



**FACULTAD DE CIENCIAS AGRARIAS  
UNIVERSIDAD NACIONAL DE ROSARIO**

**RESPUESTA A LA SELECCIÓN EN FESTUCA ALTA PARA SUELO  
SALINO-SÓDICO**

**EMILCE SOLEDAD MARTINEZ**

**TESIS PARA OPTAR AL TÍTULO DE MAGISTER EN GENÉTICA VEGETAL**

**DIRECTOR: ING. AGR. DR. PEDRO RIMIERI**

**CO- DIRECTOR: ING. AGR. MSC. JULIO GABRIEL VELAZCO**

**AÑO 2019**

## **AGRADECIMIENTOS**

Al Grupo de trabajo de Mejoramiento Genético de Especies Forrajeras de la EEA-INTA Pergamino que participaron en las tareas a campo y en las mediciones, ellos son: Juan Carlos Parra, Catalina Novarese, Nelson Fioravanti, Javier Lavandera, Juan Mattera y Sergio Gallo. A Natalia Palacios amiga y compañera de cursadas que también colaboró en las actividades de esta tesis. Al Centro Documental de la EEA-INTA Pergamino por la colaboración en las búsquedas bibliográficas.

Un agradecimiento muy especial al Sr. Miguel Díaz quien desinteresadamente brindó y facilitó un lote en su campo "La Catalina" ubicado en Bolívar, donde fue posible desarrollar el ensayo. Especial agradecimiento a Pedro Rimieri y Julio Velazco por el acompañamiento constante, los valiosos conejos y aportes realizados a esta tesis.

A todos aquellos que de alguna manera u otra colaboraron en el desarrollo de la presente tesis.

## **PUBLICACIONES Y PRESENTACIONES A CONGRESOS**

Martinez E.S., P. Rimieri. CARACTERIZACIÓN DEL CRECIMIENTO INICIAL DE POBLACIONES DE FESTUCA ALTA (*FESTUCA ARUNDINACEA* SCHREB.) EN SUELO SALINO-SÓDICO. VI Congreso de la Red Argentina de Salinidad.

Martinez E. S., J. G. Velazco, P. Rimieri. EFICIENCIA DE LA SELECCIÓN INDIRECTA EN FESTUCA ALTA PARA CONDICIONES DE SUELO SALINO-SÓDICO Y NO SALINO. ALAG 2019.

## ÍNDICE

	Pág.
ABREVIATURAS Y SÍMBOLOS.....	6
RESUMEN .....	9
ABSTRACT .....	10
1. INTRODUCCIÓN.....	11
1.1 Suelos ganaderos y estrés por salinidad .....	12
1.2 Tolerancia a la salinidad .....	14
1.3 Especie en estudio: festuca alta .....	16
1.4 Componentes del rendimiento de forraje en festuca alta .....	19
1.5 Mejoramiento genético en festuca alta.....	21
1.6 Respuesta a la selección en suelo salino-sódico.....	23
HIPÓTESIS .....	25
OBJETIVO GENERAL .....	25
OBJETIVOS ESPECÍFICOS .....	25
2. MATERIALES Y MÉTODOS .....	26
2.1 Ambientes de evaluación.....	26
2.2 Material vegetal y diseño experimental .....	27
2.3 Muestreo y caracteres evaluados .....	29
2.4 Análisis estadístico.....	30
2.5 Parametros genéticos .....	33
2.6 Efecto del modelo en la selección .....	35
3. RESULTADOS.....	36
3.1 Ajuste de los modelos .....	36
3.2 Parametros genéticos .....	36
3.3 Efecto del modelo en la selección .....	41
4. DISCUSIÓN .....	44
4.1 Ajuste de los modelos .....	44

4.2 Parametros genéticos .....	45
4.2.1 Coeficiente de variación genética.....	45
4.2.2 Correlaciones genéticas entre ambientes .....	46
4.2.3 Heredabilidad en sentido estricto .....	47
4.2.4 Respuesta a la selección y eficiencia de la selección indirecta.....	49
4.3. Efecto del modelo en la selección .....	50
5. CONCLUSIONES .....	52
6. BIBLIOGRAFÍA .....	54
7. ANEXOS .....	74

## ABREVIATURAS Y SÍMBOLOS

(co)varianza= matriz de varianza-covarianza.

