

IV Encuentro Iberamericano de Biometría XVIII Reunión Científica Grupo Argentino de Biometría



IX Concurso de Jóvenes Biometristas Nivel de Postgrado

Introducción

El incremento en los últimos años del área cultivada con oleaginosas y cereales en Argentina ha desplazado la producción bovina hacia áreas que históricamente habían sido consideradas como marginales para la producción agropecuaria. Este cambio ha generado la necesidad de incrementar la producción de los sistemas ganaderos ubicados en la región subtropical. El mejoramiento genético de plantas forrajeras nativas podría contribuir al aumento de la producción pecuaria, evitando el cultivo de especies exóticas, las cuales manifiestan muchas veces problemas de adaptación. *Paspalum simplex* es una gramínea nativa que crece en los campos naturales del subtrópico de nuestro país y es apreciada por los productores ganaderos debido a su producción primavera-verano-estivo-otoño y a su palatabilidad.

Se pretende incorporar a *Paspalum simplex* a un programa de mejoramiento genético. El estudio de la variabilidad genética constituye la fase inicial y quizás más importante de este programa, debido a que la presencia de variabilidad hereditaria hace posible el trabajo de mejoramiento. Además es importante determinar la proporción de la variación genética y ambiental en la expresión de las características de interés.

La diversidad genética tiene una estructura multidimensional compleja y su comprensión se basa en el grado de similitud (o diferencia) entre pares de unidades (ya sean individuos, poblaciones, accesiones, variedades, etc.) valorada a través de caracteres que son compartidos. El análisis de caracteres moleculares se utiliza como herramientas para la detección de variabilidad genética, para la identificación de materiales y para la discriminación en forma inequívoca entre individuos muy relacionados genéticamente (por ejemplo, semillas pertenecientes a una misma planta). Además permite establecer el parentesco entre unidades, ya que dos unidades son más similares cuando comparten más genes y por lo tanto están más relacionados genéticamente.

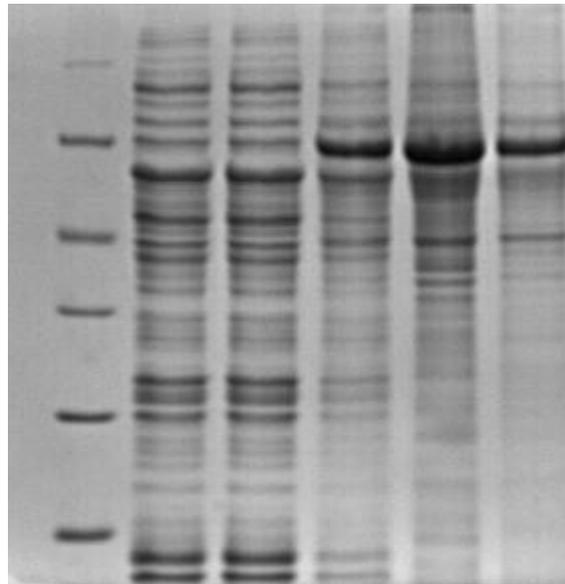
Origen de los datos

Se realizaron colecciones de semillas de 20 poblaciones que representan el área de distribución natural de la especie (Región Fitogeográfica Chaqueña). Algunas poblaciones son diploides (2X, de reproducción sexual), otras son poliploides (4X puras y 4x-6x mixtas, de reproducción asexual por semillas). Las semillas colectadas se sembraron en bandejas y luego fueron transplantadas a macetas en invernáculo.



Análisis molecular (variabilidad genética, no detectable a simple vista)

Una muestra de 11 a 15 plantas por población se utilizó para hacer la extracción de ADN y el posterior estudio de diversidad con marcadores moleculares ISSR. En el análisis fueron utilizados 10 marcadores de ISSR en un total de 244 plantas, los que generaron diferentes patrones de bandas que darán el perfil de cada individuo como puede apreciarse en la siguiente figura:



Sección de perfil de bandas de cinco individuos

En la hoja “moleculares” se volcaron los datos de presencia (1) y ausencia (0) de un total de 189 bandas amplificadas con los diez marcadores moleculares ISSR para un pequeño número de plantas de cada población. Las bandas de un mismo marcador están identificadas por el código previo al numeral (#).

Análisis morfo-fisiológico (variabilidad detectable visualmente)

Luego de extraído el ADN de cada población, cada planta que se encontraba en macetas en el invernáculo fue dividida en dos, con la finalidad de que cada clon fuera llevado a campo. El diseño experimental fue en bloques al azar con 2 repeticiones. Cada bloque se instaló en una localidad y constó de 20 poblaciones con 11 a 30 plantas por población (327 plantas totales en cada bloque).



Las variables analizadas a campo fueron:

- † **Crecimiento Inicial:** En mayo del 2010 se realizó la evaluación del crecimiento inicial. La toma de datos se realizó con una escala visual de 1 a 5, en dónde el número 1 representa menor crecimiento inicial y 5 mayor crecimiento.
- † **Crecimiento primaveral:** En septiembre 2010 las plantas fueron cortadas a 10 cm sobre el nivel del suelo y se dejó que crezcan en el período primaveral. Al final de octubre se midió crecimiento primaveral, usando la escala visual de 1 a 5, menor y mayor crecimiento primaveral respectivamente.
- † **Crecimiento otoñal:** A finales de marzo de 2011 todas las plantas fueron cortadas a 10 cm sobre el nivel del suelo y se dejó crecer todo el otoño. En mayo 2011 se tomó el dato de crecimiento otoñal con escala del 1 a 5 como se describió anteriormente.
- † **Extensión del período vegetativo:** Extensión en días a partir del comienzo de la primavera que las plantas permanecen en estado vegetativo (no se observan inflorescencias). La toma de datos se realizó semanalmente.
- † **Altura de planta:** Cada planta fue medida desde el suelo hasta el extremo superior de la inflorescencia más alta en marzo 2011
- † **Diámetro de planta:** En abril de 2011 se procedió a tomar, en la base de cada planta, dos medidas de diámetro que luego fueron promediadas para conseguir un único valor por planta.

En la hoja “morfo-fisiológicos” se volcaron los datos correspondientes a estas variables registradas para un pequeño número de plantas de cada población.

Objetivos

- √¹ Determinar el porcentaje de variabilidad genética presente dentro y entre las poblaciones de *Paspalum simplex* a partir de la variación detectada a nivel molecular (ADN) y morfo-fisiológica.
- √¹ Determinar qué poblaciones son más variables, ya que éstas serán más aconsejables para utilizarse como posibles progenitores de nuevos cruzamientos en un programa de mejora genética. Hipótesis: existe mayor diversidad en poblaciones diploides (2x) de *Paspalum simplex* debido a su reproducción sexual alógama en comparación a las poblaciones poliploides (4x y 6x) las cuales poseen reproducción apomíctica (clonal por semillas).
- √¹ Determinar las relaciones genéticas entre las poblaciones teniendo en cuenta los marcadores utilizados y validar los agrupamientos obtenidos.
- √¹ Analizar el poder de discriminación de cada uno de los marcadores ISSR utilizados. Seleccionar los marcadores de mayor capacidad de discriminación con la finalidad que se establezca el número mínimo de ISSR a utilizar para la discriminación de las poblaciones según su ploidía (2x, 4x o 4x-6x).
- √¹ Evaluar si existe asociación entre las relaciones genéticas obtenidas con descriptores morfológicos y moleculares.