

ESTIMACIÓN POR MÁXIMA VEROSIMILITUD RESTRINGIDA DE COMPONENTES DE VARIANZA Y COVARIANZA DE MÚLTIPLES CARACTERÍSTICAS BAJO LOS DISEÑOS I Y II DE CAROLINA DEL NORTE

RESTRICTED MAXIMUM LIKELIHOOD ESTIMATION OF VARIANCE AND COVARIANCE COMPONENTS OF MULTIPLE TRAITS UNDER DESIGNS I AND II OF NORTH CAROLINA

Jaime Galán Caballero¹, Efraín Jiménez Pablo¹ y Cuauhtémoc Cervantes Martínez^{2*}

¹ Departamento de Estadística, Universidad Autónoma Chapingo. Km. 38.5 Carr. México-Texcoco. C.P.56230. Chapingo, Estado de México. ² División de Ciencias Forestales. Correo electrónico: c_cervan@taurus1.chapingo.mx Tel: 01(595) 952-1500 Ext. 5492.

* Autor responsable

RESUMEN

En el presente estudio se describe el método de estimación por máxima verosimilitud restringida (REML) de componentes de varianza y covarianza con los Diseños I y II de Carolina del Norte, cuando dos o más variables son observadas en cada unidad experimental. Aunque REML es altamente demandante de recursos computacionales, los equipos modernos disponibles permiten su implementación. REML se basó en el desarrollo de los modelos mixtos para múltiples características para ambos diseños, al considerar la misma matriz diseño para todas las variables y conjuntos de datos balanceados. Junto con las ecuaciones de máxima verosimilitud restringida y las matrices de varianza-covarianza, se obtuvieron los estimadores de REML de la correlación fenotípica y genotípica de cada diseño, y sus varianzas aproximadas según el método Delta. Los modelos desarrollados en este trabajo contribuyen, como parte de la base teórica, a implementar la estimación de REML de caracteres múltiples en el mejoramiento genético vegetal.

Palabras clave: Diseños genéticos, mejoramiento genético, efectos aleatorios, método de momentos, correlación fenotípica, correlación genotípica, método delta.

SUMMARY

A method for estimating variance and covariance components by restricted maximum likelihood (REML) under Designs I and II of North Carolina when two or more variables are observed on each experimental unit, is described in this study. Even though REML requires a large amount of computational resources, it can be implemented given the current availability in modern equipments. REML is based on the mixed models development for multiple trait situations for both mating designs, considering the same matrix design for all traits and balanced data. In addition to the restricted maximum likelihood equations and the variance-covariance matrices, the REML estimators of the phenotypic and genotypic correlations, and their approximated variances by the Delta method are developed. The models described in this study are part of the theoretical basis for the multiple trait REML estimation in plant breeding.

Index words: Genetic designs, plant breeding, random effects, moments method, phenotypic correlation, genotypic correlation, delta method.