

---

**DETERMINANTES GENÉTICOS DEL CRECIMIENTO Y CALIDAD DE LA  
MADERA DE EUCALYPTUS CLADOCALYX: UN ENFOQUE DE HAPLOTIPO Y  
ASOCIACIÓN DE GENOMA COMPLETO**

**CAMILO EDUARDO VALENZUELA PINTO  
DOCTORADO EN CIENCIAS  
(MENCIÓN EN INGENIERÍA GENÉTICA VEGETAL)**

**RESUMEN**

La productividad agrícola y forestal de los ecosistemas mediterráneos está siendo fuertemente amenazada por los efectos adversos del cambio climático, en los cuales se incluye el aumento de las sequías severas y cambios en la distribución de las precipitaciones. En la presente tesis, se llevó a cabo un estudio de asociación de genoma amplio (GWAS) para identificar polimorfismos nucleotídicos (SNPs) y bloques de haplotipos asociados con el crecimiento y la calidad de la madera de *Eucalyptus cladocalyx*; una especie arbórea adecuada para ambientes de baja precipitación. El estudio se realizó en un ensayo de progenie-procedencia establecido en un sitio de clima árido de tendencia mediterránea, localizado al sur del desierto de Atacama, Chile. Se aisló ADN desde tejido de hojas de 480 individuos (~10 individuos por familia; de un total de 49 familias de medios hermanos), los cuales posteriormente se genotiparon usando un arreglo de 60 mil SNPs. El genotipaje produjo 3.879 SNPs y 108 bloques de haplotipos. Se encontraron correlaciones fenotípicas significativas entre altura-diámetro, altura-densidad de la madera, y diámetro-densidad de la madera, con una significativa variación entre procedencias. Un total de 87 SNPs, y 3 bloques de haplotipos se asociaron significativamente con caracteres de crecimiento (altura, diámetro a la altura del pecho, y coeficiente de esbeltez) y calidad de la madera (altura de bifurcación, rectitud del fuste y densidad de la madera). Además, mediante una regresión Bayesiana multivariada, se identificaron 11 loci en común entre los caracteres de altura, diámetro y densidad de la madera. En general, los análisis revelaron que las asociaciones marcador-característica se localizaron a menos de 3,2 kb de distancia (y dentro) de genes relacionados principalmente con el metabolismo primario, transporte y biosíntesis de pared secundaria. Adicionalmente, se detectaron asociaciones que coincidieron con genes de

---

respuesta a estrés, tales como GEM-related 5 y Prohibitin-3. Los hallazgos aquí presentados proporcionan genes candidatos que podrían estar involucrados en el control genético de características morfológicas que se relacionan con la adaptación de árboles de Eucalyptus a ambientes áridos.

## ABSTRACT

The agricultural and forestry productivity of Mediterranean ecosystems is being strongly threatened by the adverse effects of climate change, including an increase in severe droughts and changes in rainfall distribution. In the present study, we performed a genome-wide association study (GWAS) to identify single-nucleotide polymorphisms (SNPs) and haplotype blocks associated with the growth and wood quality of *Eucalyptus cladocalyx*, a tree species suitable for low-rainfall sites. The study was conducted in a progeny-provenance trial established in an arid site with Mediterranean patterns located in the southern Atacama Desert, Chile. A total of 87 SNPs and 3 haplotype blocks were significantly associated with growth traits (total height, diameter at breast height, and slenderness coefficient) and stem quality traits (first bifurcation height, stem straightness, and wood density). In addition, eleven loci were identified to be jointly associated between height, diameter and wood density through Bayesian multivariate regression. In general, the GWAS revealed associations with genes related to primary metabolism and biosynthesis of cell wall components. Additionally, associations coinciding with stress response genes, such as GEM-related 5 and prohibitin-3, were detected. The findings of this study provide valuable information regarding genetic control of morphological traits related to adaptation of eucalyptus trees to arid environments.