

**BV69. Análisis de asociación de todo el genoma en *Eucalyptus grandis* para la identificación de loci de caracteres complejos: crecimiento, calidad y composición química de la madera**

García, M.N.\* (1); Aguirre, N.C. (1); Villalba, P.V. (1); Rivas, J.G. (1); Acuña, C.V. (1); Martínez, M.C. (1); Carreras, R. (2); Morán, M. (3); Arévalos, C. (3); Elizaul, J. (3); Hopp, H.E. (1); Rodrigues, J.C. (4); Grattapaglia, D. (5); Cisneros, E.F. (2); Marcucci Poltri, S.N. (1).

(1) Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABIMO), Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria y Consejo Nacional de Investigaciones Científica y Técnicas (INTA-CONICET), Hurlingham, Pcia. Buenos Aires, Argentina. (2) Universidad Nacional de Santiago del Estero (UNSE), Santiago del Estero, Argentina. (3) Desarrollos Madereros, Pomera SA, Paraguay. (4) Centro de estudos Florestais, Instituto Superior de Agronomia, Universidade de Lisboa, Lisboa, Portugal. (5) Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA), Recursos Genéticos y Biotecnología, Brasília, Brasil. \*[garcia.martin@inta.gob.ar](mailto:garcia.martin@inta.gob.ar)

*Eucalyptus grandis* es una de las especies más importantes en todo el mundo en las plantaciones forestales para la producción de madera dura, gracias a su rápido crecimiento, buena adaptabilidad y múltiples usos de su madera (papel, celulosa, madera sólida). Es originaria de Australia y tiene una amplia distribución en zonas tropicales y subtropicales del mundo.

Los estudios de asociación de todo el genoma (GWAS) aportan valiosa información decodificando las relaciones entre la variación de la secuencia y los fenotipos complejos, superando al mapeo clásico de locus de rasgos cuantitativos (QTL) mediante cruzamientos biparentales. El mapeo por GWAS permite mapear variaciones genotípicas responsables de los rasgos importantes gracias a las recombinaciones históricas de la población. En particular para especies forestales, posibilita identificar regiones genómicas implicadas en rasgos costosos o difíciles de medir y que tienen relevancia comercial para continuar con los programas de mejora que requieren más tiempo que las especies vegetales de interés agronómico.

En este estudio, se realizó un análisis de GWAS para cuatro rasgos de crecimiento (DAP: diámetro a la altura de pecho, corteza, forma y rajado) y seis caracteres de composición química de la madera (extractivos totales, extractivos etanólicos, relación siringilo/guayacilo de lignina, lignina total, celulosa, hemicelulosa) evaluados mediante espectroscopia NIR (*Near Infrared*) en una población clonal de *E. grandis* perteneciente a la empresa Desarrollos Madereros S.A. (Paraguay). Se analizaron 689 árboles plantados en seis sitios, con 23400 árboles, con un diseño de fila por columna y cinco réplicas (diseño en quíntuple tree plot con 6 réplicas). La misma fue genotipada con el

sistema de alta densidad de marcadores EuChip60K de 60.000 SNPs, resultando en 20634 SNP luego de filtrar por  $MAF > 0,05$  y datos perdidos  $< 10\%$ . Los datos perdidos fueron imputados mediante BEAGLE. El análisis de GWAS se realizó mediante un modelo lineal mixto, que incorporó la estructura de la población evaluada utilizando Structure 2.3.4, siendo  $K=3$  el valor más probable, definido por DK. Mediante este análisis se detectaron 15 asociaciones únicas de SNP que explicaron individualmente el 2,23-4,11% de la varianza fenotípica observada. En comparación con los QTLs mapeados previamente disponibles en la literatura, estos resultados destacaron regiones genómicas nuevas. En ese sentido, se realizó un análisis de las regiones genómicas adyacentes empleando la herramienta BLASTX de Phytozome, detectando genes candidatos ya descritos como implicados en las características evaluadas. Este conocimiento de los QTLs descubiertos y genes identificados puede ser incluido en los modelos de predicción genómica para los caracteres evaluados y acelerar los programas de mejoramiento.