

ESTIMACIÓN BAYESIANA DE MAPAS GENÉTICOS.

M. Alacreu¹, A. M. Mayoral², J. Morales², E. A. Carbonell¹ y M. J. Asíns¹

¹Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA), Valencia, España.

²Centro de Investigación Operativa, Unidad de Aplicaciones Estadísticas,
Universidad Miguel Hernández, Elche, España.

El desarrollo de los marcadores moleculares está ayudando a la comprensión de los resultados derivados de la herencia cuantitativa y a una mayor eficacia de las técnicas de mejora genética en la agricultura. Una estrategia de gran importancia, como es la selección asistida por marcadores en los programas de mejora, se basa en la detección de factores responsables de la variación de los caracteres cuantitativos a mejorar (QTLs). La localización de QTLs se fundamenta en la correcta estimación del mapa genético que define a la población en cuestión.

Se ha desarrollado un modelo bayesiano que proporciona la estimación multipunto del mapa genético. Asimismo esta propuesta aporta un resultado que las técnicas clásicas no son capaces de ofrecer, como es la asignación de una probabilidad a cada mapa genético estimado que valora su credibilidad.

Con el objetivo de comprobar la eficacia del método se han estudiado las distribuciones en el muestreo de las medias posteriores de las fracciones de recombinación así como de los diferentes órdenes de los marcadores en el mapa, en diseños Retrocruce y F₂, sobre diferentes tamaños de muestra. Se compararon los resultados con los obtenidos con metodologías frecuentistas implementadas en paquetes informáticos ampliamente usados.