

ANÁLISIS COMPARATIVO DE MÉTODOS DE PREDICCIÓN GENÓMICA EN UN CRUZAMIENTO INTRAESPECÍFICO DE *Eucalyptus grandis*

Martín García^{1,2}; Leonardo Ornella³; Eduardo Cappa^{2,4}; Pamela Villalba^{1,2}; Cintia Acuña¹; María Martínez¹; Mauro Surenciski⁵; Javier Oberschelp⁵; Leonel Harrand⁵; Juan López⁶; Elizabeth Tapia³; Susana Marcucci Poltri¹

¹ Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Instituto de Biotecnología, Centro de Investigación en Ciencias Veterinarias y Agronómicas, De Los Reseros y Dr. Nicolás Repetto s/n, 1686, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina.

² Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET).

³ Centro Internacional Franco Argentino de Sistemas de la Información (CIFASIS), Rosario, Santa Fe.

⁴ Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Instituto de Recursos Biológicos, Centro de Investigación en Recursos Naturales, De Los Reseros y Dr. Nicolás Repetto s/n, 1686, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina.

⁵ EEA-INTA Concordia. Estación Yuquerí, Ruta Provincial 22 y vías del Ferrocarril (3200), Concordia Entre Ríos.

⁶ EEA-INTA Bella Vista. Ruta 27 - Km 38,3 (3432), Bella Vista, Corrientes.

La selección genómica (SG) se basa en la estimación simultánea de los efectos de todos los marcadores disponibles a lo largo del genoma para predecir valores de cría individuales. En especies forestales hay pocos reportes en SG y la mayoría de ellos están basados en simulaciones. Se evaluó el desempeño de cuatro metodologías de SG (reproducing kernel Hilbert space, (RKHS); Ridge Regression (RR); Bayesian LASSO (BL) y Random Forest (RF), sobre un cruzamiento de *E. grandis* (3-7 clones/F1), evaluados para altura (TH), diámetro (DBH) y densidad (DB) con diferentes heredabilidades (0,35, 0,48, 0,68 respectivamente). Los análisis se realizaron sobre seis conjuntos de marcadores involucrando combinaciones de 74SSRs y 2378DArTs. Se detectaron diferencias significativas para todos los caracteres a través de todos los conjuntos de marcadores. Para todos los caracteres BL y RR tuvieron la mayor precisión, aunque RF no fue estadísticamente diferente de las dos mejores para TH y DBH. A pesar de esto, RF fue la peor metodología para todos los conjuntos de marcadores para DB. En general, la precisión fue mejorada a mayor número de marcadores y a mayor heredabilidad del carácter. La adecuación de los cuatro métodos evaluados y conjuntos de marcadores utilizados, estuvo condicionada por la arquitectura genética del carácter.