientes de correlación y de regresión, entre el % de homocigosis (X) y el % de Anomalías de no disyunción primaria, ob tenidas en los Retrocruzamientos - NC - CB - (BC + CB).

$$\frac{B'C' - C'B'}{(B'C' + C'B')}$$

R.H. (4)

Procedencia	% de Homocigosis (X)	% de no disyunción 1ª (Y) - B'C'	% de no disyunción 1ª (Y') C'B'	% de no disyunción 1ª (Y'') (B'C' + C'B')
R ₁ ¹	50'000	0'438	0'780	0'675
R ₂ ¹	75'000	1'325	1'036	1'240
R ₃ ¹	87'500	1'254	1'009	1'180
R ₄ ¹	93'750	1'174	0'836	0'995
R ₅ ¹	96'875	1'308	---	1'389
P ₂	100'000	1'624	1'624	1'624

ANOMALIAS (B'C')
Retrocruzamiento (Silv. X L) X línea

Procrizamientos	% X Homocigosis	Y Anomalias	X ²	Y ²	XY
R ¹ 1.....	50'	0'438	2.500'0000	0'11918	21'1906
R ¹ 2.....	75'	1'1325	5.625'0000	1'17556	99'1375
R ¹ 3.....	87'15	1'1254	7.656'0000	1'15725	109'1725
R ¹ 4.....	93'175	1'1174	8.789'0625	1'13782	110'062
R ¹ 5.....	96'875	1'1388	9.384'17650	1'19265	134'625
Sea C ¹ d-S ¹ 54	100'000	1'1624	10.000'0000	2'16373	162'400
	ΣX = 503'125	ΣY = 7'203	ΣX ² = 43.954'8275	ΣY ² = 9'14619	ΣXY = 638'093

$(\Sigma X)^2 = 253.134'1765$ // $(\Sigma Y)^2 = 51'883$ // $\Sigma X \cdot \Sigma Y = 3.624'0093$

$\frac{(\Sigma X)^2}{6} = 42.189'1127$ $\frac{(\Sigma Y)^2}{6} = 8'647$ $\frac{\Sigma X \cdot \Sigma Y}{6} = 604'601$

$\frac{\Sigma X^2}{6} = 43.954'827$ $\frac{\Sigma Y^2}{6} = 9'1462$ $\frac{\Sigma XY}{6} = 638'093$
 $\frac{(\Sigma X)^2}{6} = 42.189'1127$ $\frac{(\Sigma Y)^2}{6} = 8'647$ $\frac{\Sigma X \cdot \Sigma Y}{6} = 604'601$

$\Sigma X^2 = 1.765'1700$ $\Sigma Y^2 = 1'815$ $\Sigma X \cdot Y = 34'092$

$$r = \frac{\frac{\Sigma X \cdot Y}{6}}{\sqrt{\frac{\Sigma X^2}{6} \cdot \frac{\Sigma Y^2}{6}}} = \frac{\frac{34'092}{6}}{\sqrt{\frac{34'092}{6} \cdot \frac{56'161}{6}}} = 0'6022$$

$r = 0'6022$ $n = 4$, No significativo

P

n	.05	.01	0.001
5	.7545	.8745	.95074
4	.8114	.9142	

Anomalías (B'0')
 Retrocruzamiento (Silv x L) x Línea
 "Coeficiente de regresión"

$$S.S.x = \sum X^2 - \frac{(\sum x)^2}{N} = 1.765'7$$

$$S.S.y = \sum y^2 - \frac{(\sum y)^2}{N} = 1'815$$

$$S.P.xy = \sum xy - \frac{\sum x \sum y}{N} = 34'092$$

$$b_{xy} = \frac{S.P.xy}{S.S.y} = \frac{34'092}{1'815} = 18'783$$

$$\sum (x-X)^2 = S.S.x - b^2_{xy} \times S.S.y = 1765'7 - 640'333 = 1125'367 = 1125'367$$

$$\text{Stand error de } b_{xy} = \sqrt{\frac{\sum (x-X)^2}{(n-2) \cdot S.S.y}} = \sqrt{\frac{1125'367}{7'260}} = \sqrt{155'009} = 12'42$$

$$t = \frac{b_{xy}}{\text{Stand error } b_{xy}} = \frac{18'783}{12'42} = 1'5123 \text{ para 4 grados de libertad}$$

n	0.2	0.1	0.05
4	1,533	2.132	2.776

No significativo

(C'B')

$$S.S.x = 1562'250$$

$$S.S.y = 0'445$$

$$S.P.xy = 14'856$$

$$b_{xy} = \frac{S.P.xy}{S.S.y} = \frac{14'856}{0'445} = 33'3842$$

$$\sum (x - X)^2 = 1562'250 - (33'3842)^2 \times 0'445 = 1066'302$$

$$\sqrt{\frac{1066'302}{3 \times 0'445}} = \frac{1066'302}{1'335} = 798'72$$

$$= 28'26 \text{ para 3 grados de libertad.}$$

$$t = \frac{33'3842}{28'26} = 1'18132$$

n	0.3	0.2	0.1	.05
3	1.250			3.182

No significativo

ANOMALIAS (CIBI)
Introcruzamiento (Línea X Silv.) X Línea

(1) = P₂ = Línea C₁d - S₁5₄

Introcruzamientos	% X Homocigosis	% Y Anomalías	X ²	Y ²	XY
R ₁ 1	50:1000	0:1780	2500:10000	0:608	39:1000
R ₁ 2	75:1000	1:1036	5625:10000	1:1073	77:700
R ₁ 3	87:1500	1:1069	7656:10000	1:1185	95:1287
R ₁ 4	93:1750	0:836	8789:10625	0:698	78:1375
(P) (P ₂)	100:1000	1:1624	10000:10000	2:1637	162:1400
Línea C ₁ d - S ₁ 5 ₄					
ΣX = 406:25		ΣY = 5:365	ΣX ² = 34570:0635	ΣY ² = 6:201	ΣXY = 452:1762

(ΣX)² = 165039:062 (ΣY)² = 28:783 ΣX · ΣY = 2179:531

ΣX² = 34570:062 ΣY² = 6:201 ΣXY = 452:1762

(ΣX)² = $\frac{33007:012}{5}$ (ΣY)² = $\frac{5:1756}{5}$ $\frac{X \cdot Y}{5} = \frac{439:1906}{5}$

ΣX² = 1562:250 ΣY² = 0:445 ΣXY = 14:056

Gdos. n - 2 = 3 grados de libertad,

$$r = \frac{\Sigma XY}{\sqrt{\Sigma X^2 \cdot \Sigma Y^2}} = \frac{14:054}{\sqrt{595:2012}} = \frac{14:054}{26:136} = 0:5635$$

n	.1	.05	.02
3	.8054	.8783	.9343

r = 0:5635

P 0.1

No significativo

ANOMALIAS B'0' + 0'D'

recruzamientos	% X Homocigosis	% Y Anomalias	X ²	Y ²	XY
R ¹ 1.....	50'	0'675	2.500'000	0'455	331'750
R ¹ 2.....	75'	1'240	5.625'000	1'537	931'000
R ¹ 3.....	87'500	1'186	7.656'000	1'406	103'775
R ¹ 4.....	93'750	0'999	8.789'062	0'998	93'656
R ¹ 5.....	96'875	1'389	9.384'765	1'929	134'559
R ¹ 54(P ²)	100'000	1'624	10.000'000	2'637	162'400
	ΣX = 503'125	ΣY = 7'113	ΣX ² = 43.954'827	ΣY ² = 8'962	ΣXY = 621'140

$$(\Sigma X)^2 = 253.134'765 // (\Sigma Y)^2 = 50'594 \quad \Sigma X \cdot \Sigma Y = 3.578'728$$

$$\frac{(\Sigma X)^2}{6} = 42.189'127 // \frac{(\Sigma Y)^2}{6} = 8'432 \quad \Sigma X \cdot \Sigma Y = 596'454$$

$$\Sigma X^2 = 43.954'827 \quad \Sigma Y^2 = 8'962 \quad \Sigma XY = 621'140$$

$$\frac{(\Sigma X)^2}{6} = 42.189'127 \quad \frac{(\Sigma Y)^2}{6} = 8'432 \quad \frac{\Sigma X \cdot \Sigma Y}{6} = 596'454$$

$$\Sigma X^2 = 1.765'700 \quad \Sigma Y^2 = 0'530 \quad \Sigma XY = 24'686$$

$$r = \frac{\Sigma XY}{\sqrt{\Sigma X^2 \cdot \Sigma Y^2}} = \frac{24'686}{\sqrt{935'8210}} = \frac{24'686}{30'59} = 0'8069$$

$$t_r = r \sqrt{\frac{n-2}{1-r^2}} = \frac{1'6138}{0'59} = 2'7352$$

$$(n-2)$$

n	605	.01
4	.0114	.9172

t	n	P
4	0'10	0'05
	2'132	2'776

Anomalías B' C' + C' B'
Retrocruzamientos
"Coeficiente de regresión"

S.S.x = 1.765'700
S.S.y = 0'530
S.P.xy = 24'686

$b_{xy} = \frac{24'686}{0'530} = 46'577$

$\sum (x - \bar{X})^2 = 1765'700 - (46'577)^2 \times 0'530 = 615'870$

Standard error $b_{xy} = \sqrt{\frac{615'87}{4 \times 0'530}} = \frac{615'87}{2'120} = 290'504 = 17'04$

$t = \frac{46'577}{17'04} = 2'7333$

n	0.1	0.05
4	2.132	2.776

No Significativo

Anomalías B' C' + C' B'

$C'B' + B'C'$; $r = 0'8069$
 $N = 6$; $n = N-2 = 4$

$tr = r \sqrt{N-2}$, $n = N - 2$ grados de libertad

$\sqrt{1-r^2}$

$tr = \frac{0'8069 \sqrt{4}}{\sqrt{1-0'6511}} = \frac{0'8069 \times 2}{\sqrt{0'3489}} = \frac{1'6138}{0'59} =$

$= 2'7352$ para $n = N - 2 = 4$ grados de libertad.

	P	
n	0'10	0'05
4	2'132	2'776

No Significativo

Acción del citoplasma sobre el Intercambio factorial y sobre las anomalías no disyuntivas primarias.

Las series de Retrocruzamientos BC y CB se diferencian únicamente en el citoplasma. Esta diferencia tuvo por objeto comprobar si el citoplasma influía o no en el Intercambio factorial y en la frecuencia de las anomalías.

Con tal objeto se hicieron varias pruebas de heterogeneidad: A), sobre los valores de Intercambio en ambas series, y B), sobre frecuencias de anomalías, en las mismas.

A) Heterogeneidad de los valores de Intercambio factorial en los Retrocruzamientos BC y CB.

1º Calculada la significación de la diferencia entre los coeficientes de Regresión de BC y CB, se halla:

$$t = 1.2429 \text{ para } 11 \text{ grados de libertad que no es significativa.}$$

2º Calculada la significación de la diferencia entre los coeficientes de correlación rBC y rCB, se halla:

$$d/S_d = 0.21976 = \text{No es significativa.}$$

3º Comparados dos a dos, los % de los valores de Intercambio correspondientes a la misma generación o idéntica homocigosis de las series BC y CB, en esta forma, F₁ (BC) y F₁ (CB); R₁ (BC) y R₁ (CB) y así sucesivamente, con una hipótesis distinta para cada par de valores considerados, dichas hipótesis son el promedio correspondiente al Intercambio factorial de las dos generaciones de igual coeficiente de consanguinidad convenientemente transformadas en un grupo, es decir, F₁ (BC) + F₁ (CB).

Resultaron los siguientes (Ji)² de heterogeneidad para valores de truco de factores:

X² Heterogeneidad de Intercambio

BC - CB - F ₁ - - -	0.7147
" " - R ₁ - - -	1.0024
" " - R ₂ - - -	0.1321 (-)
" " - R ₃ - - -	2.1981
" " - R ₄ - - -	0.0143

Σ X ² =	4.0616

h - Intercambio

para n = 5, grados de libertad, con P entre 0.70 y 0.50, por consiguiente, dicho X² no es significativo.

