

**BV35. Comparación de diferentes medidas de parentesco basadas en la noción de identidad por descendencia e identidad por estado en una población de selección de *Eucalyptus dunnii***

Jurcic, E.J. (1,2)\*; Villalba, P.V. (2,3); Pathauer, P.S. (1); Palazzini, D.A. (1); Oberschelp, G.P.J (4); Harrand, L. (4), García, M.N. (2,3); Aguirre, N.C. (2,3); Acuña, V.V. (3); Martínez, M.C. (3); Rivas, J.G. (2,3); Cisneros, E.F. (5); López, J.A. (6); Marcucci Poltri, S.N. (3); Munilla, S. (7,2); Cappa, E.P. (1,2).

(1) Instituto de Recursos Biológicos, INTA, Argentina. (2) CONICET, Argentina. (3) Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular, UEDD INTA-CONICET, Argentina. (4) Estación Experimental Agropecuaria Concordia, INTA, Argentina. (5) Facultad de Ciencias Forestales, UNSE, Argentina. (6) Estación Experimental Agropecuaria Bella Vista, INTA, Argentina. (7) Facultad de Agronomía, UBA, Argentina.

\*[jurcic.esteban@inta.gob.ar](mailto:jurcic.esteban@inta.gob.ar)

La estimación de parámetros genéticos y la predicción de los valores de mejora en un programa de mejoramiento forestal requieren de una medida precisa de la similitud genética entre los árboles de la población. Las medidas que se utilizan tradicionalmente se basan en la noción de identidad por descendencia (IBD), definida como la probabilidad de que los alelos de un par de individuos desciendan de un ancestro en común y calculada mediante la información del pedigrí. La reciente disponibilidad de paneles de marcadores moleculares de alta densidad permite estimar también la similitud genética sin emplear información de pedigrí. En este caso, las medidas se basan en la noción de identidad por estado (IBS), la cual hace referencia a alelos que son iguales, independientemente de si son heredados de un antepasado reciente o no, y han sido ampliamente empleadas en selección genómica de especies forestales. En cambio, otras medidas de similitud basadas también en marcadores pero que tienen en cuenta el proceso IBD han sido menos estudiadas. El objetivo de este trabajo fue obtener y comparar diferentes medidas de IBD e IBS, computar matrices de relaciones genómicas (G) con ellas, y contrastarlas respecto a cómo recuperan la estructura genética. Para ello, se utilizaron 642 árboles de 75 familias de polinización abierta del programa de mejoramiento de *Eucalyptus dunnii* del Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, genotipados con 11.284 SNPs (EUChip60k). Las dos medidas IBD empleadas se basan en un modelo oculto de cadenas de Markov que incorpora información de la posición de los marcadores y el desequilibrio de ligamiento entre ellos (GHA-G) y, adicionalmente, la información de pedigrí (GHA). Las matrices de medidas IBS incluyeron dos métodos basados en correlaciones genéticas pero escaladas de forma distintas (GVR y GY). Uno de ellos (GY), evita reducir la información de los SNP de los alelos con baja frecuencia. Para los individuos relacionados, los métodos IBS mostraron, en promedio, coeficientes

más elevados ( $GVR = 0,291$  y  $GY = 0,290$ ) que los basados en IBD ( $GHA-G = 0,270$  y  $GHA = 0,261$ ). La misma tendencia se observó para el desvío estándar (DE) de estas medidas: los valores basados en IBS fueron consistentemente mayores ( $GVR = GY = 0,092$ ) que los basados en IBD ( $GHA = 0,055$  y  $GHA-G = 0,086$ ). En promedio, el DE de las relaciones basadas en IBS fue un 30,5% mayor que aquellas basadas en IBD. Para individuos no emparentados, los valores de las cuatro medidas fueron, en promedio, cercanos al valor esperado de cero. Sin embargo, sus DE mostraron el mismo patrón que para individuos relacionados. Las medidas IBD mostraron una conexión menor ( $GHA-G$ ) o nula ( $GHA$ ) entre árboles de familias de las mismas procedencias y menor agrupación de familias de la misma procedencia que las matrices IBS. En conclusión, aunque las medidas IBD permitieron mejorar la precisión de las relaciones de parentesco, capturaron menor estructura poblacional que las medidas IBS.