

Tabla de contenidos

Introducción	2
Aspectos generales	2
Selección asistida por marcadores moleculares (SAM) en <i>Eucalyptus</i>	2
Marcadores Microsatelites (SSR) y polimorfismos de nucleótido único (SNP) en <i>Eucalyptus</i>	3
Loci de característica cuantitativa (QTL) en <i>Eucalyptus</i>	4
Estudio de mapeo asociativo de genoma amplio (GWAS) basado en SNP y Haplotipos	4
Mejoramiento de <i>Eucalyptus</i> y tolerancia a la sequia	5
Base genética del desarrollo y crecimiento de la madera en Angiospermas	6
<i>Eucalyptus cladocalyx</i> tolerante a ambientes áridos y semiáridos	7
Diversidad y estructura genética de <i>E. cladocalyx</i>	8
Control genético de características de interés en <i>E. cladocalyx</i>	8
Planteamiento del problema y novedad de la propuesta	10
Hipótesis	11
Objetivo general	11
Objetivos específicos	11
Materiales y Métodos	12
Material vegetal y fenotipado	12
Evaluación fenotípica de característica cuantitativa	13
Extracción de ADN y genotipado	14
Estructura genética y análisis de parentesco genómico	14
Desequilibrio de ligamiento (LD) en el genoma de <i>E. cladocalyx</i>	14
Formación de bloques de Haplotipos	14
Asociaciones marcador-carácter y caracterización de QTL	15
Resultados	17
Diversidad fenotípica y estructura genética de <i>E. cladocalyx</i>	18
LD en el genoma completo y a nivel cromosómico en <i>E. cladocalyx</i>	19
Mapeo de regiones genómicas en LD en <i>E. cladocalyx</i>	20
Asociaciones marcador-carácter basado en SNP y Haplotipos	21
Genes candidatos para los caracteres de crecimiento y calidad de la madera	24
Discusión	28
Variabilidad fenotípica y genética	28
Estructura genética	29
Estudio de asociación de genoma completo	29
Conclusiones	32
Bibliografía	33
Anexo	48
Glosario	51

Índice de ilustraciones y tablas

Figura 1	Diseño experimental para la búsqueda de genes candidatos	13
Figura 2	Diversidad y correlación fenotípica de <i>E. cladocalyx</i>	17
Figura 3	Regiones de origen (procedencia) y estructura genética de <i>E. cladocalyx</i>	18
Figura 4	Patrón del desequilibrio de ligamiento (LD) en poblaciones de <i>E. cladocalyx</i>	19
Figura 5	GWAS basado en SNPs y Haplotipos para caracteres cuantitativos en <i>E. cladocalyx</i>	21
Figura 6	Mapa físico de las asociaciones marcador-carácter en <i>E. cladocalyx</i>	22
Figura 7	Variabilidad fenotípica de individuos con diferentes combinaciones alélicas de asociaciones marcador-carácter	23
Figura 8	Haplotipo C7HB2 dentro del gen MMT se asocia a altura de bifurcación en <i>E. cladocalyx</i>	26
Tabla 1	Poblaciones de <i>E. cladocalyx</i> presentes en el ensayo Hacienda agrícola Caracas	12
Tabla 2	Desequilibrio de ligamiento (r^2) intracromosomal en <i>E. cladocalyx</i> .	19
Tabla 3	Resumen de Haplotipos determinados en la subpoblación de <i>E. cladocalyx</i>	20
Tabla 4	Marcador asociado a característica ajustados por Bonferroni	24
Tabla 5	Marcador asociado a característica próximo a genes candidatos	25
Tabla 6	Marcador asociado a bi-carácter en <i>E. cladocalyx</i>	27
Tabla S1	SNPs asociados a caracteres según distinto <i>p-value</i>	46
Tabla S2	haplotipo asociados a caracteres según distinto <i>p-value</i>	46
Tabla S3	SNPs asociados en común entre los caracteres de calidad y crecimiento de la madera	46
Tabla S4	87 SNP asociados a 6 caracteres de crecimiento y calidad de la madera	47