La prueba de heterogeneidad de las Series BC y CB, dentro de cada serie de retrocruzamientos, realizada con la hipótesis total, P_T = 0.054, que representa el % de Intercambio de las series BC y CB, en conjunto, como a continuación se expresa, da un X² de heterogeneidad para el Intercambio factorial altamente significativo:

	<u>X²h</u>		<u>X²h</u>	
	F ₁	14.6485		
	R ₁	0.5903		
serie CB	R ₂	1.5801	Serie CB	2.585
	R ₃	0.2758	Total	
	R ₄	0.7964		Hipótesis Total
	F ₁	3.3365		P _T = 10.054
	R ₁	6.7126		de
				(CB + BC)

R ₃	4'11'56	Total	
R ₄	0'7217		
<hr/>			$\sum'' X^2 = 4'735$
$\sum' X^2 =$	27'7418		

$\sum' X^2 = 27'7418$

$\sum'' X^2 = -4'735$

$\sum X^2 = 23'0068$ para 8 grados de libertad.

Este X_h^2 para valores de Intercambio = 23'0068, para 8 Grados de Libertad, dá un nivel de significación superior a .001 de Probabilidad. Con ello queda demostrado que dentro de cada Serie de Retrocruzamientos, sus grupos son heterogéneos.

5º Hallada la heterogeneidad entre los grupos de la serie BC, con hipótesis total $P_{BC} = 9'4295$, cuyo valor es el % global del Intercambio factorial de la serie, resultaron los siguientes X^2 de heterogeneidad de valores de Intercambio:

	<u>$X^2_{h.I.}$</u>
BC - F ₁	6'8711
" - R ₁	0'0013
" - R ₂	0'0393
" - R ₃	1'2496
" - R ₄	0'0091
" - R ₅	0'7157
$\sum X^2_{h-I}$	<hr/> 6'8861

cuyo $X^2_{h-I} = 6'8861$ para $n = 5$, grados de libertad, no es significativo.

6º, Calculada la heterogeneidad entre los grupos de la Serie CB, con hipótesis total $P_{CB} = 10'658$ cuyo valor corresponde al % global del valor del Intercambio factorial de dicha serie, resultaron los siguientes de heterogeneidad, de valores de Intercambio:

CB - F ₁	8'4468
" - R ₁	0'0037
" - R ₂	3'7143
" - R ₃	0'0029
" - R ₄	2'5238
$\sum X^2 =$	<hr/> 14'6915

cuyo $X^2 = 14'6915$ para $n = 4$, grados de libertad y, por tanto es significativo.

De cuyas pruebas se deduce, la heterogeneidad más o menos acusada entre los grupos de las dos series de Retrocruzamientos, en función de la discontinuidad acusada de los valores de sus coeficientes de consistencia.

Por otra parte, dada la no significación de las diversas pruebas de heterogeneidad expuestas, no se puede afirmar que la procedencia del citoplasma influya en la reducción del trueque de factores.

B) Heterogeneidad de las frecuencias de anomalías no disyuntivas binarias en las series B'C' . C'B'.

Como los coeficientes de correlación de las series B'C' y C'B', no son significativas, no hemos efectuado, la significación de su diferencia.

Heterogeneidad entre las Series B'C' y C'B'

En cambio hicimos la prueba de Heterogeneidad de los valores, expresados en %, de las anomalías no disyuntivas primarias, procedentes de las series B'C' y C'B', tomando dos a dos, R'1 y R'1, de la series B'C' y C'B' respectivamente; a continuación R'2 y R'2 de ambas series y así sucesivamente; tomando como hipótesis para cada par de generaciones - R'1 y R'1 - de igual consanguinidad, el % de frecuencias de anomalías correspondientes al grupo conjunto de R'1 + R'1 de las B'C' y C'B', respectivamente.

Con dichas hipótesis, distintas para cada par de valores considerados que dieron un % para anomalías y otro % para individuos normales se compararon los cuatro pares de valores - R'1 - R'2 - R'3 - R'4 - obtenidos en las series B'C' y C'B':

Sus resultados se expresan a continuación:

		<u>X² de heterogeneidad - de anomalías</u>
R'1	- B'C' - C'B' 1'382
R'2	- " - " 0'558
R'3	- " - " 2'860
R'4	- " - " 0'896
ΣX^2		----- 5'696

Dicho X² de heterogeneidad para anomalías = 5'694, para n = 4, grados de libertad, el cual no es significativo; su P está entre 0'30 y 0'20.

Heterogeneidad de cada serie, B'C' y C'B'

Como el número de individuos comprendidos en las dos series en conjunto, es de 15.644 y el anomalías es igual a 172; el cálculo nos da 1'0995 % de individuos anómalos y un 98'9005 de individuos normales: con esta hipótesis total averiguamos la heterogeneidad dentro de cada serie.

Se ha incluido, la línea C'd - S'54, por lo que respecta a sus anomalías considerandola ya, como totalmente homocigótica, como lo expresa su elevado coeficiente de consanguinidad, y como el número de individuos normales de esta línea es de 969 y el número de anomalías es de 16, siendo en total 985 individuos, da un % de anomalías igual a 1'624.

Los resultados se expresan en el siguiente esquema

		<u>X²</u>		
R'1	2'3897		
R'2	0'0425		
R'3	0'0011	Serie C'B' 0'7604
R'4	1'0095		
Línea C'd-S'54	2'4954		
				Hipótesis To. C'B' + B'C' = A = 1'0995% N = 98'9005%
R'1	4'5874		
R'2	1'7553		
R'3	0'4029	Serie B'C' 0'6894
R'4	0'0739		
Línea C'd-S'54	2'4954		
$\Sigma' X^2 =$		----- 15'2531	$\Sigma'' X^2 =$ 1'4498	

$$\Sigma' X^2 = 15'2531$$

$$\Sigma'' X^2 = 1'4498$$

$$\Sigma X^2 = 13'8033$$

Dicho χ^2 de heterogeneidad para anomalías no disyuntivas es de 13.033, que no es significativo, puesto que su Probabilidad, P, para 3 grados de libertad es ligeramente superior 0.10.

Recordaremos, que la generación F_1 de estos Retrocruzamientos es heterocigótica para los genes ct y v y no nos permitió averiguar si esa generación clave producía o no, anomalías y sabor, caso afirmativo la cual sería correspondiente. Pasada esta generación los porcentajes de homocigosis en las generaciones de R, aumentan en proporciones pequeñas, lo cual obligaría a un número mayor de individuos para detectar la existencia del fenómeno.

Con los resultados precedentes, no se puede deducir que el citoplasma influya en la frecuencia de las anomalías no disyuntivas primarias.

Significación de la diferencia (D) entre los coeficientes de Regresión de CB y BC.

Coefic. bxy para CB = - 22,860
 " bxy " BC = - 35,799

D = Diferencia = 12,939

$\sum (n-X)^2 = 1989'55 + 1600'182$, con 5 Grados + 6 Grados =
 = 3589'732 con 11 grados de libertad

(CB) - Standard error de bxy = $\sqrt{\frac{3.589'732}{11 \times 9'71}} = \sqrt{\frac{326'339}{9'71}}$

(BC) - " bxy = $\sqrt{\frac{3.589'732}{11 \times 4'832}} = \sqrt{\frac{326'339}{4'832}}$

Stand error de D = $\sqrt{\frac{326'339}{9'71} + \frac{326'339}{4'832}} =$

= $\sqrt{\frac{326'339 \times 4'832 + 326'339 \times 9'71}{9'71 \times 4'832}}$

$\sqrt{\frac{1.577'196 + 3168'75}{46'918}} = \frac{4.745'946}{46'918} = 101'154 = 10'41$

t = $\frac{12'939}{10'41} = 1'2429$ para 11 grados de libertad

n	0.2	0.1	0.05
11	1'363	1.796	2.201

No significativo

CB - BC - F₁

CB - F₁ 805 - 132 - ²³¹99 - 773 = $\frac{\text{Total}}{1.809} \neq P_{CB} = 12'769$

BC - F₁ 671 - 90 - ¹⁶⁶76 - 613 = 1.450 $\neq P_{BC} = 11'448$

1.476 - 222 - ³⁸⁷175 - 1386 = 3.259 $\neq P_T = 12'182$

$P_{CB} = 12'769$	d^2	d	Esperado	CB --- - F ₁	Esperado	d	d^2	$P_T = 12'182$ X^2
0'3245	256	16	789	$a_1 = 805$	794'5	10'5	110'25	0'1307
o	o	o	231	$a_2 = 132$	220	11	121	0'5500
0'3245	256	16	789	$a_3 = 99$	794'5	21'5	462'25	0'5010
0'6490				$a_4 = 773$				1'2705
				Tot = 1809				
					1'2705			
					- 0'6490			
				$X^2 \cdot h.I \text{ CB} - F_1$	0'6315			
$P_{BC} = 11'448$	d^2	d	Esperado	BC --- - F ₁	Esperado	d	d^2	$P_T = 12'182$ X^2
0'3099	841	29	642	$a_1 = 671$	636'70	34'30	1176'4	1'1847
o	o	o	166	$a_2 = 90$	176'60	10'60	112'36	0'6362
0'3099	841	29	642	$a_3 = 76$	636'70	23'70	561'69	0'8821
0'6198				$a_4 = 613$				2'7030
				Tot = 1450				
					2'7030			
					- 2'6198			
				$X^2 \cdot h.I \text{ BC} - F_1$	0'0832			
					0'6315			
					+ 0'0832			
				$X^2 \cdot h.I \text{ CB} - BC - F_1$	0'7147			

$$CB - R_2 \dots\dots 504 - \overset{107}{59-48} - 526 = 1.197 \neq P_{CB} = 8'939$$

$$BC - R_2 \dots\dots \frac{925 - 114 - 78 - 947}{1489 - 173 - 196 - 1473} = \frac{2.064}{299} \neq P_{BC} = 9'302$$

$$P_T = 9'169$$

$P_{CB} = 8'939$ χ^2	d^2	d	Esperado	CB-R ₂	Esperado	d	d^2	$P_T = 9'169$ χ^2
0'6624	361	19	545	$a_1 = 564$	543'62	20'38	415'34	0'7645
o	o	o	107	$a_2 = 59$	107	2'75	7'56	0'0688
0'6624	361	19	545	$a_3 = 48$	543'62	17'62	310'46	0'5715
<u>1'3248</u>				$a_4 = 526$				<u>1'4048</u>
				Tot= 1197				
				1'4048				
				-1'3248				
				<u>0'0800</u>				
				$\chi^2 \cdot h. I. CB-R_2 \dots\dots$				
$P_{BC} = 9'302$ χ^2	d^2	d	Esperado	BC-R ₂	Esperado	d	d^2	$P_T = 9'169$ χ^2
1'292	121	11	936	$a_1 = 925$	937'5	12'5	156'25	0'1666
o	o	o	192	$a_2 = 114$	189	3	9	0'0475
1'292	121	11	936	$a_3 = 78$	937'5	9'5	90'25	0'0956
<u>1'2584</u>				$a_4 = 947$				<u>0'3105</u>
				Tot=2064				
				0'3105				
				-0'2584				
				<u>0'0521</u>				
				$\chi^2 \cdot h. I. BC-R_2 \dots\dots$				
				0'0800				
				+ 0'0521				
				<u>0'1321</u>				
				$\chi^2 \cdot h. I. CB-BC-R_2$				

CB - DC - R₃

Total

CB - R₃ 264 - 28 ⁵⁹ - 31 - 225 = 540 ≠ P_{CB} = 10'766

DC - R₃ 975 - 97 ¹⁸² - 85 - 931 = 2.088 ≠ P_{DC} = 8'716

1.239 - 125 - 116 - 1156 = 2.636 ≠ P_T = 9'143
241

P _{CB} = 10'766 x ²	d ²	d	Esperado	CB-R ₃	Esperado	d	d ²	P _T = 9'143 x ²
1'5552	380'25	19'5	244'5	a ₁ = 264	249	15	225	0'9036
0	0	0	59	a ₂ = 28		9	81	1'6200
1'5552	380'25	19'5	244'5	a ₃ = 31 59	50	24	576	2'3132
				a ₄ = 225	249			
				Tot = 540				
					4'8368			
					-3'1104			
					<u>1'7264</u>			
					x ² .CB - R ₃ =			
P = 8'716	d ²	d	Esperado	DC-R ₃	Esperado	d	d ²	P _T = 9'143 x ²
1'5078	484	22	953	a ₁ = 975	948'5	26'5	702'25	0'7404
0	0	0	182	a ₂ = 97	182 191	9	81	0'4241
5078	484	22	953	a ₃ = 85	948'5	17'5	306'5	0'3228
				a ₄ = 931				
				Tot = 2088				
					1'4873			
					1'0156			
					<u>0'4717</u>			
					x ² , h.I.-DC-R ₃ =			
					1'7264			
					0'4717			
					<u>2'1981</u>			
					x ² , h.I.-CB-DC-R ₃ =			