$\bar{X}$  = promedio.

$\sigma^2$  = varianza.

°Cd= grados días.

AF= área foliar por macollo

AIC= criterio de información de Aikake.

AL= ancho de lámina

BLUP= mejor predictor lineal insesgado.

CE= conductividad eléctrica.

cm= centímetros.

CO= modelo de simetría compuesta.

COH= modelo no estructurado heterogéneo.

CR= respuesta indirecta a la selección.

$CV_g$  = Coeficiente de variación genética.

dS= decisiemens.

E= ambiente con estrés salino.

EEA= Estación Experimental Agropecuaria.

FMH= familias de medios hermanos.

GG= ganancia genética.

$h^2$ = heredabilidad en sentido estricto.

ha= hectárea.

IND= modelo independiente o Toeplitz de una banda.

IO= modelo estándar.

INTA= Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria.

Kg= kilogramos.

Km<sup>2</sup>= kilómetros cuadrados.

LL= largo de lámina

m= metro.

mm= milímetros.

mm<sup>2</sup>= milímetros cuadrados.

mmhos= micromhos.

MS= materia seca.

NC= no converge.

PC= periodo de crecimiento.

PPNA= productividad primaria aérea neta.

PSI= porcentaje de sodio intercambiable.

R= respuesta a la selección directa.

REML= máxima verosimilitud restringida.

rho= correlación de Spearman.

sE= ambiente sin estrés salino.

SL= superficie de lámina.

t= toneladas.

TAH= tasa de aparición de hojas.

TEAF= tasa de expansión del área foliar.

TLE= Total de lámina expandida

$TT$  = tiempo térmico.

$UNR$  = modelo sin estructura.

$i$  = intensidad de selección.

$\rho$  = correlación.



## RESUMEN

En los últimos años la producción ganadera ha sido desplazada a zonas no aptas para la agricultura denominadas “marginales” (suelos clase VI y VII). El mejoramiento de festuca alta (*Festuca arundinacea* Schreb.) tiene como desafío incrementar la productividad y calidad de forraje en los suelos salino-sódicos. Es importante evaluar si la selección se deberá realizar en condiciones reales de estrés o en ambientes sin problema de salinidad. En este sentido se plantearon los objetivos de definir criterios de selección tempranos y ambientes de selección para mejorar la performance de festuca en situaciones de estrés salino, a partir de variables estructurales y morfogenéticas. En el año 2018 se evaluaron 50 familias de medios hermanos y dos testigos comerciales de festuca, en un diseño de bloques incompletos al azar con 2 repeticiones y dos ambientes de selección: un suelo con estrés salino-sódico y un suelo sin estrés salino. Durante la implantación se registraron variables estructurales y morfogenéticas determinantes del rendimiento de forraje: ancho de lámina (AL), largo de lámina (LL), superficie de lámina (SL), total de lámina expandida (TLE), área foliar por macollo (AF), tasa de expansión del área foliar (TEAF) y tasa de aparición de hojas (TAH). Los análisis estadísticos se realizaron en dos etapas mediante modelos lineales mixtos basados en REML. En la primera etapa se obtuvieron las medias genotípicas ajustadas espacialmente y en la segunda etapa esas medias fueron sometidas a un análisis que contempló diferentes modelos para los efectos aleatorios. A partir del modelo de mejor ajuste se extrajeron valores de varianzas genéticas y correlaciones genéticas entre ambientes con el fin de estimar heredabilidad, respuesta a la selección directa e indirecta y la eficiencia de la selección indirecta. Los resultados mostraron que la expresión de la variabilidad de los caracteres evaluados se vio afectada por el ambiente de selección aunque no hubo un patrón claro para las estimaciones de heredabilidad. En general las mayores variaciones genéticas y valores de heredabilidad fueron estimados para variables estructurales. La variable TLE fue la única que obtuvo una eficiencia de selección indirecta mayor a 1. Los resultados demuestran que es posible la selección indirecta utilizando como criterio la variable TLE y que además, si se pretende evitar sesgos en la selección se debe contemplar en los análisis el ajuste de modelos estadísticos que representen adecuadamente la naturaleza de los efectos aleatorios.

