

ESTIMACIÓN DE COMPONENTES DE VARIANZA EN POBLACIONES AUTOFECONDADAS DE CRUZAS ENTRE PROGENITORES HOMOCIGÓTICOS NO EMPARENTADOS

ESTIMATION OF VARIANCE COMPONENTS WITH SELFED CROSSES AMONG INBRED UNRELATED PARENTS

Jaime Sahagún Castellanos

Programa Universitario de Investigación y Servicio en Olericultura. Departamento de Fitotecnia, Universidad Autónoma Chapingo. 56230 Chapingo, Edo. de México. Tel y Fax (01-595) 2-15-00 Ext. 6185. Correo electrónico: jsahagun@taurus1.chapingo.mx

RESUMEN

En las especies autóгамas la aplicación de los diseños de apareamiento para estimar componentes de varianza se ha visto restringida por las dificultades que se presentan para hacer las cruzas y producir semilla suficiente para la evaluación de campo. Una alternativa para generar semilla suficiente es la autofecundación de las cruzas. Sin embargo, el arreglo genotípico de las cruzas autofecundadas difiere del de las cruzas originales; además, los estudios teóricos que a este respecto se han hecho se han basado en el modelo de dos alelos por locus, que es insuficiente para poblaciones formadas a partir de tres o más progenitores. Este estudio se hizo para determinar el sesgo de los estimadores de la varianza aditiva $\left(\sigma_A^2\right)$ y de dominancia $\left(\sigma_D^2\right)$ derivados con base en el modelo de dos alelos con frecuencias iguales y en las cruzas autofecundadas de p progenitores. Respecto a σ_A^2 , el sesgo fue $2FD_1 + (1/4)F^2D_2$, en donde F es el coeficiente de endogamia de las cruzas autofecundadas ($F < 1$), D_1 es la covarianza entre los efectos aditivos de los genes y las desviaciones de dominancia de los genotipos formados por dos genes idénticos por descendencia, y D_2 es la varianza de estas desviaciones de dominancia. Este sesgo se hace cero para dos alelos con frecuencias génicas iguales y se incrementa cuando el gene más deseable tiene una mayor frecuencia que el otro. El estimador de σ_D^2 , en cambio, es insesgado. Otro componente estudiado fue el cuadrado de la media de la depresión endogámica. El estimador propuesto es una función del cuadrado medio del error y de las medias de los progenitores y de sus cruzas.

Palabras clave: Depresión endogámica promedio, diseños de apareamiento, covarianzas entre parientes, varianza aditiva, varianza de dominancia.

SUMMARY

It is difficult to apply mating designs in self-pollinated crops to estimate variance components, because the obtention of crosses is not easy and the amount of seeds produced for field evaluation is frequently limited. An alternative to produce enough seed is by selfing the crosses. The genotypic array of the selfed crosses, however, differs from the unselfed crosses, and the available theoretical studies are based on a two-loci model, which is not appropriate for populations formed by the crosses among three or more parents. This study was made to determine the estimator biases for the additive $\left(\sigma_A^2\right)$ and dominance $\left(\sigma_D^2\right)$ variances derived on the basis of a two-allele model and selfed crosses among p parents. For σ_A^2 the bias was $2FD_1 + (1/4)F^2D_2$, where F is the inbreeding coefficient of the selfed crosses ($F < 1$), D_1 is the covariance between the gene additive effects and the dominance deviations of the genotypes carrying alleles, which are identical by descent, and D_2 is the variance of these dominance deviations. For the two-allele case, this bias is zero if the allelic frequencies are 0.5, but it increases as $p > q$ (p is the frequency of the most desirable allele). For σ_D^2 the two-allele-model estimator is unbiased. An additional component is the square mean of the inbreeding depression; its proposed estimator is a function of the error mean square and the mean of the parents and crosses.

Index words: Average inbreeding depression, mating designs, covariance among relatives, additive variance, dominance variance.