$R_3 \dots = 0.239$
 $\dots = 2.57$
 $P_2 = 0.716$
 $P_2 = 0.3$

CB ----- DC

X² h. I. factorial

CB	-	DC	-	F ₁	=	0'7147	
"	-	"	-	R ₁	=	1'0024	
"	-	"	-	R ₂	=	0'1321	(-)
"	-	"	-	R ₃	=	2'1981	
"	-	"	-	R ₄	=	0'0143	

X²h, I. f. - CB-DC = 4'0616

$$CD-F_1 \dots 805 - 132 - 99 - 773 = 1.809 = P_{CD} = 12'769$$

$$DC-F_1 \dots 671 - 90 - 76 - 613 = 1.450 = P_{DC-F_1} = 11'448$$

$$\text{Hipótesis} - (CB + DC) = P_{TT} = 10'054$$

$CD = \frac{2'769}{2}$	d^2	d	Esperado	$CD-F_1$	Esperado	d	d^2	$P_{TT} = \frac{10'054}{X^2}$
13245	256	16	769	$a_1 = 805$	813'5	8'5	72'25	0'0888
o	o	o	231	$a_2 = 132$	231 182	49	2401	13'1925
16490				$a_3 = 99$	813'5	40'5	1640'25	2'0162
16490				$a_4 = 773$				
				Tot= 1809				15'2975
					15'2975			
					- 0'6490			
					$X^2 \cdot h.I. \dots CD - F_1 \dots 14'6485$			
$DC = \frac{1'448}{2}$	d^2	d	Esperado	$DC-F_1$	Esperado	d	d^2	$P_{TT} = \frac{10'054}{X^2}$
13099	841	29	642	$a_1 = 671$	652'5	18'5	342	0'5241
o	o	o	166	$a_2 = 90$	166 145	21	441	3'0414
13099	841	29	642	$a_3 = 76$	652'5	39'5	1560	2'3908
16198				$a_4 = 613$				
				Tot= 1450				5'9563
					5'9563			
					- 2'6198			
					$X^2 \cdot h.I. \dots DC - F_1 \dots 3'3365$			

$$CB-R_1 \dots 664 - 85 \frac{161}{76} - 670 = 1.515 \neq P_{CB} = 10'627$$

$$BC-R_1 \dots 643 - 65 \frac{129}{64} - 584 = 1.356 \neq P_{BC} = 9'513$$

$$\text{Hipótesis} - (CB + BC) = P_{TT} = 10'054$$

$P_{CB} = 10'627$ $\frac{2}{2}$	d^2	d	Esperado	$BC-R_1$	Esperado	d	d^2	$P_{TT} = 10'054$ $\frac{X^2}{2}$
o	o	o	161	$a_1 = 664$ $a_2 = 85$ $a_3 = 670$ $a_4 = 670$ Tot = 1515	661'5 161 152 661'5	2'5 9 11'5	6'25 81 132'25	0'0092 0'5392 0'1940 ----- 0'7351
1'1448				$0'7351$ $- 0'1448$ ----- $X^2 \cdot h.I. CB-R_1 \dots 0'5903$				
$P_{BC} = 9'513$ $\frac{2}{2}$	d^2	d	Esperado	$BC-R_1$	Esperado	d	d^2	$P_{TT} = 10'054$ $\frac{X^2}{2}$
o	o	o	129	$a_1 = 643$ $a_2 = 65$ $a_3 = 64$ $a_4 = 584$ Tot = 1356	610 129 136 610	33 7 26	1089 49 676	1'7852 0'3603 1'10'1 ----- 3'2536
1'8370				$3'2536$ $- 2'0370$ ----- $X^2 \cdot h.I. BC-R_1 \dots 0'4166$				

CB-R₃ 264 - 28 ⁵⁹ - 31 - 225 = $\frac{\text{Total}}{548} \neq P_{CB} = 10'766$

DC-R₃ 975 - 97 ¹⁸² - 85 - 931 = 2.088 $\neq P_{DC} = 8'716$

Hipótesis - (CB!DC) = P_{TT} = 10'054

$P_{CB} = 10'766$ 2	d ²	d	Esperado	CD-R ₃	Esperado	d	d ²	$P_{TT} = 10'054$ X ²
0	0	0	59	a ₁ = 264	246'5	17'5	301	1'2211
				a ₂ = 28	55	4	16	0'2909
				a ₃ = 31	246'5	21'5	462	1'0742
				a ₄ = 225				
			Tot= 548					3'3062
1'1104								
				3'3062				
				- 3'1104				
			X ² -h.I.CB-R ₃	0'2758				
$P_{DC} = 8'716$ 2	d ²	d	Esperado	DC-R ₃	Esperado	d	d ²	$P_T = 10'054$ X ²
0	0	0	182	a ₁ = 975	939	36	1296	1'3801
				a ₂ = 97	210	28	784	3'7333
				a ₃ = 85	939		64	0'0681
				a ₄ = 931				
			Tot= 2088					5'1812
1'0156								
				5'1812				
				- 1'0156				
			X ² .h.I.DC-R ₃	=4'1656				



$$CB-R_4 \dots\dots 638 - 60 \frac{125}{65} - 576 = \frac{\text{Total}}{1.339} - P_{CB} = 9'335$$

$$BC-R_4 \dots\dots 645 - 54 \frac{35}{89} - 432 = 966 - P_{BC} = 9'213$$

$$\text{Hipótesis} - (CB + BC) = P_{TT} = 10'054$$

$P_{CB} =$ $9'335$ χ^2	d^2	d	Esperado	$CB-R_4$	Esperado	d	d^2	$P_{TT} =$ $10'054$ -2
o	o	o	125	$a_1 = 638$ $a_2 = 60$ $a_3 = 65$ $a_4 = 576$ $Tot = 1339$	602 134'62 602	36 9'62 26	1296 92'5 676	2'1528 0'6871 1'1229 <hr/> 3'9628
3'1664								
					3'9628 - 3'1664 <hr/> $\chi^2 \text{ h. I. } CB-R_4 \dots = 0'7964$			
$P_{BC} =$ $9'213$ χ^2	d^2	d	Esperado	$BC-R_4$	Esperado	d	d^2	$P_{TT} =$ $10'054$ χ^2
o	o	o	69	$a_1 = 445$ $a_2 = 54$ $a_3 = 35$ $a_4 = 432$ $Tot = 966$	434'5 97 434'5	10'5 8 2'5	110 64 6'25	0'2531 0'6598 0'0014 <hr/> 0'9143
1'926								
					0'9143 - 0'1926 <hr/> $\chi^2 \text{ h. I. } BC - R_4 \dots = 0'7217$			

Serie-CD

R1	14'6485
R2	0'5843
R3	1'5801
R4	0'2758
		0'7964

Serie CD 2'985
Total

Hipótesis Total
 $P_{\alpha} = 10'054$
 (CD + DC)

Serie-DC

F1	3'3365
R1	0'4166
R2	1'2103
R3	4'1656
R4	0'7217

Serie DC 2'158
Total

$\chi^2 = 27'7418$

$\chi^2 = 4'735$

$\chi^2 = 27'7418$
 $\chi^2 = 4'735$

$\chi^2 = 23'0068$

$\chi^2_{.h.I} - (CD + DC) = 23'0068$ --- $n = 8$ grados de libertad

- Significativo -

n	0.05
8	15'507
9	16'919
10	18'307

BC

χ^2 , de heterogeneidad, para valores de Intercambio factorial, dentro de la serie de Retrocruzamientos, BC, F₁, R₁, R₂, R₃, R₄, R₅ con hipótesis total, P_{BC} = 9'4295.

S₂ - S₇ BC - 4.519 - 509 - 420 - 4.404 = $\frac{\text{Total}}{9.852}$ - P_{BC} = 9'4295

BC-F₁ 671 - 90 - 76 - b13 = 1.450 - P_{BC-F₁} = 11'448

BC-R₁ 643 - 65 - 64 - 584 = 1.356 - P_{BC-R₁} = 9'513

P_{BC-F₁} ... = 11'448 P_{BC} = 9'4295

P_{BC} = F₁ = 11'448 P_{BC} = 9'4295

			Esperados	BC-F ₁	Esperado			
'3099	841	29		a ₁ = 671	656'64	14'36	206'21	0'3140
o	o	o	166	a ₂ = 90	136'72	29'28	858'19	6'2769
'3099	841	29		a ₃ = 76	656'64	43'64	1904'45	2'9000
				a ₄ = 613				
				Tot = 1450				
'6198				9'4909				9'4909
				2'6198				
				$\chi^2_{h-I, BC-F_1}$ 6'8711				

P_{BC-F₁} = 9'513

P_{BC} = 9'4295

	d ²	d	Esperado	BC - R ₁	Esperado	d	d ²	X ²
'4185	870'25	29'5	613'5	a ₁ = 643	614	29	841	1'3697
o	o	o	129	a ₂ = 65	129	1'14	1'2996	0'0010
'4185	870'25	29'5	613'5	a ₃ = 64	614	30	900	1'4657
				a ₄ = 584				
				Tot = 1356				
'8370				2'8357				2'8357
				- 2'8370				
				$\chi^2_{h-I, BC - R_1}$.. -0'0013				

BC

$$BC - R_2 \dots 925 - 114 - \frac{192}{78} - 947 = 2.064 - P_{BC-R_2} = 9.302$$

$$BC - R_3 \dots 975 - 97 - \frac{182}{85} - 931 = 2.088 - P_{BC-R_3} = 8.716$$

$$P_{BC-R_2} = 9.302$$

$$P_{BC} = 9.4295$$

	d^2	d	Esperados	BC - R ²	Esperados	d	d^2	X ²
1292	121	11	936	$a_1 = 925$	934.69	9.69	93.9861	0.1004
o	o	o	192	$a_2 = 114$	194.62	2.62	6.8644	0.0352
1292	121	11	936	$a_3 = 78$	934.69	12.31	151.54	0.1621
2584				$a_4 = 947$				0.2977
				Tot.=2064				
				0.2977				
				0.2584				
				$X^2_{h,I,BC - R_2} \dots 0.0393$				
	d^2	d	Esperados	BC - R ₃	Esperados	d	d^2	X ²
078	484	22	953	$a_1 = 975$	945.56	29.44	866.71	0.9166
o	o	o	182	$a_2 = 97$	196.88	14.88	221.41	1.1245
078				$a_3 = 85$	945.56	14.56	211.99	0.2241
				$a_4 = 931$				
				Tot.= 2088				
				2.2652				
				1.0156				
				$X^2_{h,I,BC - R_3} \dots 1.2496$				

$$BC - R_4 \dots 445 - 54 - \frac{89}{35} - 432 = 966 - P_{BC-R_4} = 9'213$$

$$BC - R_5 \dots 860 - 89 - \frac{171}{82} - 897 = 1928 - P_{BC-R_5} = 8'869$$

$$P_{BC=R_4} = 9'213$$

$$P_{BC} = 9'4295$$

	d^2	d	Esperado	$BC - R_4$	Esperados	d	d^2	χ^2
963	42'25	6'5	438'5	$a_1 = 445$	437	8	64	0'146
o	o	o	89	$a_2 = 54$	91	2	4	0'0439
963				$a_3 = 35$	437	5	25	0'0114
				$a_4 = 432$				-----
926				Tot = 966				0'2017
				0'2017				
				-0'1926				
				$\chi^2, h, I \dots BC-R_4 \dots$				0'0091

$$P_{BC-R_5} = 8'869$$

$$P_{BC} = 9'4295$$

	d^2	d	Esperado	$BC - R_5$	Esperado	d	d^2	χ^2
895	342'25	18'5	878'5	$a_1 = 860$	873	13	169	0'1935
o	o	o	171	$a_2 = 89$	181'80	10'80	116'64	0'6415
895	342'25	18'5	878'5	$a_3 = 82$	873	24	576	0'6597
				$a_4 = 897$				-----
790				Tot.=1928				1'4947
				1'4947				
				-0'7790				
				$\chi^2, h, I, BC = R_5 \dots$				0'7157