## **ABSTRACT**

### **RESPONSE TO SELECTION IN TALL FESCUE TO ALKALINE SALINE SOIL**

The improvement of Tall fescue is aimed at increasing the productivity and quality of fodder in alkaline saline soil. It is important to assess whether the selection should be made under real stress conditions or in environments without salinity problems. The objectives were to define early selection criteria and selection environments to increase performance in saline stress situations. In 2018, 50 half-sib families and two commercial varieties were evaluated in saline-sodium soil and non-saline soil. During implantation, the following characters were recorded: sheet width (AL), sheet length (LL), sheet surface (SL), expanded sheet total (TLE), leaf area (AF), leaf area expansion rate (TEAF) and leaf appearance rate (TAH). Statistical analyses were performed using mixed linear models based on REML and different models were contemplated for random effects. The variability of the evaluated characters was affected by the selection environment. There were no defined patterns of the effect of the environment on heritability. TLE was the only variable that obtained indirect selection efficiency greater than 1. Indirect selection is possible using the TLE variable as a criterion. The use of a suitable model for random effects avoided selection bias.

## 1. INTRODUCCIÓN

Los últimos Censos Nacionales Agropecuarios realizados por el Instituto Nacional de Estadística y Censos (1988 y 2002) mostraron una reducción de la superficie implantada con especies forrajeras anuales y perennes en la región pampeana. Además, la producción ganadera ha sido desplazada a zonas no aptas para la agricultura denominadas “marginales” (suelos clase VI y VII). Esto ha ocurrido debido al avance territorial de la agricultura, principalmente por el fenómeno de sojización (Rearte, 2007).

La vegetación natural, adaptada a los suelos no agrícolas de la región pampeana, está constituida por una baja riqueza florística asociada a *Distichlis spp*, *Paspalum vaginatum*, *Stipa papposa*, *Salicornia spp*, *Atriplex spp* y *Ambrosia tenuifolia*. La productividad primaria aérea neta (PPAN) oscila entre 1,5 a 2,5 t MS ha<sup>-1</sup> año<sup>-1</sup> y es marcadamente primavera–estival (León, 1975). En el extremo más salino del gradiente en los suelos no agrícolas, la PPAN estimada por Ginzo *et al.* (1986) fue de 1,2 t MS ha<sup>-1</sup> año<sup>-1</sup>. El potencial de producción de muchas especies forrajeras cultivadas en ambientes restrictivos es aún desconocido (Bertram y Chiacchiera, 2011). Esto implica un desafío tecnológico que requiere aumentar la productividad y calidad del forraje en las zonas marginales.

La recolección, caracterización y evaluación de germoplasma adaptado a ambientes con algún tipo de estrés abiótico es importante para detectar variabilidad genética. Proporcionar materiales tolerantes a los programas de mejoramiento permite obtener cultivares de mayor rendimiento y mejor adaptados en condiciones de estrés (Duyvendak y Luesink, 1979; Borrajo, 1998; Schroeder *et al.*, 2013).

La oferta de especies cultivadas para suelos bajos halomórficos es limitada. Esto queda demostrado por el escaso número de cultivares tolerantes a la salinidad que han sido liberados y difundidos en los principales cultivos del mundo (Flowers *et al.*, 2000; Zeng y Shannon, 2000; Mishra *et al.*, 2006). El uso de pasturas perennes en los sistemas ganaderos actuales es de importancia para revalorizar la capacidad productiva de los suelos bajos no agrícolas o marginales (Agnusdei y Di Marco, 2010).

La festuca (*Festuca arundinacea* Schreb.) es una de las gramíneas perennes templadas cultivadas mejor adaptadas a las condiciones edafo-climáticas de la región pampeana húmeda (Rimieri *et al.*, 2006, Agnusdei y Di Marco, 2010). En este contexto, la festuca alta tiene potencial de convertir áreas de baja producción forrajera y capacidad de carga animal en pasturas de excelente aptitud para uso ganadero y para la conservación de suelos (Agnusdei y Di Marco, 2010).

