

AVANCE GENÉTICO ESPERADO PARA APTITUD COMBINATORIA. MODELO CON ALELOS MÚLTIPLES Y PROBADORES HOMOCIGÓTICOS

EXPECTED GENETIC ADVANCE FOR COMBINING ABILITY. MULTIPLE-ALLELE MODEL AND HOMOZYGOUS TESTERS

Jaime Sahagún Castellanos

Programa Universitario de Investigación y Servicio en Olericultura, Departamento de Fitotecnia, Universidad Autónoma Chapingo. C.P. 56230 Chapingo, Edo. de Méx. Tel y Fax: (01-595) 952-1642. Correo electrónico: jsahagun@taurus1.chapingo.mx

RESUMEN

El modelo de dos alelos por *locus* puede resultar limitado para el estudio teórico de poblaciones formadas por los cruzamientos de tres o más progenitores o de poblaciones de polinización libre. Ignorar esta insuficiencia de este modelo en ocasiones puede conducir a resultados que, a su vez, pueden orientar deficientemente al fitomejorador en la conducción de un programa de mejoramiento genético. Por otra parte, la teoría clásica del mejoramiento de la aptitud combinatoria fue derivada con base en un modelo de sólo dos alelos. Este estudio se diseñó para derivar la respuesta a la selección para aptitud combinatoria (R) de una población de líneas con un coeficiente de endogamia F, alelos múltiples y probadores homocigóticos. Se encontró que la R tiene una relación directa con F y que depende de la varianza genética aditiva (σ_A^2) y de la covarianza entre los valores aditivos y las desviaciones de dominancia de los mestizos ($\sigma_{A,DMu}$). Además, el análisis efectuado mostró que $\sigma_{A,DMu}$ puede determinar la existencia de una R negativa y hacer que la varianza genética de los mestizos sea cero. El límite mínimo de $\sigma_{A,DMu}$ es $-(1/4)\sigma_A^2 - (1/2)\sigma_{DMu}^2$, donde σ_{DMu}^2 es la varianza de los mestizos. También se encontró que cuando los resultados obtenidos se expresaron en términos de sólo dos alelos, se produjo una coincidencia completa con los resultados que para este caso ya se habían derivado con un enfoque diferente. En particular, se encontró que la R es negativa si con sobredominancia positiva, $d = ka$ ($k > 1$), $[(k-1)/(2k)] < q < 1$ y si es con sobredominancia negativa, $d = ka$ ($k < -1$), $0 < q < [(k+1)/(2k)]$. Aquí, q, d y a representan la frecuencia de A₂ y los valores genotípicos de A₁A₂ y A₁A₁, respectivamente.

Palabras clave: Mejoramiento genético vegetal, covarianza entre valores aditivos y desviaciones de dominancia, varianza de mestizos, regresión de progenies de líneas sobre mestizos.

SUMMARY

The model for two alleles at a *locus* might be limited for the theoretical study of open pollinated populations and populations derived from the crosses among three or more parents. Ignoring this drawback in such model can mislead the plant breeders in their programs. On the other hand, the classical theory of breeding for combining ability was derived from the basis of models of two alleles per *locus*. This study was designed to derive the response to selection for combining ability of a population of lines with multiple alleles, an inbreeding coefficient F, and homozygous testers. It was found that the response to selection (R) and F are directly related and that R depends on the additive variance (σ_A^2) and the covariance between additive values and dominance deviations of the testcrosses ($\sigma_{A,DMu}$). In addition, it was determined that $\sigma_{A,DMu}$ can produce a negative response to selection and a zero value for the genetic variance of the testcrosses. The minimum value for $\sigma_{A,DMu}$ is $-(1/4)\sigma_A^2 - (1/2)\sigma_{DMu}^2$, where σ_{DMu}^2 is the genotypic variance of the testcrosses. It was also found that when the results derived in this study were expressed in terms of the model for two alleles, there was a complete agreement relative to those already obtained for the two-allele model with a different approach. Particularly, it was found that R is negative when, with positive overdominance, $d = ka$ ($k > 1$), $[(k-1)/(2k)] < q < 1$, and when with negative overdominance, $d = ka$ ($k < -1$), $0 < q < [(k+1)/(2k)]$. Here q, d, and a are the frequency of A₂ and the genotypic values of A₁A₂ and A₁A₁, respectively.

Index words: Plant breeding, covariance between additive values and dominance deviations, variance of testcrosses, regression of progenies of lines on their testcrosses.