BC

$\chi^2_{h, I}$, con Hipótesis total P_{BC}

BC	-	F_1	6'8711
"	-	R_1	0'0013
"	-	R_2	0'0393
"	-	R_3	1'2496
"	-	R_4	0'0091
"	-	R_5	0'7157
		χ^2, BC	8'8858

$\chi^2 = 8'8858, n 5; no\ significantivo$

n	P	
	.10	.05
6	10'645	12'592
5		11'070

χ^2 de heterogeneidad, para valores de Intercambio factorial, dentro la serie de Retrocruzamientos, CB. ($R_1 - R_2 - R_3 - R_4$), con Hipótesis total, $P_{CB} = 10'658$

$S_2 - S_6 - CB \dots 2.955 - 364 - 319 - 2.770 = 6.408 - P_{CB} = 10'658$

$CB - F_1 \dots 805 - 132 \overset{231}{-} 99 - 773 = 1.809 = P_{CB-F_1} = 12'769$

$CB - R_1 \dots 684 - 85 - 76 \overset{161}{-} 670 = 1.515 = P_{CB-F_1} = 10'627$
 $P_{CB-F_1} = 12'769$ $P_{CB} = 10'658$

	d^2	d	Esperado	CB - F ₁	Esperado	d	d^2	χ^2
245	256	16	789	$a_1 = 805$	808	3	9	0'0111
o	o	o	231	$a_2 = 132$	192'8	38'2	1459'24	7'5668
245	256	16	789	$a_3 = 99$	808'	35	1225	1'5161
<u>90</u>				$a_4 = 773$				<u>9'0958</u>
				Tot=1.809				
				9'0958				
				- 0'6490				
				<u>8'4468</u>				
				$\chi^2, h. I.. CB - F_1 \dots$				
	d^2	d	Esperado	CB - R ₁	Esperado	d	d^2	χ^2
724	49	7	677	$a_1 = 684$	676'76	7'24	52'4156	0'0774
	o	o	161	$a_2 = 85$	161'47	0'47	0'5929	0'0036
24	49	7	677	$a_3 = 76$	676'76	6'76	45'6976	0'0675
<u>48</u>				$a_4 = 670$				<u>0'1448</u>
				Tot=1515				
				0'1485				
				- 0'1448				
				<u>0'0037</u>				
				$\chi^2, h. I.. CB-R_1 \dots$				

$$CB - R_2 \dots 564 - 59 - \frac{107}{48} - 526 = 1.197 \neq P_{CB-R_2} = 8'939$$

$$CB - R_3 \dots 264 - 28 - 31 - 225 = 548 \neq P_{CB-R_3} = 10'766$$

$$P_{CB-R_2} = 8'939$$

$$P_{CB} = 10'658$$

	d^2	d	Esperado	CB - R ₂	Esperado	d	d^2	χ^2
624	361	19	545	$a_1 = 564$	535	29	841	1'5719
o	o	o	107	$a_2 = 59$	127'57	20'57	423	3'3158
624	361	19	545	$a_3 = 48$	535	9	81	0'1514
				$a_4 = 526$				
				Tót.=1197				
248								5'0391
				5'0391				
				-1'3248				
				$\chi^2, h. I. CB - R_2 \dots 3'7143$				

$$P_{CB-R_3} = 10'766$$

$$P_{CB} = 10'658$$

	d^2	d	Esperado	CB - R ₃	Esperado	d	d^2	χ^2
552	380'25	19'5	244'5	$a_1 = 264$	244'8	19'2	368'64	1'5058
o	o	o	59	$a_2 = 28$	58'4	0'6	0'36	0'0061
552	380'25	19'5	244'5	$a_3 = 31$	244'8	19'8	392'04	1'6014
				$a_4 = 225$				
				Tót.=548				
104								3'1133
				3'1133				
				-3'1104				
				$\chi^2, h. I. CB-R_3 \dots 0'0029$				

$CB - R_4 \dots\dots\dots 638 - 60 - 65 - 576 = 1.339 \neq P_{CB-R_4} = 9'335$
 $P_{CB-R_4} = 9'335$ $P_{CB} = 10'658$

	d^2	d	Esperado	$CB-R_4$	Esperado	d	d^2	x^2
32	961	31	607	$a_1 = 638$	598	40	1600	2'6755
	o	o	125	$a_2 = 60$	142'7	17'7	313'29	2'1954
				$a_3 = 65$				
32	961	31	607	$a_4 = 576$	598	22	484	0'8093
---				Tot=1339				-----
664				5'6802				5'6802
				-3'1664				
				$x^2_{h-I} \dots CB-R_4 \dots\dots\dots 2'5238$				

CB

	x^2_{h-I}
CB - F ₁	8'4468
" - R ₁	0'0037
" - R ₂	3'7143
" - R ₃	0'0029
" - R ₄	2'5238
$x^2 - CB$	14'6915

$x^2 = 14'6915$, para $n = 4$, significativo

n	P		
	.05	0.02	.01
5	11'070	13'388	15'086

ANOMALIAS - C¹B¹ - B¹C¹

Heterogeneidad

$$\chi^2 = \frac{d^2}{o}$$

		Observado	Observado %	Esperado según %	Diferencia	d ²	χ ²	
R ₁	C ¹ B ¹ --	N	2,541	2.5431713	21714	11366	01003	
		A	<u>20</u>	171286	-21714	71366	01426	
		T	2,561					
		N	3,677	991325	1.1331298	-21700	71290	01006
		A	<u>25</u>	01675	71701	+21701	71295	01947
		T	3,702					11382
R ₂	C ¹ B ¹ --	N	1,146	1.1431640	21360	51569	01005	
		A	<u>12</u>	141360	21360	51560	01388	
		T	1,158					
		N	3,901	981760	1.1431640	21360	51569	01005
		A	<u>49</u>	11240	141360	21360	51560	01388
		T	3,950					
Hipótesis - C ¹ B ¹ +B ¹ C ¹ =R ₂	D ¹ C ¹	N	2,755	2,7571330	21330	51664	01002	
		A	<u>37</u>	341620	21380	51664	01163	
		T	2,792					01558
		N	1,146	1.1431640	21360	51569	01005	
		A	<u>12</u>	141360	21360	51560	01388	
		T	1,158					

ANOMALIAS

Hipotesis total = C1B1 + B1C1

(Heterogeneidad dentro de cada serie)

$$\begin{array}{r} X^2 \\ \hline C1B1 = 7.444 \\ B1C1 = 8.200 \\ \hline C1B1 + B1C1 = 15.644 \end{array}$$

$$\begin{array}{r} C1B1 - A = 74 \\ B1C1 - A = 98 \\ \hline C1B1 + B1C1 = 172 \end{array}$$

	C1B1		Nº observado	% observado Hipótesis total	Nº esperado H-Total-C1B1+B1C1	d	d ²	X ²
	R1	N A T	$\begin{array}{r} 2.541 \\ +20 \\ \hline 2.561 \end{array}$	98.9005 1.0995	$\begin{array}{r} 2532.8416 \\ 28.158 \end{array}$	8.158 "	66.5529 "	0.0262 2.3635
	R2	N A T	$\begin{array}{r} 1.146 \\ +12 \\ \hline 1.158 \end{array}$	"	$\begin{array}{r} 1145.2677 \\ 12.7322 \end{array}$	0.732 "	0.5358 "	0.0004 0.0421
								0.0425

$$\begin{array}{r} C1B1 = 7.444 \\ B1C1 = 8.200 \\ \hline C1B1 + B1C1 = 15.644 \end{array}$$

C1B1+B1C1

B1+B1C1

	χ^2	χ^2	
línea, C'd-S	R'1..... 2'3897		
	R'2..... 0'0425		
	R'3..... 0'0011	0'7604	Serie C'B'
	R'4..... 1'0095		
	S'54..... 2'4954		

Hipótesis total
C'B'+B'C' =

A 1'0995 %
N 98'9005 %

línea-C'd-S	R'1..... 4'5874		
	R'2..... 1'7553		
	R'3..... 0'4029	0'6094	Serie B'O'
	R'4..... 0'0739		
	S'54..... 2'4954		

$$\sum \chi^2 = 15'2531 \quad \sum'' \chi^2 = 1'4498$$

10 - 2 = 8 Grados ltad.

$$\begin{array}{r} \sum \chi^2 = 15'2531 \\ \sum'' \chi^2 = 1'4498 \\ \hline \chi^2 = 13'8033 \end{array}$$

O'B'+B'C' = 15.640
Anomalías = 172

	P,	
n	,10	,05
8	13,362	15,507

Teniendo en cuenta que la Generación F₁, de este experimento es heterocigótico para los genes ctv, no nos permitió determinar si esa generación producía o no; anomalías. Basada esta generación los porcentajes de homocigosis en las generaciones de R, aumentan en proporciones pequeñas, lo cual obligaría a un número mayor de individuos para detectar la existencia del fenómeno.

NO DISYUNCION PRIMARIA DE LOS CROMOSOMAS X EN LA ESTIRPE C - C'

Hacia la generaci3n S₄₆, en cruces de hembras ctv/ctv con machos ctV/Y, se observ3 con bastante frecuencia la aparici3n de machos fenotipicamente CtV/? y hembras de fenotipo ctv/ctv/2. Comprobada la existencia de estas progenies anormales, por la repetici3n de los cruces, con objeto de corroborar que no se trataba de un error de experimentaci3n, el caso nos pareci3 de particular inter3s y, por tanto, merecedor de un estudio especial.

Dos fueron las hip3tesis que se nos presentaban: 1ª que se tratase de un caso de cromosomas X ligados, (Morgan, L. V 1922) y 2ª que correspondiera al fen3meno de no disyunci3n de los cromosomas X, Bridges(1916).

A continuaci3n detallamos el proceso de ambas hip3tesis, representando por xx, los cromosomas con los dos genes marcadores "ct", "v", por X el cromosoma portador de sus alelomorfos dominantes, "Ct", "V",

<u>1ª hip3tesis</u>	<u>2ª hip3tesis</u>
Cromosomas X ligados	No disyunci3n 1ª y 2ª de los cromosomas X
P ₁ , xx x P ₂ , XY	P ₁ xx x P ₂ , XY
Gametos: QQ $\bar{x}\bar{x}$, O OO X,Y	Gametos xx, O X,Y
F ₁ , $\bar{x}\bar{x}$ Y, $\bar{x}\bar{x}$ X oX, o Y	F ₁ , xxX, <u>xxY</u> , <u>XO</u> , YO
F ₁ $\bar{x}\bar{x}$ Y x XY	F ₁ , xx Y x XY
Gametos $\bar{x}\bar{x}$, Y, X,Y	3vulos: xY - x - xx - Y 46% 46% 4% 4%
F ₂ $\bar{x}\bar{x}$ X, $\bar{x}\bar{x}$ Y, <u>YX</u> , YY	Gametos Espermatozoides: X - Y F ₂ Huevos xXY - xX - xxX - XY 46% 46% 4% 4%
	xYY - xY - <u>xxY</u> - YY 46% 46% 4% 4%

Los individuos: $\bar{x}\bar{x}$ y y XY son an3malos; los $\bar{x}\bar{x}$ generalmente mueren y los YY, mueren siempre.

Por lo tanto, en la F₂, cae si se presentan exclusivamente las clases an3malas.

Los individuos xxY y XY, que son clases an3malas observables, representan, cada una de ellas un 4. % del conjunto de la descendencia de la F₂, que comprende ocho clases.

En las F₁ de ambos procesos, cromosomas X ligados y "no disyunci3n de cromosomas", los fenotipos son id3nticos, pero analizadas las QQ an3malas xxY, en nuestro caso ctv/ctv/?, se comportan en sus cruces con machos CtV, como individuos procedentes de no disyunci3n de los cromosomas X, con una claridad y persistencia totales, que hicieron rechazar la hip3tesis de los cromosomas X ligados, aceptando la 2ª hip3tesis, referente a la no disyunci3n de los cromosomas X.

