

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

### EXPECTED GENETIC ADVANCE FOR COMBINING ABILITY. MULTIPLE-ALLELES MODEL AND HETEROZYGOUSTESTERS

Jaime Sahagún Castellanos

<sup>1</sup> Universidad Autónoma Chapingo, Departamento de Fitotecnia. Km. 38.5 Can. México-Texcoco, Chapingo, Estado de México. Tel. y Fax 01 (595) 952 1500 Ext. 6185.

#### RESUMEN

La teoría de la predicción de la respuesta a la selección para aptitud combinatoria (R) ha sido basada en un modelo de dos alelos por *locus*. Cuando por su origen, una población no sea compatible con este modelo, la predicción de la respuesta a la selección puede ser errónea y cancelar la oportunidad de estudiar el mecanismo de la acción génica asociada al multialelismo. En este trabajo se estudió la R derivada con base en un modelo de alelos múltiples para la población base (PB) y un individuo heterocigótico de genotipo  $A_1A_2$  (H) como probador. Se encontró que: 1) Para PB la covarianza de la regresión de progenies obtenidas por la recombinación de líneas seleccionadas (PR) sobre los mestizos (M) y la varianza genética de los mestizos ( $\sigma_M^2$ ) fueron iguales y sólo involucraron la varianza aditiva ( $\sigma_A^2$ ) y R siempre fue positiva; 2) Para H, la covarianza de la regresión incluyó  $\sigma_A^2$  y dos covarianzas entre valores aditivos y desviaciones de dominancia de mestizos. Estas covarianzas pueden producir valores negativos, de R. Además de los tres parámetros anteriores,  $\sigma_M^2$  incluyó dos varianzas de desviaciones de dominancia de mestizos ( $\sigma_{DMu}^2$  y  $\sigma_{DMv}^2$ ) la covarianza  $\sigma_{DMu,DMv}$ ; 3). Con sólo acción génica aditiva los dos probadores produjeron la misma R, y 4). Cuando los resultados del modelo con multialelismo se redujeron al caso de dos alelos, en general se produjo la misma información que ya se conocía para dos alelos. Además, se encontró que la R es negativa si con sobredominancia positiva,  $d = ka$  ( $k > 1$ ),  $[(1+k)/(2k)] < p < 1$  y si con sobredominancia negativa  $d = ka$  ( $k < -1$ ),  $0 < p < [(1+k)/(2k)]$ . Aquí, p, d y a son la frecuencia de A1 y los valores genotípicos de  $A_1A_2$  y  $A_1A_1$ , respectivamente.

**Palabras clave:** Mejoramiento genético vegetal, covarianza entre desviaciones de dominancia, varianza fenotípica, regresión de progenies sobre progenitores.

#### SUMMARY

Theory of prediction of response to selection for combining ability (R) has been derived from a two-allele model. When there is no correspondence between the population under improvement and this model, prediction of R may be misleading and can cancel the opportunity to study the gene action mechanism associated to multiallelism. In this study R was derived according to a model with multiple alleles, the base population (BP) and a heterozygous genotype (H) as testers. It was found that: 1) For BP the covariance of the regression of progeny produced by the recombination of selected times (PR) on the testcrosses (M) and the genetic variance of the testcrosses ( $\sigma_M^2$ ) were equal, involving only additive variance ( $\sigma_A^2$ ) and R was always positive; 2) For H the covariances of the regression included  $\sigma_A^2$  and two covariances between additive values and dominance deviations from testcrosses. These covariances may cause negative values of R. Besides the three previous parameters,  $\sigma_M^2$  was composed by two variances of testcross dominance deviations ( $\sigma_{DMu}^2$  and  $\sigma_{DMv}^2$ ) and the covariance of these deviations; 3) With only additive gene action R was the same for the two testers, and 4) When the results from multiallelism were reduced to the case of two alleles, in general the information already known for this case was obtained. In addition, it was found that R is negative if with positive overdominance,  $d = ka$  ( $k > 1$ ),  $[(1+k)/(2k)] < p < 1$  and if with negative overdominance,  $d = ka$  ( $k < -1$ ),  $0 < p < [(1+k)/(2k)]$ . Here p, d, and a are the frequency of A1, and the genotypic values of  $A_1A_2$  and  $A_1A_1$ , respectively.

**Index words:** Plant breeding, covariance between dominance deviations, phenotypic variance, parent-offspring regression.