

BV72. Selección genómica en *Eucalyptus dunnii*: comparación de predicciones obtenidas empleando una estrategia de Genotipado por secuenciación y el sistema comercial de SNP EuChip60K

Aguirre, N.C. (1)*; Villalba, P.V. (1); Filippi, C.V. (1); Rivas, J.G. (1); García, M.N. (1); Acuña, C.V. (1); Martínez, M.C. (1); López, J.A. (2); López, A.J. (2); Pathauer, P. (3); Palazzini, D. (3); Harrand, L. (4); Oberschelp, J. (4); Marcó, M. (4); Cisneros, E.F. (5); Carreras, R. (5); Rodrigues, J.C. (6); Cappa, E.P. (3); Norma, N.B. (1); Hopp, H.E. (1); Grattapaglia, D. (7); Marcucci Poltri, S.N. (1).

(1) Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular, UEDD INTA-CONICET, Argentina. (2) Estación Experimental INTA Bella Vista, INTA, Argentina (3) Instituto de Recursos Biológicos, CIRN, INTA, Argentina. (4) Estación Experimental INTA Concordia, INTA, Argentina (5) Universidad Nacional de Santiago del Estero (UNSE), Argentina (6) Centro de Estudos Florestais, Instituto Superior de Agronomia, Universidade de Lisboa, Portugal (7) Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA), Brasil.
[*aguirre.nataliacris@gmail.com](mailto:aguirre.nataliacris@gmail.com)

Eucalyptus dunnii Maiden ha cobrado mayor relevancia a nivel mundial en los últimos años por combinar crecimiento, rectitud de fuste y buenas cualidades para pulpa para papel con potencial para otros usos; siendo una alternativa en áreas templadas y con mayor frecuencia de heladas.

En Argentina, el INTA desde 1991 cuenta con un Programa de Mejoramiento Genético para la especie de amplia base genética y actualmente ofrece al sector productivo semilla mejorada localmente para crecimiento y rectitud de fuste. La estrategia de Selección Genómica (SG) permite predecir fenotipos a partir de modelos que emplean datos genómicos y fenotípicos (GBLUP) e incluyendo el pedigrí (ssGBLUP).

En este trabajo se genotiparon 280 árboles de una población de *E. dunnii* de 1520 árboles, aplicando un sistema comercial de 60.000 SNPs (EuChip60K) y una estrategia de Double digest Restriction-site associated DNA sequencing (ddRADseq) puesta a punto para esta especie en particular; obteniendo 8.170 (ddRADSeq) y 19.045 (EUChip60K) SNPs (datos perdidos por SNP <20%, MAF > 0,01, LD: $r^2 > 0,2$).

Se compararon los desempeños de ambas metodologías de genotipificación para GBLUP y ssGBLUP sobre 14 caracteres relacionados con crecimiento y propiedades químicas de la madera. Para cada modelo se aplicaron 10 validaciones cruzadas (90:10) y se compararon (pruebas t pareadas, $p < 0,05$) los predictores de mérito genético de acuerdo con su exactitud teórica (ET) y habilidad predictiva (HP, correlación entre el fenotipo observado ajustado por efectos de diseño y el estimado) respecto de las predicciones convencionales basadas en pedigrí (ABLUP).

Los enfoques genómicos proporcionaron valores de ET promedio para los 14 caracteres más altos (ssGBLUP: ddRADseq=0,357, EUChip60K=0,343; GBLUP: ddRADseq=0,299, EUChip60K=0,289) que ABLUP (0,269), con una diferencia significativa para la mayoría de ellos (13 para ssGBLUP y 10 para GBLUP).

ABLUP presentó valores promedio mayores de HP (0,163) para todos los caracteres (ssGBLUP: ddRADseq=0,138, EUChip60K=0,145; GBLUP: ddRADseq=0,105, EUChip60K=0,111), significativos solo para 4 caracteres con ssGBLUP y para 6 con GBLUP.

Para ET con ambas predicciones genómicas, ddRADseq presentó valores significativamente mayores que EUChip60K para 4 caracteres y el EUChip60k fue mayor que ddRADseq para 2 de los caracteres. Para los valores de HP no se encontraron diferencias significativas entre ddRADseq y EUChip60K para ninguno de los caracteres y con ninguno de los modelos predictivos.

Para los modelos de SG evaluados, si bien la metodología de ddRADseq presenta limitaciones en cuanto a reproducibilidad entre experimentos, en esta población se obtuvieron resultados robustos y comparables al EUChip60K. Con un menor número de SNPs, obtenidos con un protocolo ajustado y con un filtrado estricto, por calidad y profundidad de secuenciación, es una alternativa útil, sobre todo para especies que aún no cuentan con un microarreglo propio.