Admitida la hip3tesis de la no disyunci3n era necesario averiguar, si 3sta era primaria o secundaria.

Las hembras ctv/ctv donde se observan las anomalías, proceden del cruce $CtV/ctv \times ctv/Y$, o sea de $Xx \times xy$.

Si en este cruce paterno, se produjera no disyunción 1ª, ésta daría siguiente progenie: $Xxx = CtV/ctv/ctv$

$$Xxy = CtV/ctv/Y$$

$$Ox = O/CtV$$

$$OY = O/Y$$

En esta descendencia anómala, todas las hembras presentan los genes dominantes CtV ,

Como en nuestros cruces de $ctv/ctv \times CtV/Y$, originarios de las anomalías observadas, las hembras ctv/ctv utilizadas, no aparecen en el caso de una posible no disyunción en el cruce paterno, luego, evidentemente, esas hembras ctv/ctv , no proceden de una no disyunción primaria y las anomalías observadas corresponden a la no disyunción primaria de los cromosomas X, portadores de los genes ligados ctv , en homocigosis.

Analizadas todas las sublíneas de la estirpe C - C', pudimos comprobar que el fenómeno se presentaba en todas ellas, si bien su frecuencia varía de unas a otras sublíneas, como puede observarse en las siguientes tablas de búsqueda de Anomalías primarias en las sublíneas de C y C' y la Tabla resumen de dichas Anomalías, cuyos datos se utilizaron en los cálculos.

Una particularidad interesante de nuestras anomalías, es su alta frecuencia media, igual al 1'355 % del total de individuos observados, en comparación con el % de Bridges, C, B (1916) que era del 0'0588 %, resultado de la frecuencia muestra veintitres veces superior, a dicho % de Bridges que bien pudieramos considerar como "standard" en honor a sus descubrimientos.

Calculado el X^2 para ver la significación (Heterogeneidad) entre las frecuencias de no disyunción primaria entre las sublíneas C - C', con hipótesis total: Individuos normales 8.659, correspondiendo al 98'6444 % del total, e individuos anómalos - (sus diferencias con los totales) - 1'3556 % respectivamente, resulta un $X^2 = 34'3984$, para 8 grados de libertad, que es altamente significativo, según se observa en la siguiente Tabla de X^2 .

Hallando el X^2 , de heterogeneidad referente a frecuencias de anomalías primarias entre las distintas sublíneas de la estirpe C - C', pero con las Hipótesis del porcentaje de Bridges, C, B, = 0'0588 para % de anomalías, resultan todos los X^2 parciales, altamente significativos y sus $X^2 = 3.200'582$, para $n = 8$ grados de libertad, que es extraordinariamente significativa, según su Tabla de X^2 , correspondiente.

BUSQUEDA DE ANOMALIAS PRIMARIAS EN LAS SUBLÍNEAS DE C Y C',
EN SUS ÚLTIMAS GENERACIONES

q q ctv/ctv. de líneas consanguíneas, se reprodujeron con 00 CtV/Y, hermanos, (I), o con 00 CtV/Y, silves.
(II); cuyos resultados numéricos expresados: 1º por cultivos aislados y 2º, por sublíneas, van a continuación;

Generación de las q q ctv/ctv	Procedencia de los 00 CtV/Y	Nº de individuos normales en cada cultivo	Anomalías respectivas q q ctv/ctv/Y	00 CtV/O	Total Anomalías	% de Anomalías
S 47	I	50	-	-	1	2'000
S 53	I	180	1	-	1	0'555
S 53	II	130	-	-	-	0'000
S 54	I	111	1	-	1	0'901
S 54	II	110	-	-	-	0'909
S 55	I	64	-	-	-	0'000
S 55	II	77	1	-	1	1'298
S 55	III	32	-	-	-	-
S 55	II	17	-	-	-	-
S 55	III	63	-	-	-	-
S 53	I	245	-	-	-	-
S 54	I	274	1	-	-	-
Total		1.303	5	1	6	0'431
S 46	I	60	-	-	1	1'666
S 46	II	120	-	-	-	-
S 46	III	193	1	1	2	1'666
S 46	II	40	-	-	3	2'072
S 46	III	66	-	-	-	-
S 46	II	60	-	-	1	1'666
S 46	III	75	-	-	1	2'666
S 46	II	03	1	-	2	1'204
S 46	I	310	2	-	2	0'545
Total		1.007	5	5	12	1'12

BUSQUEDA DE ANOMALIAS EN LAS SUBLINEAS DE C Y C', EN SUS UTILIAS GENERACIONES

Generacion de las qq ctv/ctv	Procedencia de los 00 CtV/Y	Nº de individuos normales en cada cultivo	Anomalias respectivas qq ctv/ctv/Y	Anomalias respectivas 00 CtV/O	Total Anomalias	% de Anomalias
546 551 551 555 556 564	I II III I II III I	70 82 150 -- 85 132 160 191	-- 2 1 1 -- 2 -- 1	-- 1 1 -- 2 -- 5	-- 2 2 4 6	-- -- -- -- --
.....	Total	870	-- 7	11	18	21022
545 551 551 555 557 56	I III III II I II II	-- 23 160 59 135 58	-- 1 2 -- 2 --	-- 1 2 -- 2	-- 2 2 4 --	71142 11250 31369 21941
.....	Total	441	-- 5	5	10	21217

BÚSQUEDA DE ANOMALIAS EN LAS SIEMBRAS DE O Y O', EN SUS ÚLTIMAS GENERACIONES

Sub-línea	Generación de las qq ctv/ctv	Procedencia de los OO ctv/Y	Nº de individuos normales en cada cultivo	Anomalías resp qq ctv/ctv/Y	OO ctv/O	Total Anomalías	% de Anomalías
O1a	253	III	60	1	1	2	1'566
"	253	III	82	4	1	5	6'097
"	254	III	104	1	1	2	1'923
"	254	III	120	1	1	2	0'333
"	256	III	60	1	1	2	0'333
"	260	III	188	2	2	4	2'127
"	261	III	123	1	1	2	1'626
"	263	III	257	1	1	2	0'393
"	263	I	271	1	1	2	0'393
O1a	Total	1.262	1.262	11	8	19	1'403
O1b	240	I	75	4	1	2	2'566
"	253	III	25	1	1	2	1'333
"	253	III	23	1	1	2	1'250
"	254	III	150	2	1	3	1'040
"	254	III	160	1	1	2	3'703
"	255	III	95	1	1	2	1'724
"	255	III	54	1	1	2	3'000
"	255	III	56	1	1	2	1'587
"	255	III	100	2	1	3	5'454
"	256	III	63	1	2	3	1'656
"	257	III	55	1	2	3	1'656
"	257	III	119	1	3	4	1'892
"	258	III	180	1	1	2	1'892
"	258	III	87	1	1	2	1'892
"	259	III	317	5	1	6	1'892
"	261	III	317	5	1	6	1'892
"	263	I	234	1	1	2	1'892
O1b	Total	1.772	1.772	15	12	27	1'500

BÚSQUEDA DE ANOMALIAS PRIMARIAS EN LAS SUB-REDES DE C.V. EN SUS UTILIDADES GENERACIONES

Renovación de las 00 ctv/ctv	Procedencia de los 00 ctv/Y	Nº de individuos normales en cada cultivo	Anomalías respctivas 00 ctv/Y	00 ctv/0	Total Anomalías	% de Anomalías
247	III	95	1	2	3	3'157
248	III	60	3	1	4	5'666
252	III	60	1	1	2	3'333
253	III	151	1	1	2	1'324
254	III	65	1	1	2	1'536
255	III	45	1	1	2	3'225
256	III	35	1	1	2	5'000
257	III	62	1	2	3	3'225
257	III	120	4	1	5	5'000
.....	Total	693	12	6	20	2'805
.....	Total	1.223	1	5	6	0'465
240	I	140	-	-	-	-
242	II	55	-	-	-	-
244	I	140	-	-	-	-
245	III	133	-	-	-	-
246	III	105	-	-	-	-
247	III	61	-	-	-	-
248	III	54	-	-	-	-
249	III	34	-	-	-	-
250	III	159	-	-	-	-
251	III	168	-	-	-	-
252	III	174	-	-	-	-
253	I	174	-	-	-	-

Tabla de Anomalías primarias en las estirpes "ct" "v"

Bridges = $1/1.700 = 0'0588 \%$

Observado = $23/1.700 = 1'355 \%$

Sub-línea	Generaciones	Totales Nº individuos	xxY	XO	Totales	% del c. de C.D. gcs=0'05
C _a	S ₄₇ S ₄₆	1.389	5	1	6	0'431
C _b	S ₄₆ S ₆₄	1.020	6	7	13	1'274
C _c	S ₄₆ S ₆₄	890	7	11	18	2'022
C _d	S ₄₅ S ₅₈	451	5	5	10	2'217
C' _a	S ₅₃ S ₆₃	1.281	11	8	19	1'483
C' _b	S ₄₈ S ₆₃	1.799	15	12	27	1'500
C' _c	S ₄₈ S ₆₃	1.235	1	5	6	0'485
C' _d	S ₄₇ S ₅₇	713	12	8	20	2'805
Total	8.778	62	57	119	1'355

"NO DISYUNCION PRIMARIA"

χ^2 de heterogeneidad, dentro del grupo, en las sublíneas de las estipes C y C', con hipótesis total, promedio de las frecuencias de anomalías de todo el conjunto de la sub-líneas de C' y C':

N = 3.659 % = 98'6444
 A = 119 % = 1'3556

T = 8.778

Sub-línea	Clases	Nº observado	Nº esperado con Hipótesis total	d	d ²	d ² Esperado	χ^2
C _a	N	1.383	1.370'1713	12'8287	164'609	0'1201	8'860
	A	+6	18'8292	"	"	8'7400	
	T	<u>1.389</u>					
C _b	N	1.007	1.006'1729	0'8271	0'7213	0'0007	0'052
	A	+13	13'8271	"	"	0'0522	
	T	<u>1.020</u>					
C _c	N	872	877'9352	5'9352	35'2242	0'0401	2'950
	A	+18	12'0648	"	"	2'9195	
	T	<u>890</u>					
C _d	N	441	444'8862	3'8862	15'1009	0'0339	2'503
	A	+10	6'1137	"	"	2'4700	
	T	<u>451</u>					
C' _a	N	1.262	1.263'6295	1'6295	26'5527	0'0210	1'550
	A	+19	17'3652	"	"	1'5290	
	T	<u>1.281</u>					
C' _b	N	1.772	1.774'6127	2'6127	6'8262	0'0038	0'283
	A	+27	24'3872	"	"	0'2799	
	T	<u>1.799</u>					
C' _c	N	1.229	1.210'2583	10'7417	115'3905	0'0947	6'986
	A	+6	16'7416	"	"	6'8920	
	T	<u>1.235</u>					
C' _d	N	693	703'3346	10'3346	106'8122	0'1515	11'201
	A	+20	9'6654				
	T	<u>713</u>					

$\leq \chi^2 = 34'3984$

para n = 8 grados de Libertad

Probabilidad = .001 -
 Valor de $\chi^2 = 26'125$

$\chi^2 = 34'3984$, altamente significativo

χ^2 , de heterogeneidad, entre frecuencias de Anomalías primarias de las sublíneas de las estirpes O y O', con hipótesis, para individuos anómalos, de un porcentaje = 0'0588, de correspondiente al caso de Bridges, O. B.

