

Caracterización molecular de poblaciones de *Festuca arundinacea* Schreb

INTRODUCCIÓN

La *festuca alta* (*Festuca arundinacea* Schreb) es la especie forrajera más difundida y mejor adaptada en ambientes ganaderos de la provincia de Bs.As. Su nicho ecológico en la región pampeana está delimitado por altas temperatura y bajas precipitaciones. Resulta de interés caracterizar molecularmente poblaciones de la especie adaptadas a la periferia del nicho ecológico en la región pampeana.

OBJETIVOS

- Colectar nueve poblaciones de festuca alta en la periferia del nicho ecológico de la especie
- Caracterizar morfológica y molecularmente (SSR) las poblaciones colectadas
- Formar pools de policruzamiento de genotipos que representen la máxima divergencia genética expresada.

METODOLOGÍA

Se colectaron 9 poblaciones distanciadas a 30 km, vía vegetativa (40 genotipos por población). Se realizó extracción de ADN y amplificación (PCR) mediante 7 SSR. Para el fenotipado se dispusieron a campo con DBCA. Se aplicó el programa Structure para medir distancia genética.

Figura 2-a. SSR utilizados para la caracterización molecular

SSR	SSR abreviado	Autor	Secuencia forward	Secuencia reverse	Tm ajustada (°C)
NFA002	α-002	Saha et al., 2006	GCTCCAGCTTCTCCATCATC	ACCAAGTCGTCGAAGTCAGC	58
NFA015	α-015		GCGTCCACTAACACACCAA	AGCAAGGCCAGCAAAATTA	54
NFA019	α-019		TGGATTGCAATTAGCCTCA	GCTCGTATGGCCTTCAAT	54
NFA023	α-023		AGTCGGTGGTGAAGCTGAAG	TACAAGTGGGGCTGGTCA	58
NFA024	α-024		TGCCACGAGGTCTATCTTC	AGCTCCCTTCATTCCACT	57
NFA031	α-031		ACGGTCTGTACCGTGGATGT	GCTGTAGACTCAGCCGAACC	59
NFA034	α-034		GCTGGGTGATGGGCTGAAA	CTCCTTCCATCACCTCTGG	58

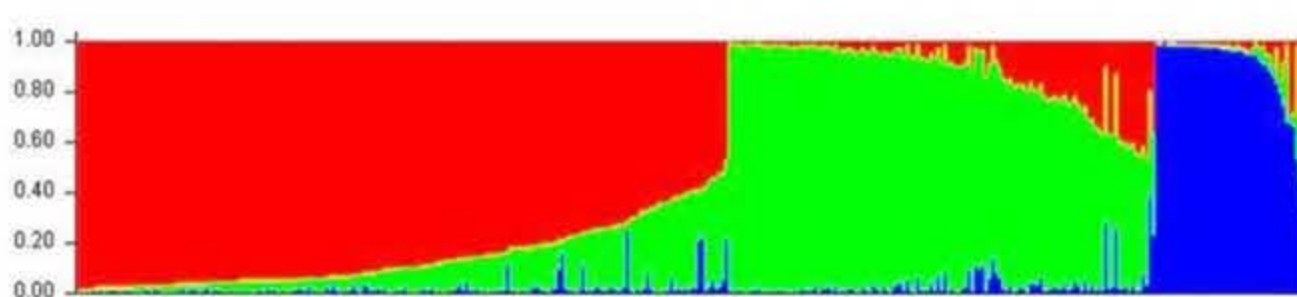


Figura 2-b. agrupamiento realizado por Structure.

