

The main goal of researchers in genetic breeding programs is to select superior genotypes and recommend varieties through effective selection methods. Thus, the objective of this study was to evaluate the performance of Artificial Neural Networks (ANN) in predicting genetic values for progeny selection of *Eucalyptus* sp. For the training of ANN, 64 experiments were simulated that varied among means (5, 10, 15 and 20), heritability (10, 20, 30 and 40%) and coefficient of variation (10, 20, 30 and 40%). For validation of ANN, data from a progeny test of *Eucalyptus camaldulensis* was used. The genetic values of both the simulated and progeny data were obtained by the REML / BLUP procedure. The ANN used was a multiple layer type with three inputs (phenotype value, block means, and progeny mean), a hidden layer containing four neurons and one exit layer. The algorithm used was backpropagation. The correlation between genetic values predicted by the BLUP methodology and those obtained by ANN was 99% in the training phase and 91% in the validation stage. The good performance of ANN in the validation stage reflected in the correlation of the ordering of individuals (92%) and families (99%) of *E. camaldulensis* by the two methods. Thus, multiple layer ANN showed good performance in predicting genetic values in progeny tests of *Eucalyptus* sp. for DBH which are promising tools for selection of progenies in forest breeding programs.

A genotyping array of 3,400 Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs) advances the genetic analysis of the iconic tree *Araucaria angustifolia*, showing that the natural populations are more differentiated than previously reported

Pedro Tanno¹, Orzenil Silva-Junior², Lucileide Resende², Valderês Aparecida de Sousa³, Dario Grattapaglia^{2,4}

¹Universidade de Brasília, Brasília, Brasil; ²Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, Brasil; ³Embrapa Florestas, Colombo, Brasil;

⁴Universidade Católica de Brasília, Brasília, Brasil (tanno.pedro@gmail.com; orzenil.silva@embrapa.br; lvilelar@gmail.com; valderes.sousa@embrapa.br; dario.grattapaglia@embrapa.br)

We have developed a genotyping “chip” for the iconic and endangered *Araucaria angustifolia* tree containing 3,400 SNPs, discovered from RNAseq and RAD-sequencing data. Of these, 1,643 were polymorphic in a sample of 192 individuals from a provenance/progeny collection involving 15 populations from Brazil (SP, MG, PR and SC). These same 192 individuals were genotyped with 30 microsatellites (SSR). Analysis of the population genetic structure with SSR and SNPs revealed substantial differences in the magnitude of population differentiation: F_{st} was 0.13 with SSR and 0.28 with an equivalent number of SNPs. This pattern was maintained with different estimators (G_{st} , G_{st}^* , D_{st}) or R_{st} for microsatellites. Using all 1,643 SNPs covering the entire spectrum of allelic frequencies F_{st} was slightly higher (0.31). These results corroborate the recognized fact that the multiallelism of SSR restricts the maximum F_{st} value even in the absence of gene flow, and allele homoplasy tends to overestimate gene flow and homogeneity among populations resulting in largely underestimated population differentiation. Conversely, although bi-allelic and less informative individually, SNPs have a considerably lower mutation rate and a negligible mutation reversal rate, providing robust, accurate, genome-wide estimates of genetic differentiation. These results raise important questions about the validity of the low levels of genetic differentiation between natural populations typically reported for *Araucaria* based on microsatellites. An underestimated F_{st} has critical repercussions on inferences of genetic structure and gene flow and, more importantly, on strategic decisions about the conservation of natural populations and enrichment of germplasm banks of this ecologically keystone tree.

Determining genotype-environment interactions for precedents and progeny of *E. nitens* established in 3 trials in 2 growth areas for this species in Chile at 4 years of age / Determinación interacción genotipo-ambiente para procedencias y progenies de *E. nitens* establecidas en 3 ensayos en 2 zonas de crecimiento para la especie en Chile a los 4 años de edad

Maria Paz Molina¹, Roberto Ipinza²

¹Instituto Forestal de Chile, Bio Bio, Chile; ²Instituto Forestal de Chile, Valdivia, Chile (mmolina@infor.cl; robertoipinza@infor.cl)

Eucalyptus nitens Deane & Maiden originaria del sudeste australiano y de alto interés para el sector forestal chileno, dada su resistencia al frío y a plagas y enfermedades forestales. Actualmente hay aproximadamente 255.000 hectáreas en Chile, establecidas en su gran mayoría para la producción de pulpa. Es la especie forestal de mayor tasa de crecimiento, alcanzando hasta 400 m³/ha a los 8 años. Dados los efectos del cambio climático en Chile, se analiza la interacción genotipo-ambiente con el fin de optimizar el uso del material genético en distintas zonas de alta productividad para la especie. De modo de conocer la interacción genotipo – ambiente entre pares de ensayos se determinó la correlación tipo B, la cual era significativa entre los pares de ensayo. Luego para profundizar la interacción Sitio-Familia se seleccionó un grupo de 30 progenies para cada ensayo siendo las de mayor Ganancia Genética para la variable D2H. Posteriormente se verificó que todas estas familias estuvieran representadas en cada uno de los ensayos, encontrándose un subgrupo de 21 familias que cumplían con esta condición. Mediante gráficos se comparó el comportamiento de las familias en cada uno de los ensayos. En las variables analizadas hay una fuerte interacción de sitios sobre las familias y gráficamente se visualiza la no coincidencia de las mejores familias para los tres ensayos e incluso, se detecta que familias que son de mejor desempeño en un ensayo tienen el desempeño menor en otro.

Estimated genetic gains in bolaina blanca (*Guazuma crinita*) in forest plantations within Peruvian Amazonia / Estimación de la ganancia genética esperada de bolaina blanca (*Guazuma crinita*) en plantaciones forestales de la Amazonía Peruana

Guillermo Eduardo Gorbiz Dupuy¹, Lino Ríos¹, Victor Cornejo²

¹DIPTERYX SAC, Pucallpa, Peru; ²Restaura Peru S.A.C., Lima, Peru (guillermo@dipteryx.org; lino@dipteryx.org; victorcornejobadillo@gmail.com)

Bolaina blanca (*Guazuma crinita*) es la especie forestal maderable más plantada en la Amazonía baja del Perú, además, su madera es la principal fuente de ingresos para cientos de pequeños agricultores. Sin embargo, la productividad de *G. crinita* se mantiene aún muy por debajo de su potencial. El trabajo de investigación tuvo como objetivo estimar la ganancia genética esperada de árboles plus seleccionados para su introducción en un programa de mejoramiento genético forestal. Siguiendo la metodología propuesta por Vallejos et al. (2010), se seleccionaron 36 árboles plus según caracteres de volumen comercial y calidad de las cuatro primeras trozas. La superioridad de estos árboles plus fue validada luego de la evaluación fenotípica de cada árbol en relación a sus cuatro mejores vecinos en un radio inmediato de 15 m. Posteriormente, los árboles plus fueron clasificados en dos listas, la lista A para el árbol que presenta superioridad en volumen comercial y calidad de troza, y la lista B para aquellos árboles que presenta sólo superioridad en uno de los dos caracteres. La ganancia genética esperada, entendida como el producto del diferencial de selección del árbol plus por un valor esperable de heredabilidad en el sentido amplio (H^2), para el total de árboles candidatos se estimó en 14.94% y 3.99% de ganancia para los caracteres de volumen comercial y calidad de troza respectivamente, mientras que si solo se toma la lista A, la ganancia genética sería de 20.05% para volumen comercial y 6.20% para calidad de troza.