Sublíneas	Clases	Individuos observados	Individuos esperados	d	d ²	χ^2
C _a	N	1.383	1.308'1832	5'183	27'878	0'020
	A	6	0'8167	5'183		34'15
	T	1.389				$\chi^2 = \frac{34'15}{34'177}$
C _b	N	1.007	1.019'4002	12'4002	153'76	0'150
	A	13	0'5997	12'4002		256'395
	T	1.020				$\chi^2 = \frac{256'395}{256'545}$
C _c	N	872	889'4767	17'4767	305'24	0'343
	A	18	0'5233	17'4767		583'29
	T	890				$\chi^2 = \frac{583'29}{583'533}$
C _d	N	441	450'7348	9'7348	94'672	0'210
	A	10	0'2652	9'7348		356'983
	T	451				$\chi^2 = \frac{356'983}{356'193}$
C' _a	N	1.262	1.280'2467	18'2467	331'24	0'250
	A	19	0'7532	18'2467		439'77
	T	1.281				$\chi^2 = \frac{439'77}{440'020}$
C' _b	N	1.772	1.797'9421	25'9421	670'81	0'746
	A	27	1'0578	25'9421		634'15
	T	1.799				$\chi^2 = \frac{634'15}{634'896}$
C' _c	N	1.229	1.234'2738	5'2738	27'772	0'0225
	A	6	0'7262	5'2738		38'242
	T	1.235				$\chi^2 = \frac{38'242}{38'2645}$
C' _d	N	693	712'5807	19'5807	384'16	0'530
	A	20	0'4192	19'5807		916'41
						$\chi^2 = \frac{916'41}{916'945}$
						$\leq \chi^2 = 3.260'582$

1º Que los machos resultaron estériles; solamente, uno, de diecisiete machos observados, resultó fértil; mas, como se perdió la oportunidad de estudiar su descendencia, cabe la posibilidad de que se tratara de un error experimental.

2º Que las hembras dieron descendencia anómala en la proporción de 4'947 % de la correspondiente a la "no disyunción secundaria" como es el caso de hembras XXY, conforme se vé en los siguientes cuadros:

- Cuadro que expresa los datos obtenidos en cada cultivo.
- Cuadro que reune los datos correspondientes a cada línea.
- Cuadro que agrupa, por separado, los datos de líneas e híbridos
- Cuadro que reune por separado los datos de líneas, híbridos II o híbridos III.

Damos a continuación los esquemas de los mecanismos de la "no disyunción" primaria, secundaria y terciaria, referente a los genes "ctv" "v" de nuestras investigaciones.

-Anomalías primarias

	♀ ctv/ctv	x	♂ CtV/Y
Clases esperadas	ctv/CtV y ctv/Y		
	(1) ctv/ctv/Y,		(2) CtV/O
Clases anómalas ...	(3) ctv/ctv/CtV,		(4) Y/o
Las clases (3) y (4) mueren.			

Anomalías secundarias

	♀ ctv/ctv/Y	x	♂ CtV/Y
♀♀ (1) ctv/CtV/Y, (2) ctv/CtV, (3) ctv/ctv/CtV, (4) ctv/ctv/Y			
♂♂ (5) ctv/Y/Y, (6) ctv/Y, (7) CtV/Y, (8) Y/Y			
Las clases (3) y (8) mueren.			
Las clases (1) y (2) son iguales fenotípicamente, así como las (5) y (6) entre sí.			

Intervienen especialmente en nuestros cálculos para anomalías las clases geno y fenotípicamente excepcionales (4) ctv/ctv/Y y (7) CtV/Y, cuyo porcentaje, según Bridges, aunque referido en este caso, al conjunto de individuos viables, resulta ser de un 4'3% para individuos anómalos (que es el % teórico) que llamaremos % de Bridges resultan los siguientes χ^2 , para cada sub-línea:

	χ^2	
Ca.....	0'8619 para n = 1 grados de libertad
Cb.....	0'0749 "
Cc.....	0'5356 "
Cd.....	0'0418 "
C'e.....	0'7840 "

C'e 3'6061

C'd 8'5271

 χ^2 15'9629 para $n=8$ grados de libertad
lo cual supone una $P=0'05$, resultando la suma significativa, aunque la
mayoría de los χ^2 componentes no lo es.

Si se verifica el cálculo anterior del χ^2 , con la misma hipótesis,
pero sumando con anterioridad todos los resultados de las sub-líneas,
para calcular un sólo χ^2 , de este modo obtenemos un $\chi^2 = 2'2275$ para
 $n = 1$ grado de libertad, que no es significativo.

De dónde se pone de manifiesto la proximidad de los datos obtenidos
a los esperados en caso de tratarse de hembras xxY . Reunidos estos he-
chos; a saber, 1º que por su origen las hembras $ctv/ctv?$ en las cuales
se estudiaron las anomalías secundarias eran de constitución xxY .

2º Que dichas hembras anómalas dieron lugar a anomalías con la fre-
cuencia correspondiente a la no disyunción secundaria.

3º Que los machos resultaron estériles.

De dónde, concluimos que las hembras ctv de la estirpe C - C', es-
tudiadas son de constitución normal - xx , y que las anomalías observa-
das, procedían de "no disyunción primaria", aún cuando ésta fuese de
una frecuencia 23 veces mayor que la referida por Bridges.

Anomalías terciarias y cuaternarias

Para reforzar nuestra interpretación, hicimos el estudio de las
hembras anómalas procedentes de la no disyunción secundaria, para
obtener anomalías terciarias, y por el mismo procedimiento se con-
siguieron las anomalías cuaternarias, cuya descendencia, era cada vez
menos numerosa, en las sucesivas generaciones.

Calculados los χ^2 de heterogeneidad, para frecuencias de anomalías
terciarias y cuaternarias y con hipótesis 4'337% de individuos anormales,
correspondiente al % de anomalías secundarias (no hay datos de las ter-
ciarias de Bridges), se obtienen un $\chi^2 = 2'7938$, para $n = 2$ grados de
libertad, el cual, no es significativo.

Cuyos resultados, una vez más, se ajustan a la descendencia de
hembras XXY .

(NO DISTINCION SECUNDARIA) (AMO ALIAS SECUNDARIAS).

Las QQ ctv/ctv/Y resultantes de la no distinción primaria, se cruzaron con 00 ctv/Y; expresando a conti-
nuacion los datos obtenidos en cada cultivo:

Sub- línea	Procedencia de las QQ ctv/ctv/Y	Procedencia de los 00 ctv/Y	Nº de individuos observados	Anomalías qq ctv/ctv/Y	00 ctv/Y	Total Anomalías	% de Anomalías
Cp	S52-I	- Lp (1)	20	-	-	-	-
Cp	S52-I	-	51	-	-	-	-
Cc	S51-I	- I	20	-	-	-	-
Cc	S50-I	S49	52	-	-	-	-
Cc	S50-I	S52	107	-	-	-	-
Cc	S49-I	-	95	-	-	-	-
Cc	S54-I	S55	35	-	-	-	-
Cc	S54-I	II	56	-	-	-	-
Cc	S54-I	II	171	-	-	-	-
Cc	CB-F1-III	II	59	-	-	-	-
Cc	S46-II	-	110	-	-	-	-
Cc	S51-III	Lp (1)	100	-	-	-	-
Cc	S52-III	II	142	-	-	-	-
Cc	S53-III	III	118	-	-	-	-
Cc	S54-III	III	95	-	-	-	-
Cc	S54-III	III	50	-	-	-	-
Cc	S54-III	Lp (1)	119	-	-	-	-
Cc	S55-III	II	55	-	-	-	-
Cc	S53-III	Lp (1)	25	-	-	-	-
Cc	S49-III	-		-	-	-	-
	Total	1.516	35	40	75	4.947

Gones ctv

NO DISTINCION SECUNDARIA

XXY = ctv/ctv/Y
XY = CtV/Y

Sub-Líneas	Generaciones	Nº de individuos observados	No distincion secundaria			Observados	% viable de ind. vivos de no distincion 2ª. Según C. B. Bridges
			XXY	XY	Total		
G _a	S ₅₄	56	0	1	1	1'785	4'3
G _b	S ₅₂	252	5	3	8	3'174	"
G _c	S _{46-S51}	207	5	6	11	5'314	"
G _d	S _{49-S52}	354	3	13	16	4'519	"
G _{1a}	S _{53-S54}	177	6	4	10	5'650	"
G _{1b}	S _{54-S54}	213	4	3	7	3'206	"
G _{1c}	S ₄₉₋	25	0	3	3	1'200	"
G _{1d}	S _{54-S55}	232	12	7	19	8'189	"
Total		1.516	35	40	75	4'947	"

	Procedencia de las QQ	Nº total	Anomalías			%	II = Híbrido I = Línea pura
			xxY	XY	Total		
1 ♀	C _a -S ₅₄ -II	56	-	1	1	1'705	xxY=ctv/ctv/Y
"	C _b -1 ^a -II	171	2	2	4	2'339	XY = CtV/Y
"	C _c -S ₄₆ -II	118	2	2	4	3'389	
"	C _c -S ₅₁ -III	69	2	3	5	7'246	
2 QQ	C _d -S ₅₂ -II	100	-	3	3	3'000	
1 ♀	C' _a -S ₅₃ -III	142	3	3	6	4'225	
"	C' _b -S ₅₄ -II	118	3	2	5	4'237	
"	C' _b -S ₅₄ -II	95	1	1	2	2'104	
"	C' _d -S ₅₄ -III	58	8	2	10	17'421	
"	C' _d -S ₅₅ -II	119	1	1	2	1'68	
"	C' _d -S ₅₇ -II	55	3	4	7	12'727	
"	C' _c -S ₄₉ -III	25	0	3	3	12'000	
		<u>1.126</u>			<u>52</u>	<u>4'618</u>	
1 ♀	C _b -S ₅₂ -I	20	-	-	0	0	
"	C _b -S ₅₂ -I	61	3	1	4	6'557	
"	C _c -F ₅₁ -I	20	1	1	2	10'000	
"	C _d -S ₅₀ -I	52	1	2	3	5'769	
"	C _d -S ₅₀ -I	107	1	3	4	3'730	
"	C _d -S ₄₉ -I	95	1	5	6	6'315	
"	C' _a -S ₅₄ -I	35	3	1	4	11'420	
		<u>390</u>			<u>23</u>	<u>5'897</u>	
	Total	1.516	--	--	75	4'947	

"NO DISYUNCION SECUNDARIA"

	Procedencia de las OO	Nº total	Anomalías			%
			xxY	XY	Total	
	1 ♀ C _c -S ₅₁ -III	69	2	3	5	7'246
	1 ♀ C' _a -S ₅₃ -III	142	3	3	6	4'225
II	1 ♀ C' _d -S ₅₄ -III	58	8	2	10	17'421
	1 ♀ C' _c -S ₄₉ -III	25	0	3	3	12'000
		<hr/> 294			24	8'163
	1 ♀ C _a -S ₅₄ -II	56	-	1	1	1'785
	" CD-12-II	171	2	2	4	2'339
	" C _c -S ₄₆ -II	118	2	2	4	3'389
II	2 ♀♀ C _d -S ₅₂ -II	100	-	3	3	3'000
	" " C' _b -S ₅₄ -II	118	3	2	5	4'237
	" " C' _b -S ₅₄ -II	95	1	1	2	2'104
	" " C' _d -S ₅₅ -II	119	1	1	2	1'680
	" " C' _d -S ₅₃ -II	55	3	4	7	12'727
		<hr/> 832			20	3'365
	1 ♀ C _b -S ₅₂ -I	20	-	-	-	0'000
	" C _b -S ₅₂ -I	61	3	1	4	6'557
I	" C _c -S ₅₁ -I	20	1	1	2	10'000
	" C _d -S ₅₀ -I	52	1	2	3	5'769
	" C _d -S ₅₀ -I	107	1	3	4	3'730
	" C _d -F ₄₉ -I	95	1	5	6	6'315
	" C' _a -S ₅₄ -I	35	3	1	4	11'420
		<hr/> 390			23	5'897
Total		1.516			75	4'947

"NO DISYUNCIÓN SECUNDARIA"

χ^2 , con la hipótesis del % de Bridges, C.D., = 4'3 %

Línea		Obsor.	Esper.	d	d ²	d ² /Esper.	
C _a	Nor A	55 1	53'59 2'41	1'408	1'98	0'0369 0'8250	0'8619
C _b	Nor A	244 8	241'16 10'84	2'836	8'04	0'3333 0'7446	1'0749
C _c	Nor An	196 11	198'10 8'90	2'099	4'41	0'0401 0'4955	0'5356
C _d	Nor An	338 16	338'778 15'22	0'778	0'61	0'0018 0'0400	0'0418
C' _a	Nor An	167 10	169'40 7'611	2'389	5'71	0'0337 0'7503	0'7840
C' _b	Nor An	206 7	203'841 9'16	2'159	4'66	0'0228 0'5087	0'5315
C' _c	N A	22 3	23'93 1'075	1'925	3'71	0'1550 3'4511	3'6061
C' _d	N A	213 19	222'024 9'98	9'024	81'44	0'3668 8'1603	8'5271