## 1.1 SUELOS GANADEROS Y ESTRÉS POR SALINIDAD

En el mundo los suelos afectados por salinidad y alcalinidad abarcan una superficie aproximada de 9 millones de km<sup>2</sup> (Szabolcs, 1989), siendo más frecuentes en zonas áridas y semiáridas (Imbellone *et al.*, 2010; Rengasamy, 2010).

En todo el territorio Argentino se presentan problemas de salinidad del suelo. La región Pampeana es una zona húmeda-subhúmeda con vastas áreas de suelos halomórficos, destinadas a la producción ganadera, con extensas áreas de deficiente drenaje, susceptibles al anegamiento y a sufrir procesos de alcalinización y salinización (Zamolinski, 2000). Estas áreas incluyen la Pampa Deprimida, noroeste de la Provincia de Buenos Aires, los Bajos Submeridionales de la Provincia de Santa Fe y la zona del sudeste de Buenos Aires, La Pampa y este de Córdoba (Imbellone *et al.*, 2010; Lavado, 2016).

Los suelos halomórficos presentan exceso de sales solubles asociado a una napa freática cercana a la superficie y subsuelos salinos. Estos suelos se caracterizan por baja productividad y heterogeneidad espacio-temporal (Mieres *et al.*, 2012; Setter *et al.*, 2016). En consecuencia el crecimiento de las plantas se verá afectado por la variación en la concentración de sal presente en la solución del suelo (Bennett *et al.*, 2009). La salinidad en el suelo puede ser tan variable tanto en superficie como en profundidad (Rawson *et al.*, 2013) y tan alta que incluso las especies halófitas no crecerán (Richards, 1983; Barrett-Lennard *et al.*, 2013).

La sal más soluble y abundante en los bajos salinos-sódicos es el cloruro de sodio (Munns y Tester, 2008). El contenido de sales solubles puede medirse a través de la conductividad eléctrica (CE). La liberación de sodio en el suelo determina un medio más alcalino y su presencia puede cuantificarse midiendo el porcentaje de sodio intercambiable (PSI) (Vargas Rojas, 2005).

No siempre es posible definir claramente si un suelo es salino o sódico porque existen matices dentro de su clasificación. El término aceptado mundialmente en la bibliografía, que engloba a todos los tipos, es 'salt effected soils' o "suelos salinos" (Munns, 2004).

Existen tres tipos de suelos salinos que pueden afectar el desarrollo de los cultivos: los salinos, los sódicos y los salinos-sódicos (Tabla 1).

Tabla 1. Normas de clasificación para los suelos salinos, sódicos y salinos-sódicos.

Tipo de suelo	CE (mmhos/cm)	PSI (%)	pH
Salino	> 0 = 4	< 15	< 8,5
Sódico	< 4	> 0 = 15	> 0 = 8,5
Salino-sódico	> 0 = 4	> 0 = 15	> 0 = 8,5

Adap. Vargas Rojas 2005. CE= conductividad eléctrica; PSI= porcentaje de sodio intercambiable.

Los suelos salinos-sódicos también suelen denominarse salinos-alcalinos debido a su elevado pH, se caracterizan por concentraciones excesivas de sales solubles de calcio, magnesio y sodio en las capas superficiales (Aceves, 1981) y como consecuencia se observa la superficie encostrada, agrietada y con cristales de sal (Vargas Rojas, 2005). El sodio provoca la dispersión de las partículas del suelo reduciendo su permeabilidad y conductividad hidráulica (Evangelou, 1994; Levy, 2000). De los tres tipos, el salino-sódico es el más perjudicial para el desarrollo de las plantas (Acuña *et al.*, 2014).

