

RG 3 Caracterización genética de una colección de *P. coloratum* var. *makarikariense* establecida en EEA-INTA Rafaela.Armando, L.V.^{1,2*}, Tomás, M.A.¹ y Carrera, A.D.³¹INTA EEA Rafaela, Santa Fe. ²CCT-CERZOS-CONICET, Bahía Blanca. ³Departamento de Agronomía UNS, Bahía Blanca.

*E-mail: larmando@criba.edu.ar.

*Genetic characterization of a collection of *P. coloratum* var. *makarikariense* established at EEA-INTA Rafaela***Introducción**

Panicum coloratum es una gramínea C₄ perenne, nativa de África que fue introducida en la Argentina en la década del 90'. A pesar de sus buenos atributos forrajeros ha sido poco difundida en los sistemas ganaderos y escasamente evaluada a nivel genético. En el año 2006 se inició en EEA-INTA Rafaela un programa de mejora de la especie, estableciendo una colección a campo de *P. coloratum* var. *makarikariense* a partir de materiales provenientes de varios sitios de colección y diferentes formas de manejo.

Los objetivos de este trabajo fueron caracterizar la variabilidad genética de la colección mediante caracteres morfo-fisiológicos y moleculares, y estudiar aspectos relacionados con el modo reproductivo de la var. *makarikariense*.

Materiales y Métodos

Se analizaron cinco accesiones de Córdoba y Corrientes (DF, UCB, MR, BR, ER), 15 materiales clonales de IFFIVE (IFF) y un material comercial (CM); dispuestos en un ensayo de jardín común sobre un suelo Argiudol típico.

Caracterización fenotípica. Se evaluaron 18 caracteres morfo-fisiológicos asociados a producción de forraje y semillas en 12 individuos por accesión y un individuo por clon IFF, durante octubre del 2008 a abril del 2009. Se realizaron análisis estadísticos descriptivos, PCA y UPGMA (Infostat).

Caracterización molecular. Se extrajo ADN de las 87 plantas caracterizadas fenotípicamente y se obtuvieron patrones de amplificación utilizando cinco iniciadores ISSR y 10 SSR (provenientes de *P. virgatum* y *maximun* y de *Eragrostis curvula*). La codificación fue binaria para ambos tipos de marcadores. La diversidad y estructura genética se analizó mediante: porcentaje de loci polimórficos, bandas privadas, MGD, AMOVA, PCO, UPGMA y test de correlación entre matrices de distancias morfológicas y moleculares a nivel de individuos (Infostat y GenAlex).

Determinación del número cromosómico y modo reproductivo. Se realizaron preparados citológicos a partir de ápice radicular de plántula. Se evaluó la producción de semillas llenas y vanas por panoja (ensayo a campo), la germinación de semillas y la supervivencia de plántulas (cámara de germinación e invernáculo) obtenida bajo

autofecundación vs polinización cruzada y se realizó un test de progenie con marcadores SSR. Los análisis estadísticos incluyeron: ANAVA, prueba *t* para muestras apareadas y variación genética entre madres e hijas (Infostat y GenAlex).

Resultados y Discusión

Los materiales evaluados presentaron una significativa variabilidad morfológica y genética. Se identificaron accesiones superiores en cuanto a su potencial forrajero y de producción de semillas, con rendimientos en algunos casos por encima del material comercializado en el país. Se amplificaron un total de 117 bandas ISSR y 48 alelos SSR y se detectaron marcadores específicos por accesión lo que sugiere limitado flujo génico entre accesiones. Algunas accesiones presentaron acentuada diferenciación genética en relación a la colección general. La baja correlación entre la distancia morfológica y molecular indicaría que cada set de datos provee información complementaria para la evaluación de los materiales.

El estudio cromosómico demostró que los materiales evaluados son tetraploides (2n=36). La mayor producción de semillas llenas y viabilidad de las plantas se observó bajo polinización cruzada, sugiriendo la presencia de autoincompatibilidad y menor aptitud de la progenie obtenida por autofecundación. El test de progenie combinando todos los marcadores mostró que ningún individuo de la progenie presentó el mismo patrón genético que la planta madre y en el 80% de la progenie se encontraron alelos paternos no presentes en la madre.

Conclusiones

La colección de *P. coloratum* var. *makarikariense* de EEA-INTA Rafaela que permanece en forma estable a campo contiene considerable variabilidad genética y se encontraron materiales particularmente divergentes. El material comercial cv. 'Bambatsi' retiene variación genética sobre la que podría efectuarse selección. La variedad utiliza la polinización cruzada como principal modo reproductivo. La información reunida fue incorporada al programa de mejora en curso.

Agradecimientos

A CONICET por las becas otorgadas y a las entidades que aportaron el financiamiento EEA INTA Rafaela (AEFP 261821) y ANPCyT (PICT 2188).

Cuadro 1. Distancia Genética Media (MGD) por accesión de *P. coloratum* var. *makarikariense* estimada mediante caracteres morfológicos y marcadores moleculares.

	Morfología	ISSR	SSR
DF	25,07	9,00	8,61
UCB	23,03	8,64	7,32
MR	13,85	4,61	3,05
BR	15,48	1,27	1,49
ER	32,83	10,68	6,38
CM	38,37	11,65	7,42
IFF	41,26	11,56	5,11

ISSR: Secuencias entre repeticiones simples; SSR: Secuencias de repeticiones simples.

MGD: es el promedio de las distancias Euclídeas o Genéticas Binarias entre individuos dentro de una accesión.