Palacios, Natalia Soledad

Licenciada en genética- UNNOBA

CIC-UNNOBA

Andrés, Adriana

Ciencias Agrícolas, Producción y Salud Animal
natalia.spalacios@gmail.com

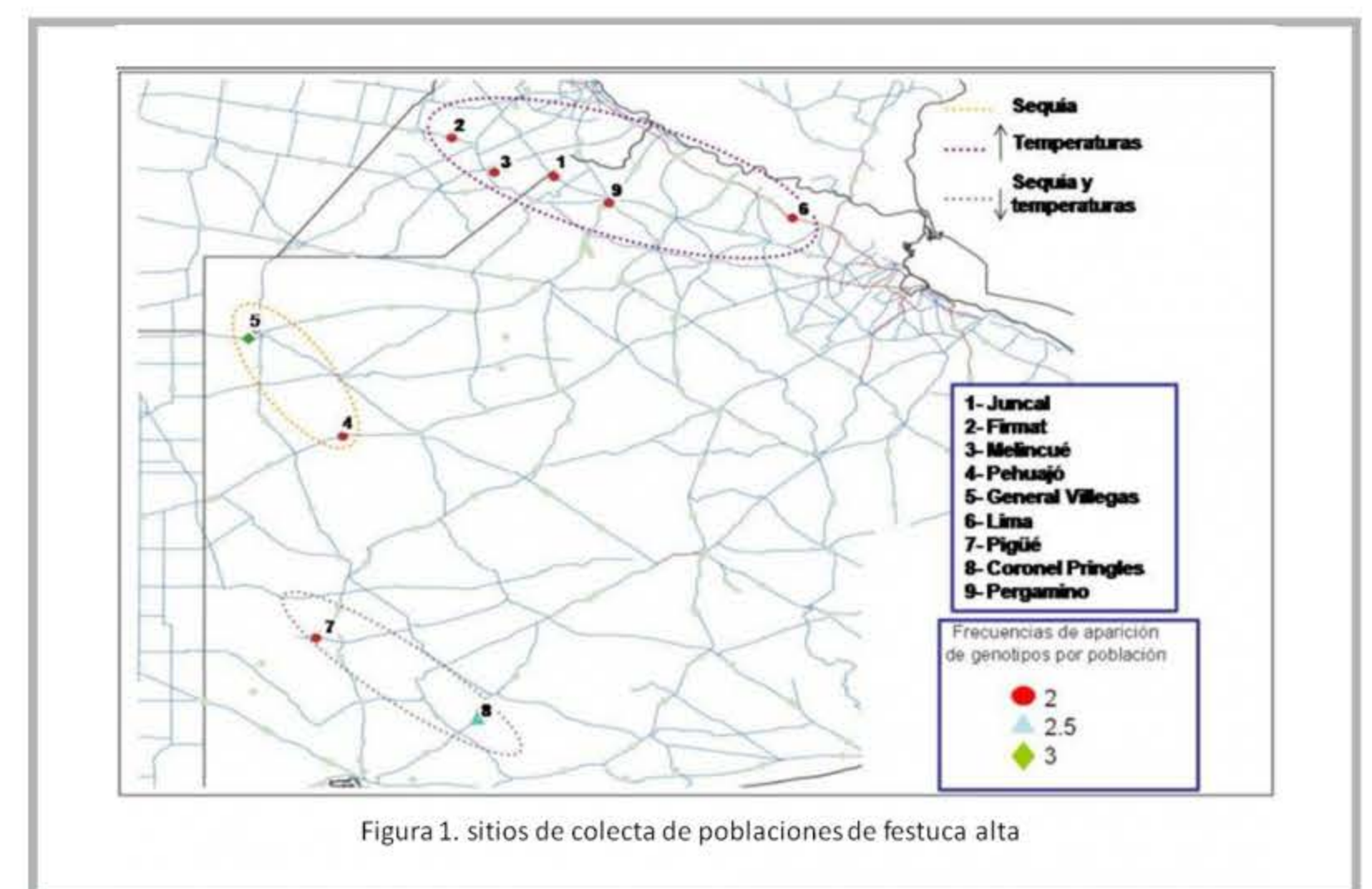


Figura 1. sitios de colecta de poblaciones de festuca alta

RESULTADOS

Las poblaciones (fig1) están en campo dispuestas en condición de planta espaciada para posteriores estudios. La caracterización molecular se llevó a cabo con 7 microsatélites (fig2-a). Structure generó 3 pools de genotipos maximizando la distancia genética entre ellos (fig2-b). La mayor divergencia genética se detectó entre los grupos 1 y 3.

CONCLUSIONES

La caracterización molecular de las 9 poblaciones de festuca alta permitió diferenciar 3 grupos de genotipos de acuerdo a la distancia genética.