La salinidad afecta severamente el crecimiento y la producción de los cultivos (Qadir *et al.*, 2014; Shabala *et al.*, 2014; Munns y Gilliam, 2015) a través del estrés osmótico y/o estrés iónico (Munns y Tester, 2008; Flowers *et al.*, 2015; Sandhu *et al.*, 2017). Pittaro *et al.* (2015) informaron que el estrés por exceso de sales disminuye la tasa de fotosíntesis y el alargamiento de las hojas. La elevada presión osmótica que se genera en la solución alrededor de las raíces reduce la capacidad de las plantas para absorber agua, causando una marcada disminución en la tasa de crecimiento (Shannon, 1997; Pistorale *et al.*, 2003; Munns y Tester, 2008) y alteraciones en el desarrollo vegetal (Grieve *et al.*, 1994).

Los efectos osmóticos se observan inmediatamente durante la exposición a la salinidad (Zeng *et al.*, 2001), se produce la pérdida de agua en las hojas reduciendo el volumen y la turgencia celular. Este efecto es transitorio y si bien las células pueden recuperar su volumen original en pocas horas, la tasa de elongación foliar disminuye (Passioura y Munns, 2000; Cramer y Quarrie, 2002; Fricke y Peters, 2002). Con elevadas concentraciones de sal en el suelo, a medida que pasan los días se reduce la tasa de expansión y división celular, se observa un crecimiento foliar más lento que conlleva a un tamaño final de hojas más pequeñas y más gruesas (Yeo *et al.*, 1991; Passioura y Munns, 2000; Fricke y Peters, 2002). Todos estos cambios en el crecimiento de las plantas son en respuesta al estrés osmótico y son similares al estrés generado por sequía (Epstein, 1979; Munns y Tester, 2008).

Una alta concentración de sodio en la solución del suelo puede generar toxicidad y/o desbalance nutricional en los tejidos vegetales porque dificulta la absorción de nutrientes

como potasio y calcio (Zhu, 2001; Verslues *et al.*, 2006; Dong-Mei *et al.*, 2014). El estrés iónico o toxicidad se observa como una senescencia prematura de hojas maduras con síntomas de clorosis y necrosis debido a altas concentraciones de sodio en la hoja (Tester y Davenport, 2003; Munns *et al.*, 2006; Castillo *et al.*, 2007).

Cardamone *et al.* (2018) mencionan que la salinidad reduce y retrasa la germinación y la emergencia debido a cambios anormales morfológicos, fisiológicos y bioquímicos. En general, en muchos trabajos de investigación, se acepta que la germinación, el establecimiento y el rebrote en las especies forrajeras son las etapas de desarrollo más afectadas (Francois y Maas, 1993; Marcum, 2002; Tober *et al.*, 2007).

## 1.2 TOLERANCIA A LA SALINIDAD

La implantación de pasturas en bajos salinos-sódicos de la región pampeana requiere la selección de especies tolerantes a las limitantes edáficas que ofrecen estos terrenos. La tolerancia al estrés salino se define como la capacidad de una planta para mantener su vigor, crecimiento y rendimiento en concentraciones elevadas de sal (Sandhu *et al.*, 2017).

Es fundamental, en cualquier tipo de suelo, una correcta implantación la cual se logra por una adecuada emergencia (Martin *et al.*, 2012). Una alta tasa de germinación y un rápido crecimiento inicial de las plántulas son requisitos importantes para lograr un establecimiento exitoso (McWilliam *et al.*, 1970). El período de establecimiento de una pastura se considera que abarca los primeros doce meses después de la siembra (Kunelius *et al.*, 1982; Bellotti y Blair, 1989a, b y c).

Las primeras etapas de crecimiento son críticas para la mayoría de los cultivos pero se agravan en los suelos halomórficos porque los abundantes contenidos de sales afectan el poder germinativo, la tasa de germinación y en consecuencia el establecimiento de la pastura (Bradford, 1995; Praat, 1995; Hanselin y Eggen, 2005). La tolerancia a la salinidad varía según el estado fenológico del cultivo (Tobe *et al.*, 2000).

En condiciones edáficas limitantes, para sobrevivir como una planta adulta, las especies forrajeras primero tienen que superar el proceso de germinación (Cardamone *et al.*, 2018). Algunos investigadores aseguran que una vez establecidas, las plántulas van incrementando su tolerancia a las condiciones de salinidad (Sanderson *et al.*, 1997; Katembe *et al.*, 1998; Maas y Grattan, 1999).

