

## **BV68. Predicción de metabolitos secundarios en árboles de *Eucalyptus* mediante modelos de genotipificación y fenotipado de alto rendimiento**

Mora-Poblete, F.\*; Basoalto, L.; Ahmar, S.; Ballesta, P.

Universidad de Talca, Chile. \*[morapoblete@gmail.com](mailto:morapoblete@gmail.com)

Las plantas producen metabolitos secundarios que les permiten llevar a cabo funciones celulares esenciales para los procesos fisiológicos. De hecho, el metabolismo secundario en las plantas es un mecanismo de adaptación y evolución como defensa frente a los factores ambientales que inducen el estrés. En el presente resumen, se muestran los resultados de un estudio de predicción de prolina, azúcares totales (AT) y glucósidos cianogénicos (HCN) en árboles de *Eucalyptus cladocalyx* cultivados en condiciones de aridez del norte de Chile. Para ello, se muestrearon hojas maduras frescas, y completamente expandidas, de más de 300 árboles individuales, en las cuales se extrajeron los metabolitos secundarios. Se utilizaron modelos de predicción genómica basados en regresión BRR (Bayesian Ridge Regression) para estimar los efectos de polimorfismos de nucleótido único (SNP) y bloques de haplotipos. Adicionalmente, se midió la reflectancia espectral de las muestras de hojas en un rango espectral de 350–2500 nm. Desde el punto de vista genómico, los modelos de predicción basados en haplotipos tuvieron un poder predictivo mayor que el enfoque basado en SNP para HCN. Predicciones basadas en haplotipos, tuvieron un poder predictivo de 0,47, 0,65 y 0,71, para HCN, prolina y AT, respectivamente. El poder predictivo fue al menos un 25% superior para HCN con el uso de los modelos de predicción basado en la reflectancia espectral, mostrando un mejor ajuste que las predicciones basadas en genómica. Como conclusión, se destaca la importancia de utilizar un enfoque integrativo de predicción, basados en genómica y fenómica, para obtener mejores ajustes de los modelos predictivos.