$P = 0'01; n = 1; \chi^2 = 6'635$

$\chi^2_T = 15'9629$

n	0'05
8	15'507

No disyunción secundaria
 χ^2 , con la hipótesis del 4'3 %

Nº observado	Nº esperado	d	d ²	d ² :e	χ^2
N. <u>1.441</u>	1.451	10	100	0'6891	-
A. <u>75</u>	<u>65</u>	10	100	1'5384	-----
1.516	1.516				2'2275
$\chi^2 =$ no significativo					

ANOMALIAS QUATERNARIAS - NO DISTINCION QUATERNARIA

Las Q^0 Ctv/ctv/Y resultantes de la no distinción secundaria de las sublíneas C' d, se cruzaron con Q^0 Ctv/Y; expresando a continuación los datos de cada cultivo:

Procedencia de las Ctv/ctv/Y	Procedencia de los Q^0 Ctv/Y	Nº de individuos observados	Anomalías respectivas Q^0 Ctv/ctv/Y	Q^0 Ctv/Y	Total Anomalías	% de Anomalías
de R2-II-C' d-S57	II	111	- 1	- 3	- 4	31503
de A2-II-C' d-S58	III	82	- 1	- 0	- 1	11219
de A2-I-C' d-S59	II	156	- 2	- 8	- 10	61588
de A2-I-C' d-S50	I	17	- 0	- 0	- 0	01000
Total	366	- 4	- 11	- 15	41098

ANOMALIAS QUATERNARIAS - NO DISTINCION QUATERNARIA

Las Q^0 Ctv/ctv/Y resultantes de la no distinción terciaria, se cruzaron con Q^0 Ctv/Y; cuyos datos se expresan a continuación:

Procedencia de las Ctv/ctv/Y	Procedencia de los Q^0 Ctv/Y	Nº de individuos observados	Anomalías respectivas Q^0 Ctv/ctv/Y	Q^0 Ctv/Y	Total Anomalías	% de Anomalías
de A3-I-C' d-S59	I	25	- 1	- 1	- 2	71692

NO DISYUNCION TERCIARIA

			Nº observado	XXY	XY	Total	% Observados
Híbridos - II	C'd ..	S ₅₇ ..	111	1	3	4	3'603
" - II	C'd ..	S ₅₈ ..	82	1	0	1	1'219
		Total	193	-	-	5	2'591
Línea - I	C'd ..	S ₅₉	156	2	8	10	6'588
" - I	O'd ...	S ₅₀	17	0	0	0	0'000
			173	-	-	10	5'780
Total			366	-	-	15	4'098
<u>NO DISYUNCION CUATERNARIA</u>							
Línea - I	C'd -	S ₅₉	26	1	1	2	7'692

ANOMALIAS TERCIARIAS Y CUATERNARIAS

			Nº observado	xxY	XY	Total	% observados
íbridos II ..	C'd..	S57	111	1	3	4	3'603
	" II ..	C'd..	82	1	0	1	1'219
	Total		193	-	-	5	2'591
ínea - I	C'd..	S59	156	2	8	10	6'588
	" I	C'd -	17	0	0	0	0'000
	" I	C'd	26	1	1	2	7'692 (cuarter naria)
	Total		199	3	9	12	6'030
Total			392	-	-	17	4'337

χ^2

ANOMALIAS TERCIARIAS Y CUATERNARIAS

Hipótesis N - 95'663
 A - 4'337

		Nº observado	Esperado	d	a ²	a ² /o	χ^2
II	N	188	184'629	3'371	11'363	0'0615	
	A	5	8'370	"	"	1'3575	
		<u>193</u>					1'4190
II	N	187	190'369	3'369	11'350	0'0596	
	A	12	8'630	"	"	1'3152	
		<u>199</u>					1'3748
						χ^2	2'7938
				$N^2 = 3'841$ para n = 1	P = 0.05		
				$\chi^2 = 5'991$ para n = 2	P = 0.05		

Origen de las anomalías en nuestras líneas consanguíneas.

Comprobadas y analizadas las anomalías se presentaron dos cuestiones:

1ª- Comprobar que en todas las sub-líneas consanguíneas, excepto las de las estirpes C y C', no se presentan anomalías.

En efecto, habíamos venido observando que, en todas las líneas consanguíneas, menos las correspondientes a las estirpes C y C', la carencia de anomalías entre el porcentaje de individuos corrientemente manejado en nuestros cruces; pero, para confirmar estas observaciones, se hizo una búsqueda especial en las últimas generaciones, haciendo intervenir gran número de hembras ab/ab en el cruce ab/ab x AB/, originario de la no disyunción primaria en las susodichas C y C', hasta conseguir de este modo una cifra relativamente elevada de 8,183 individuos, entre los cuales no surgió ninguna anomalía, confirmando, por consecuencia, nuestros datos anteriores, de la falta de no disyunción en dichas sub-líneas objeto de nuestra exploración particular.

2ª-Cuestión- Procedencia de las anomalías de las cepas C - C'.

Para resolver la segunda cuestión se volvieron a sintetizar los troncos de cuyo cruce y conforme explicamos en el capítulo correspondiente se originaron las sub-líneas de la estirpe C - C', con las mismas cepas de origen, conservadas en poblaciones numerosas e idénticas condiciones.

Una vez reunidos los genes marcadores "ct" "v", se repitió el cruce ctv/ctv x O CtV (hermanos) originador de las Anomalías primarias y se analizaron las sucesivas generaciones de apareamientos de hermanos, desde S₁ a S₄, ambas inclusive.

Los resultados pueden expresarse así:

<u>Nº de Cultivos</u>	<u>Generaciones</u>	<u>Nº de Individuos</u>	<u>Anomalías</u>
2.....	S ₁	394	0
5.....	S ₂	632	0
3.....	S ₃	1104.....	0
1.....	S ₄	271	0
total <u>11</u>	<u>4</u>	<u>2401</u>	<u>0</u>

Cómo no se encontró ninguna anomalía en los troncos y primeras generaciones de origen, tenemos que deducir que dichas anomalías surgen a través de la progresiva consanguinización de las líneas y sub-líneas, de la estirpe C - C', con dichos genes marcadores "ct" "v".

Resumen de la exploración de Anomalías en todas nuestras líneas, menos en las C y C'.

Sub-Líneas	Generaciones	Nº de Individuos observados	Anomalías	Genos
E _a , E _b , E _c - y E _d	S ₅₉ - S ₆₀	1.331	0	y w
N _c , N _b , N' _a , N' _b	S ₆₄ - S ₆₅	407	0	n v
K _a , K _b , K _c	S ₃₆ - S ₃₇	232	0	y n
D _a , D _b , D _c	S ₃₇ - S ₃₈	1.162	0	w ct
H _a , H _b , H _c	S ₃₃ - S ₃₆	1.408	0	ct B
D _a , D _b , D _c D' _a , D' _b , D' _c , D' _d	S ₆ - S ₆₂	3.643	0	y B
Total		8.183	0	

Búsqueda en el tronco de origen de O y O'

1º $\frac{ctv}{ctv} \times \frac{Otv}{Otv} \text{ --- } \frac{ctv}{Otv} \text{ ♀ y } \frac{ctv}{Otv} \text{ ♂ } \text{ C. (de las copas en poblaciones, "ct"y"v")}$
 2º) $1 \frac{ctv}{Ctv} \times ctv \text{ 14/11/51}$ y (2º) $2 \frac{ctv}{ctv} \times Ctv \text{ 14/11/51}$

	<u>♀♀</u>	<u>♂♂</u>		
ctV	ctV	ctV		♀
	ctv	ctv-		$\frac{ctv}{Ctv}$
	ctV	CtV		y
	Ctv	Ctv		$\frac{ctv}{Ctv}$
				♂
				ctV

3º $\frac{ctv}{Ctv} \text{ (2º)}_2 \times ctv \text{ (2º)}_1$

	<u>♀♀</u>	<u>♂♂</u>
	$\frac{ctv}{ctv}$	$\frac{ctv}{ctv}$
	$\frac{ctv}{ctv}$	CtV
	ctv	Ctv
	CtV	
	Ctv	

4º $\frac{ctv}{ctv} \times 00 \text{ Silvestres } \frac{Ctv}{Ctv}$ y 5º $\frac{ctv}{ctv} \times ctv$

para obtener Anomalías para obtener
 EAC 28/12/51 QQ $\frac{ctv}{ctv}$

		EAC 29/12/51		Nº indi.	
AC	- 19/1/52 - <u>Rdos.</u>	31/1/52 - Pupas negras	1/2 - Cdos	5/2/52-116=	Nor mal
AC	- 21/1/52 - "	- id.	" "	9/2/52-278 =	"
AC	- 14/2/52 - "	14/2 - "	" "	22/2/52-141 =	"
AC	- 5/2/52 - "	id.	21/2/52-156 =	"
AC	- 7/2/52 - "	16/2/	- Pupas negras	19/2- id. - 93 =	"
AC	- 8/2/52 - "	19/2	-	" 23/2 -146 =	"
AC	- 7/2/52 - "	19/2	- Pupas negras	19/2- id. 96 =	"
AC	- 21/2/52 - "	29/2	- 8/3/52"	306 =	"
AC	- 20/2/52 - "	29/2	- 8/3/52"	313 =	"
O	- 22/2/52 - "	29/2	- id. "	215 =	"
AC	- 5/3/52 - "	15/3	- 24/3/52"	271 =	"

				2.131	"

Particularidades de la "no disyunción" en la castrope C - 0'

Primaria . Como ya se señaló, la frecuencia de anomalías es específica de cada línea. La frecuencia media de dichas anomalías, consideradas en conjunto, es 23 veces superior a la de Bridges. Dicha diferencia es altamente significativa, lo mismo en las líneas, que en un conjunto, en este caso, su $X^2 = 3.260'52$, que confirma dicha significación.

Secundaria . De los resultados expuestos anteriormente, se observa:

1^o La diferencia del % de frecuencia de anomalías de la línea C'd, al % de no disyunción secundaria de Bridges, es altamente significativa.

2^o La referida diferencia de % del total al de Bridges, es significativa.

3^o Sin embargo, calculando dicho X^2 , consideradas todas las líneas en un grupo, resulta no significativa.

4^o Analizados los orígenes de las hembras xY, procede agruparlas en dos series así como a sus descendencias. Una serie (I) procede de cruce de línea y otra (II), derivada de OO consanguíneas x OO silvestres; calculados los X^2 , correspondientes a estas series, con la hipótesis teórica, resulta un $X^2 = 1'007$, con $n = 2$, grados de libertad que no es significativo.

Terciaria: Desdobladas las descendencias de hembras de líneas y de híbridos, como en las anomalías secundarias y efectuando los cálculos X^2 , con la hipótesis (II+I) resultan un $X^2 = 1'2455$, con $n = 1$, para la descendencia (I) de OO de línea y un $X^2 = 1'1163$, con $n = 1$ para la correspondiente a la progonia de híbridos, su suma $X^2 = 2'3618$, para $n = 2$, no es significativa.