Las plantas tolerantes tienen la capacidad de minimizar los efectos perjudiciales de la sal, al producir una serie de adaptaciones anatómicas, morfológicas y fisiológicas (Poljakoff-Mayber, 1975). Las células vegetales deben acumular suficientes solutos para equilibrar la

presión osmótica extra en la solución del suelo y así mantener la turgencia (Flowers *et al.*, 2015; Munns y Gilliam, 2015). Algunos autores hablan de “tolerancia del tejido” y lo definen como la habilidad de las células y tejidos para continuar funcionando, sin mayores lesiones, mientras contienen altas concentraciones internas de sodio y cloro (Flowers *et al.*, 2015; Zhu *et al.*, 2015; Munns *et al.*, 2016).

Aquellos individuos capaces de mantener el crecimiento, el metabolismo y un rendimiento aceptable productivamente en situaciones de estrés salino, presentan aptitud para sobrevivir en bajos halomórficos de los sistemas ganaderos actuales (Yeo, 1983; Munns y Gilliam, 2015).

La caracterización y evaluación de germoplasma a través de caracteres morfológicos, fisiológicos y agronómicos, ha sido de utilidad para evaluar la diversidad genética de la tolerancia a la sal en distintas especies (Shahzad *et al.*, 2012).

Shannon (1997) determinó que las especies forrajeras alfalfa y festuca, disminuyen su potencial productivo con valores de CE superiores a 0,5 y 1 dS.m<sup>-1</sup> respectivamente, mientras que con valores CE cercanos a 4 dS.m<sup>-1</sup> se ve afectada la supervivencia en ambas especies. Sin embargo, Bertram (2018) reportó que las especies alfalfa, agropiro, festuca, panicum y grama rhodes sometidas a ciclos alternos y frecuentes de anegamientos y sequías, disminuyeron la producción de forraje y la densidad de plantas, pero no ocurrió la desaparición total de los individuos ni se vio afectada la perennidad de la pastura.

Varios autores han indicado que la festuca puede desarrollarse bien en una diversidad de ambientes tolerando suelos pesados, salinos húmedos o salinos-sódicos, encharcamientos y sequías temporarias (Parodi, 1964; Agnusdei y Di Marco, 2010; Gallego *et al.*, 2013).

Los estudios de crecimiento, supervivencia, productividad y dinámica de las pasturas en suelos salinos son escasos y muy necesarios (Vargas Rojas, 2005). Existe la necesidad de desarrollar cultivares de especies forrajeras con una mejor adaptación a suelos salinos (Cardamone *et al.*, 2018).

En este contexto, la festuca alta es una especie forrajera de clima templado que presenta moderada tolerancia a la salinidad (Beard, 1973; Wu *et al.*, 1988; Marcum, 2006). Esta ampliamente adaptada a condiciones de sequía, pH del suelo y con potencial para ser empleada en suelos con problemas de salinidad (Barnes, 1990; Gao y Deying, 2012).

### 1.3 ESPECIE EN ESTUDIO: FESTUCA ALTA

La festuca alta [(*Festuca arundinacea* Schreb.) syn. *Lolium arundinaceum* [Schreb.] Darbysh.)] está clasificada dentro de la familia de las *Poaceas*, subfamilia *Pooideas*, tribu *Festuceas*, género *Festuca* y subgénero *Schendonorus*. Es una especie hexaploide con  $2n=6x=42$  cromosomas (Humphreys *et al.*, 1995; Hand *et al.*, 2010) y forma parte de un complejo poliploide con similitudes morfológicas que incluye a taxones tetraploides [*F. arundinacea* var. *glaucescens* Boiss syn. *F. arundinacea* subsp. *fenas* (Lag) Arcang. ], octoploide [*F. arundinacea* subsp. *atlantigena* (St. Yves) Auquier.] y decaploides [*F. arundinacea* var. *letourneuxiana* (St. Yves) syn. *F. arundinacea* subsp. *cirtensis* (St. Yves) J. Gamisans] (Parodi, 1958; Clayton y Renvoize, 1986; Hand *et al.*, 2012).

