

## ÍNDICE DE MATERIAS

RESUMEN.....	viii
ABSTRACT .....	x
I. INTRODUCCION .....	12
1.1 Presentación del problema.....	12
1.2 Propuesta de estudio .....	14
1.3 Género <i>Eucalyptus</i> en el contexto mundial y nacional.....	17
1.4 Mejoramiento genético forestal para la selección de árboles fenotípicamente superiores..	18
1.5 El descubrimiento de polimorfismos de nucleótido único (SNPs) habilita diferentes campos de estudios en plantas .....	17
1.6 Selección genómica, una extensión de los métodos de BLUP para maximizar el poder de predicción de características fenotípicas .....	18
1.7 Factores que determinan la precisión de los modelos de predicción genómica .....	22
1.8 La detección de alelos en estrecho desequilibrio de ligamiento (DL) permite optimizar la precisión los modelos de predicción genómica .....	26
1.9 HIPÓTESIS .....	30
1.10 OBJETIVOS.....	31
2. CAPÍTULO II: SELECCIÓN GÉNOMICA BASADA EN HAPLOTIPOS Y SNPS, DE DOS POBLACIONES DE <i>EUCALYPTUS</i> QUE DIFIEREN EN SU ESTRUCTURA GENÉTICA E HISTORIAL DE SELECCIÓN .....	32
2.1 INTRODUCCION.....	32
2.2 MATERIALES Y MÉTODOS.....	34
2.2.1 Características y condiciones de sitio del ensayo <i>E. globulus</i> .....	34
2.2.2 Mediciones fenotípicas evaluadas en <i>E. globulus</i> .....	35
2.2.3 Características y condiciones de sitio del ensayo <i>E. cladocalyx</i> .....	36

2.2.4 Mediciones fenotípicas evaluadas en <i>E. cladocalyx</i> .....	38
2.2.5 Genotipado de árboles mediante polimorfismos de nucleótido único (SNPs) .....	38
2.2.6 Estimación del desequilibrio de ligamiento y construcción de bloques de haplotipos ....	38
2.2.7 Predicción basada en pedigrí y datos genómicos .....	40
2.2.8 Estimación de parámetros genéticos.....	42
2.2.9 Comparación del poder predictivo y bondad de ajuste de los modelos de predicción genómica .....	43
2.3 RESULTADOS .....	43
2.3.1 Representatividad del arreglo SNP60K en <i>E. globulus</i> y construcción de bloques de haplotipos .....	43
2.3.2 Representatividad del arreglo SNP60K en <i>E. cladocalyx</i> y construcción de bloques de haplotipos .....	45
2.3.3 Estimación de parámetros genéticos basados en pedigrí y datos genómicos de <i>E. globulus</i> .....	47
2.3.4 Estimación de parámetros genéticos basados en pedigrí y datos genómicos de <i>E. cladocalyx</i> .....	50
2.3.5 Poder predictivo de modelos de predicción genómica en <i>E. globulus</i> .....	52
2.3.6 Poder predictivo de modelos de predicción genómica en <i>E. cladocalyx</i> .....	55
2.3.7 Evaluación del mejor modelo de predicción genómica para características fenotípicas en <i>E. globulus</i> .....	57
2.3.8 Evaluación del mejor modelo de predicción genómica para características fenotípicas en <i>E. cladocalyx</i> .....	58
2.4 DISCUSIÓN.....	60
2.4.1 Evaluación de la representatividad del arreglo SNP60K, en las poblaciones de <i>Eucalyptus</i> en estudio.....	60
2.4.2 Determinación y caracterización de regiones genómicas en desequilibrio de ligamiento en los dos ensayos de progenie de <i>Eucalyptus</i> .....	62

2.4.3 Estimación de la heredabilidad genómica de características fenotípicas y evaluación de los modelos de predicción basados en haplotipos y polimorfismos de nucleótido único .....	63
2.5 CONCLUSIÓN .....	70
3. CAPITULO II: Predicción genómica mediante el uso de una baja densidad de marcadores e información de pedigrí en <i>Eucalyptus cladocalyx</i> .....	71
3.1 INTRODUCCIÓN .....	71
3.2 MATERIALES Y MÉTODOS.....	73
3.2.1 Población genotipada.....	73
3.2.2 Modelos de predicción basados en SNPs e información de pedigrí.....	73
3.2.3 Estimaciones de heredabilidad .....	75
3.2.4 Evaluación de la bondad de ajuste de los modelos.....	76
3.2.5 Poder predictivo de los modelos de predicción.....	77
3.3 RESULTADOS .....	78
3.3.1 SNP significativamente asociados a características fenotípicas en <i>E. cladocalyx</i> .....	78
3.3.2 Evaluación de la bondad de ajuste y poder predictivo de los modelos de predicción.....	79
3.3.3 Estimaciones de heredabilidad .....	83
3.4 DISCUSIÓN.....	85
3.4.1 Regiones asociadas a caracteres fenotípicos en <i>E. cladocalyx</i> .....	85
3.4.2 Comparación entre modelos de predicción .....	86
3.4.3 Estimaciones de heredabilidad .....	88
3.5 CONCLUSIÓN .....	89
4. CONCLUSIONES GENERALES .....	91
5. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	93
6. ANEXO I: ESQUEMATIZACION DE LOS ENSAYOS DE PROGENIE <i>E. GLOBULUS</i> Y <i>E. CLADOCALYX</i> .....	121

7. ANEXO II: DESCRIPCIÓN SUPLEMENTARIA DE MATERIALES Y MÉTODOS ....	124
8. ANEXO III: BONDAD DE AJUSTE DE LOS MODELOS DE PREDICCIÓN GENÓMICA EN <i>E. GLOBULUS</i> Y <i>E. CLADOCALYX</i> .....	125
9. ANEXO IV: PUBLICACION RELACIONADAS AL TRABAJO DE TESIS .....	127
10. ANEXO V: OTRAS PUBLICACIONES .....	160