Terciaria y cuaternaria: Considerados en conjunto, sus X^2 , con las hipótesis teóricas no dan diferencias significativas, ni con relación al porcentaje teórico, ni los X^2 de Líneas e Híbridos entre sí resultando:

$$X^2 \text{ de línea} = 1'3748$$

$$X^2 \text{ de híbrido} = 1'4190$$

$$\underline{X^2 2'7938} \quad \text{para } n = 2.$$

ANOMALIAS SECUNDARIAS EN MEMBRAS XXV DE LINEA Y RESULTANTES DE CRUCES

	O línea XXV Nº total		O H f b r i d a Nº total		X X Y % de Anoma.		Nº total = 1.516 Anormales = 75 % = 4,947 %
	Observ.	Espera.	d	d ²	d ² /Esper.	X ²	
Ca	20	0	0	56	1	1'735	
Cb	61	4	6'557	116	4	3'389	
Cc	20	2	10'000	69	5	7'246	
Cd	52	3	5'769	100	3	3'000	
"	107	4	3'730	58	10	17'421	
"	95	6	6'1315	142	6	4'225	
Ca'	35	4	11'420	116	5	4'237	
Cb'				95	2	2'104	
Cc'				25	3	12'000	
Cd'				119	2	1'680	
C'e				171	4	2'339	
C'd				55	7	12'727	
Totales	390	23	5'89	1126	52	4'62	
North Anom	367	370'1707	3'707	13'742	0'037		
North Anom	23	19'293		0'712	0'1012		
North Anom	1'074	1'070'297	3'703	13'712	0'1246		
North Anom	52	55'703		1'007			
						G. de L. = 2	

CONCLUSIONES

- 1ª La consanguinidad en *Drosophila melanogaster* determinó la reducción de la frecuencia del "Intercambio factorial" en todos los segmentos estudiados de los cromosomas X.
- 2ª La influencia de la consanguinidad sobre la reducción de la frecuencia del "Intercambio factorial" se manifestó en toda la longitud de los cromosomas X, explorados; es decir, en las regiones distantes, y en las más o menos próximas al centrómero.
- 3ª Igualmente, la consanguinidad originó "no disyunción primaria" con genes marcadores "ct" - "v", siendo muy elevada (1'355) con relación al % hallado por Bridges, C.B. (0'058 %).
- 4ª La intensidad de la "no disyunción secundaria" se ajusta al % de la no disyunción secundaria, Bridges, C.B.
- 5ª En los "Retrocruzamientos" de genes marcadores "ct" "v", de citoplasma silvestre X Línea pura o viceversa, existe correlación negativa significativa entre el % de homocigosis y el % Intercambio factorial conforme a nuestra hipótesis de trabajo.
- 6ª En dichas dos series de "Retrocruzamientos", con referencia al % "Intercambio factorial", no se observó influencia significativa del Citoplasma, en la reducción del "Intercambio factorial".
- 7ª Existe una correlación positiva, aunque no significativa, en las dos series de "Retrocruzamientos" antes aludidas, entre el % de homocigosis y el % de "no disyunción primaria".
- 8ª En los referidos "Retrocruzamientos", con respecto a la "no disyunción primaria", no se observó influencia significativa del citoplasma.
- 9ª Los trabajos de citogenética en especies alógamas, *Secale cereale* L, *Zea Mays*, L y *Alopecurus myosuroides* Huds, según los cuales, la consanguinidad reduce el número de quiasmas y llega hasta la asinapsis, se ven confirmados en este trabajo de genética estadística con la reducción del "Intercambio factorial" y la "no disyunción primaria" observadas en nuestros trabajos en *Drosophila melanogaster*.

BIBLIOGRAFIA

- ALVARADO, Salustio (1948 y 1952).- *Biología General*. Madrid: Gráfica Administrativa. 2 Tomos de 1022 págs. en total.
- AUERBACH, C. (1947).- Abnormal segregation after chemical treatment of *Drosophila*. *Genetics* 32: 3-7.
- BEADLE, G.W. (1932).- A gene for sticky chromosomes in *Zea Mays*. *Z. I. A.V.* 63:195-217.
- BERGNER, A.D. (1928).- The effect of prolongation of each stage of the life-cycle on crossing over in the second and third chromosomes of *Drosophila melanogaster*. *J. Exp. Zool.* 50:107-163.
- BLANCO, José L. e RODRIGUES, Luis Costa (1946).- A Consanguinidade originara variações cromosomicas?. *Rev. Agron.* 34.
- BLANCO, José L. (1948 a).- Anormalidades meioticas en relacion con la consanguinidad en *Zea Mays* L. Pontevedra: Misión Biológica de Galicia, Trabajos Experimentales. 81 págs.
- BLANCO, José L. (1948 b).- Meiotic abnormalities in relation to inbreeding. *Proc. 8 th Int. Congr. Genet.* : 538-539 (Abstr)
- BONNIER, Gert (1923).- Studies on high and low non-disjunction in *Drosophila melanogaster*. *Hereditas* 4:81-110.
- BRIDGES, C.B. (1916).- Non disjunction as proof of the chromosome theory of heredity, I and II. *Genetics* 1:1-52 y 107-163
- BRIDGES, C.B (1929).- Contributions to the genetics of *Drosophila simulans* and *Drosophila melanogaster*, II.- Variation in crossing over in relation to age of female in *Drosophila melanogaster*. *Carneg. Instn. Wash. Publ.* 399:63-89.

ARA, A. e VASCONCELLOS, Sarah do (1941).- O "Crossing over" nos machos da *Drosophila melanogaster* induzido pelos raios X. Agron. Lusit. 3:201-203.

CASSARI, Ernst (1948).- Cytoplasmic Inheritance. *Advanc. Genet.* 2:1-66.

CASSTLE= William E. (1925).- A sex difference in linkage in rats and mice. *Genetics* 10:580-582.

CASSTLE, William E. and WACHTER, W.L. (1924).- Variations of linkage in rats and mice. *Genetics* 9:1-12

CLASSTLE, William E. and WACHTER, W.L. (1925).- A sex difference in linkage in rats and mice. *Genetics* 10:580-582.

CLARK, Francis J. (1942).- Cytological and genotic studies of sterility in inbred and hybrid maize. *Bull. Conn. Agr. Exp. Sta.* Num. 465:705-726

CRUIDEN, Dorothy (1949).- The computation of inbreeding coefficients for closed populations. *J. Hered.* 40:248-251.

ARLINGTON, C.D. and KOLLER, P.C. (1947).- The chemical breakage of chromosomes. *Hereditas* 1:187-221.

ETLIEFSEN, J.A. and ROBERTS, E. (1921).- Studies on crossing over; I.- The effect of selection on crossover values. *J. Exp. Zool.* 32:333-354.

DOBZHANSKY, Th., HOLZ, A.M. and SPASSKY, B. (1942).-Genetics of natural populations; VIII.-Concealed variability in the second and the fourth chromosomes of *Drosophila pseudoobscura* and its bearing on the problem of heterosis. *Genetics* 27:463-490.

DUBININ, N.P. and TINIAKOV, G.G. (1947).- Natural selection in experiment with population inversions. *J. Genet.* 48:11-15.

EAST, E.M. (1936).- Heterosis. *Genetics* 21:375-397.

FISHER, Ronald A. (1946).- Statistical Methods for Research Workers. 10th. Ed. London: Oliver and Boyd. XV+354 pages.

FISHER, Ronald A. and YATES, F. (1947).- Statistical Tables for Biological, Agricultural and Medical Research. 3rd Ed. London: Oliver and Boyd.

RAUTBARD, M.A. (1932).- Inversion in *Drosophila melanogaster*. *Genetics* 17: 81-105.

WALDANE, J.B.S. and CREW, F.A.E. (1925).- Change of linkage in poultry with age. *Nature* 115:641.

WENSSON, Holge (1944).- Meiotic aberrations and sterility in *Alopocurus myosuroides* Huds. *Hereditas* 30:469-566.

NES, Donald F. (1917).- Dominance of linked factors as a means of for heterosis. *Genetics* 2:466-479:

NES, Donald F. (1918).- The effects of inbreeding and crossbreeding upon development. *Bull. Conn. Agr. Exp. Sta.* No. 227. 100 pages and 12 lams.

Robert (1936).- Cytological studies on inbred rye. *Hereditas* 22:217-240.

-L'HERITIER, Ph. (1951).--The CO₂ sensitivity problem in *Drosophila*.
Gold Spring Harbor Symp. Quant. Biol. 16:99-112.

-MATHER, Kennet (1938).--The Measurement of Linkage in Heredity. London:
Methuen and Co. X+132 pages.

-MAVOR, James W. (1923).--An effect of X rays on the linkage of Mendelian
characters in the first chromosome of *Drosophila*. *Genetics* 8:
355-366.

-MAVOR, James W. (1929).--The effect on crossing over and non-disjuncti-
on of X-raying the anterior and posterior halves of *Drosophila*
pupae. *Genetics* 14:129-159.

-MAVOR, James W. and SVENSON, H.K. (1924) a.--An effect of X rays on the
linkage of Mendelian Characters in the second chromosome of
Drosophila melanogaster. *Genetics* 9:70-89.

-MAVOR, James W. and SVENSON, H.K. (1924) b.--A comparison of the effects
of X rays and temperature on linkage and fertility in *Droso-*
phila. *Genetics* 9:588-608.

-MICHAELIS, P. (1951) .-- Interactions between genes and cytoplasm in
Epilobium. Gold Spring Harbor Symp. Quant. Biol. 16:121-129.

ORGAN, Lilian V. (1922).--Non-criss-cross inheritance in *Drosophila*
melanogaster. *Biol. Bull.* 42:267-274.

TORGAN, T.H. (1914).--No crossing over in the male of *Drosophila* of ge-
nes in the second and third pairs of chromosomes. *Biol. Bull.*
26:195-204.

NITZING, Arno (1945).--On the causes of inbreeding degeneration. *Arch.*
Julius Klaus Stiftung 20:153-163.

MTZING, Arno and AKDIK, Sara (1948).--Cytological disturbances in the first inbred generations of rye. Hereditas 34:485-509.

-MUNTZING, Arno and PRAKKE, R. (1941).--Chromosomal aberrations in rye populations. Hereditas 27:273-308.

-NEEL, James V. (1941).--A relation between larval nutrition and the frequency of crossing over in the third chromosome of *Drosophila melanogaster*. Genetics 26:506-516.

-ODRIONZOLA, Miguel (1945).--Estudios en el cobadero de Porriño; I.--Alrededor de una piara cerrada. Pontevedra: Misión Biológica de Galicia, Trabajos Experimentales. 115 pags.

-PATTERSON, D.D. (1939).--Statistical Technique in Agriculture Research. New York: McGraw Hill and Co. X+263 pags.

PLOUGH, Harold H. (1917).--The effect of temperature on crossing over in *Drosophila melanogaster*. J. Exp. Zool. 24:147-209.

PLOUGH, Harold H. (1921).--Further studies on the effect of temperature on crossing over. J. Exp. Zool. 32:187-202.

PLOUGH, Harold H. (1924).--Radium radiations and crossing over. Amer. Nat. 58:85-87.

PLOUGH, Harold H. and IVES, Philip T. (1935).--Induction of mutations by high temperature in *Drosophila*. Genetics 20:42-69.

PRAKKE, R. and MUNTZING, Arno (1942).--Ameiotic peculiarity in rye, simulating a terminal centromere. Hereditas 28:441-482.

SCHWEITZER, Morton D. (1935).--An analytical study of crossing over in *Drosophila melanogaster*. Genetics 20:497-527.

Edição do Autor. 2 Vols de 926 pages en total.

-SIENNOT, Edmund W., DUNN, Leslie C. and DOBZHANSKY, Th. (1950). - Principles of Genetics. 4th Ed. New York: McGraw Hill and Co. XIV+505 pages.

-SMITH, Thomas L. (1938). - Genetical studies on the wax moth *Galleria mellonella* Linn. Genetics 23:115-137.

-SNEDECOR, G.W. (1946). - Statistical Methods applied to experiments in Agriculture and Biology. 4th Ed. Ames (Iowa): The Iowa State College Press. XVI+ 485 pages.

-SONNEBORN, T.M. (1951). - The role of the genes in cytoplasmic inheritance. Pages 291-314 de: DUNN, Leslie C. (Ed.) (1951). - Genetics in the 20th Century. New York: Macmillan. XI+634 pages.

-SRIB, Adrian M. and OWEN, Tay D. (1952). - General Genetics. S. Francisco (California): W.H. Freeman and Co. XI+561 pages.

-STADLER, L.J. (1926). - The variability of crossing over in maize. Genetics 11:1-37.

-STERN, C. (1926). - An effect of temperature and age on crossing over in the first chromosome of *Drosophila melanogaster*. Proc. Nat. Acad. Sci. 12:530-532.

-STURTEVANT, A.H. (1919). - No crossing over in the female of the silkworm moth. Amer. Nat. 49:

-STURTEVANT, A. H. (1921). -Genetics studies on *Drosophila simulans*; II. -
Sex-linked group of genes. *Genetics* 6:43-64.

-WRIGHT, Sewall (1923). -Mendelian analysis of the pure breeds of li-
vestock; I. -The measurement of inbreeding and relationship.
II. -The Duchess family of Shorthorns as bred by Thomas Bates.
J. Herod. 14:339-348 y 405-422.

-WHITTINGHILL, Maurice (1950). -Consequences of crossing over in oögo-
nial cells. *Genetics* 35:38-43.