Respecto al origen de *Festuca arundinacea* Schreb, se considera que ha evolucionado tanto en la zona sur como en el norte del mar Mediterráneo y se la puede encontrar en su estado nativo en zonas templadas de Europa, en centro- oeste de Asia y en el área tunecina del Norte de África (Borril *et al.*, 1971; Terrell, 1979).

Existen diferentes biotipos de festuca alta según su origen geográfico. Aquellos que se distribuyen naturalmente en el norte de Europa, denominados tipo “Norte de Europa” o “Continental” y presenta un mayor crecimiento en primavera-verano. Los biotipos denominados “Mediterráneos” procedentes del norte de África, caracterizados por su producción de forraje otoño-invernal y con mayor dormancia estival que el tipo continental (Reed *et al.*, 2004; Hand *et al.*, 2010; Hand *et al.*, 2012). Por último, la festuca “rizomatosa” localizada en Portugal y parte de España, caracterizada por tener rizomas más largos que el biotipo continental (Borril *et al.*, 1971; Jernstedt y Bouton, 1985).

En el continente Americano, el biotipo continental fue introducido desde Inglaterra hacia Estados Unidos (Maddaloni y Ferrari, 2001) por su resistencia a roya (*Puccinia coronata*), alta producción de forraje y persistencia en comparación con *Festuca pratensis* (Buckner *et al.*, 1979). En la década del 50 llegó a la Argentina a través de los cultivares “Kentucky 31” y “Alta” (Martino, 1990; Mazzanti *et al.*, 1992). Actualmente se encuentra naturalizada en la región templado húmeda del país y se la considera la especie mejor adaptada a las condiciones edafo-climáticas de la región pampeana (Figura 1) (Maddaloni y Ferrari, 2001; Gallego *et al.*, 2013).



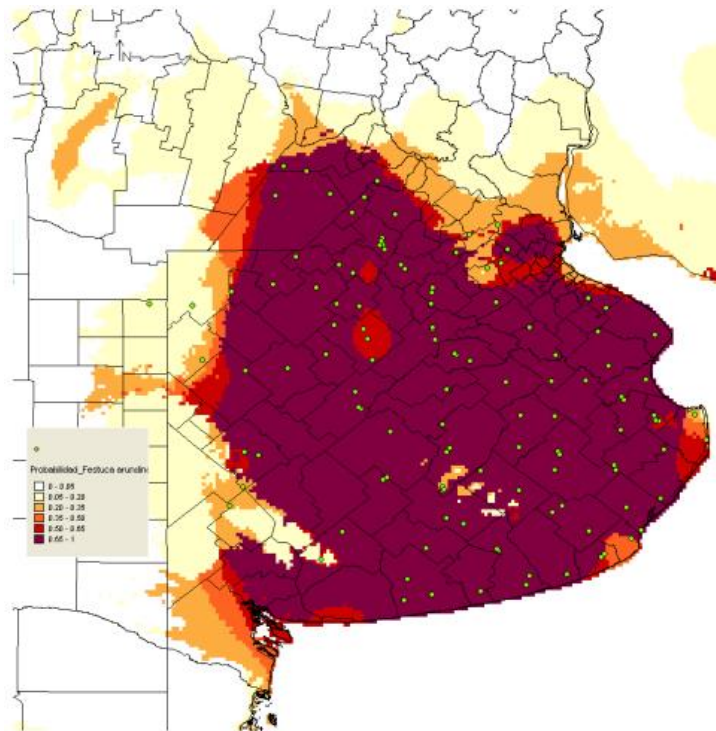


Figura 1. Probabilidad de distribución del nicho ecológico de festuca alta naturalizada en la región pampeana húmeda. Los puntos verdes indican el sitio de muestreo. Escala de probabilidades con seis divisiones indicada en colores donde las zonas más oscuras representan mayor probabilidad de encontrar la especie y disminuye con la tonalidad de colores. La escala de probabilidad fue realizada mediante modelización con Maxent y visualizado en el Diva-gis (adaptado Scheneiter y Kaufmann, 2016).

