
ANÁLISIS LONGITUDINAL DE *LOCI* DE CARACTERÍSTICAS CUANTITATIVAS

CARLOS ERNESTO MALDONADO MUÑOZ
INGENIERO EN BIOINFORMÁTICA

RESUMEN

La selección asistida por marcadores moleculares (MAS; *Marker Assisted Selection*) es considerada una alternativa viable en los programas de mejoramiento genético vegetal, a partir de su eficiencia en la selección de rasgos con un alto índice de dificultad y costos en su medición. Diversas características de interés económico en programas de mejoramiento se denominan como cuantitativas debido a su origen poligénico, por lo tanto, su expresión está determinada por el efecto aditivo de cada uno de los genes participantes. La expresión de estas características puede cambiar durante el periodo de cultivo, principalmente en plantas leñosas o perennes. Es por ello que el presente estudio analizó los *loci* de características cuantitativas (QTL; *Quantitative Trait Loci*) que controlan el crecimiento de *Eucalyptus cladocalyx*, y también se midió su estabilidad a través del tiempo, para una posterior selección temprana de árboles asistida por marcadores moleculares. Cuarenta y siete familias de medios hermanos de *Eucalyptus cladocalyx*, establecidas en un ensayo localizado en Tunga Norte (Illapel, Chile), fueron utilizadas para detectar las regiones genéticas asociadas a las características fenotípicas de interés (crecimiento en altura y diámetro a la altura del pecho). La base genética de las características de interés, se pudo comprender mejor mediante el uso de medidas repetidas en el tiempo. El análisis longitudinal mediante un modelo lineal de efectos mixtos, determinó que los *loci* EMBRA32, EMBRA61, EMBRA191 y EMBRA208 se encuentran asociados a las características de interés, explicando entre el 3.7 y 20.7 % de la variación fenotípica observada. Tres de los cuatro *loci* presentan una estabilidad en el tiempo, y podrían ser considerados en futuros programas de mejoramiento genético. La estructura genética de *E. cladocalyx* se estimó en base a Redes Neuronales Artificiales con el programa SOTA, el que determinó la existencia de tres grupos genéticamente diferenciados. Comparativamente, un análisis con el modelo Bayesiano empleado en el software STRUCTURE, ratificó lo expuesto por

SOTA, demostrando de esta forma la viabilidad del uso de Redes Neuronales en la predicción de estructura genética. 9

ABSTRACT

The molecular Marker Assisted Selection (MAS) is considered a viable alternative in plant breeding programs, based on their efficiency in selecting traits with a high degree of difficulty and cost of measurement. Diverse characteristics of economic interest in breeding programs are referred to as quantitative due to its polygenic origin, therefore, its expression is determined by the additive effect of each of the genes participants. The expression of these characteristics can change during the cultivation period, mainly in woody or perennial plants. That is why this study analyzed the Quantitative Trait *Loci* (QTL) that control the growth in *Eucalyptus cladocalyx*, and also was measured its stability through time for a subsequent early selection of trees assisted molecular marker. Half-sib families of *Eucalyptus cladocalyx* established in an trial located in Tunga Norte (Illapel, Chile), they were used to detect genetic regions associated the phenotypic characteristics of interest (growth in height and diameter at breast height). The genetic basis of the characteristics of interest, it may best be understood through use repeated measures in time. The longitudinal analysis using a linear mixed-effects model determined that the *loci* EMBRA32, EMBRA61, EMBRA191 and EMBRA208 are associated to the characteristics of interest, explaining between 3.7 and 20.7% of the phenotypic variation observed. Three of the four loci present a stability over time, and could be considered in future breeding programs. The genetic structure of *E. cladocalyx* was estimated based on Artificial Neural Networks with the SOTA program, that determined the existence of three genetically distinct groups. Comparatively, a Bayesian analysis model used in the STRUCTURE software, ratified the exposed by SOTA, thus demonstrating the feasibility of using neural networks in predicting genetic structure.