La planta de festuca alta (Figura 2) tiene hábito de crecimiento cespitoso, forma matas densas y desarrolla rizomas cortos. Su sistema radicular homorrizo puede explorar hasta 1,80 m de profundidad aunque la mayor densidad de raíces se encuentra en los primeros 35 cm del suelo (Maddaloni y Ferrari, 2001; Cattoni, 2010). El follaje es verde intenso, las láminas de las hojas presentan un leve brillo en el envés y se disponen en un ángulo de 90° respecto al suelo. La inflorescencia es una panoja laxa, multiflora y el fruto es un cariopse envuelto por lemma y palea (Maddaloni y Ferrari, 2001). Es una especie alógama de fecundación cruzada obligada (Casler, 1998; Forster *et al.*, 2001, Cattoni, 2010).

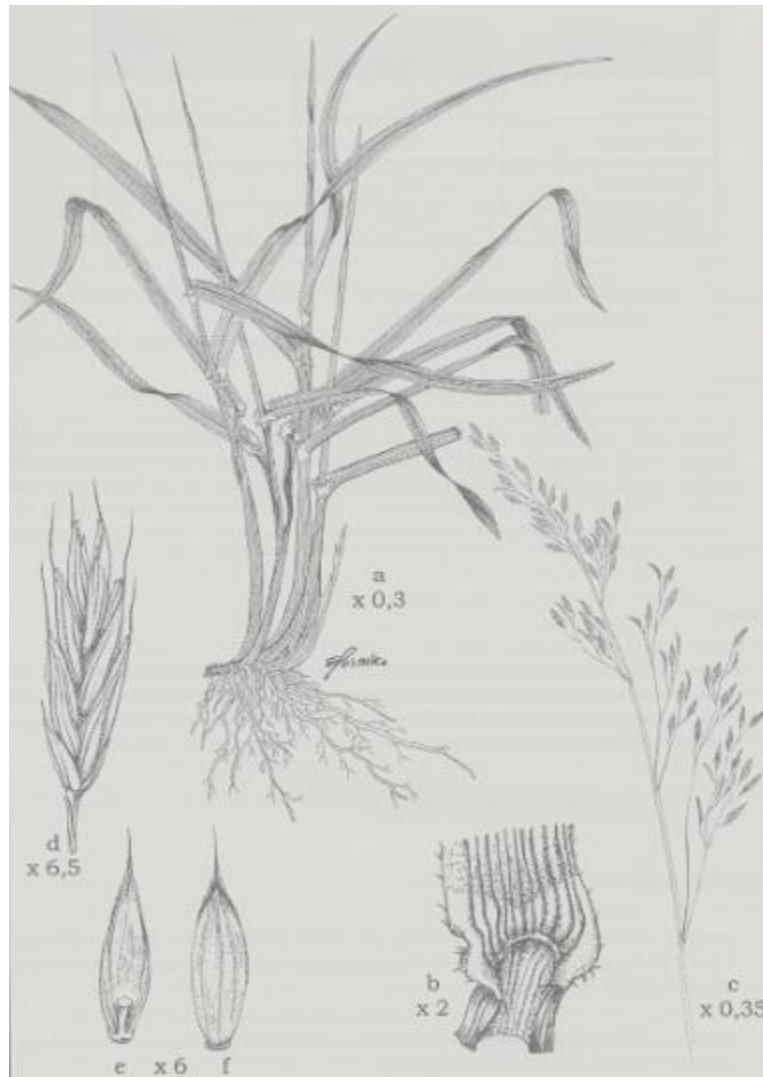


Figura 2. *Festuca arundinacea* Schreb. a) planta al estado vegetativo; b) l gulas y aur culas; c) inflorescencia; d) espiguilla; e) cariopse vestido cara ventral con raquilla, f) cariopse vestido cara dorsal (fuente: Maddaloni y Ferrari, 2001).

La mayor producci n de forraje en festuca se obtiene en suelos f rtiles y sin limitantes. Sin embargo, presenta una gran rusticidad comparada con otras gram neas templadas perennes y tiene plasticidad y capacidad de adaptaci n a suelos de menor fertilidad y con limitantes f sico-qu micas. Tolerancia a suelos con pH  cidos de 4,5 a pH alcalino de 9,5, aunque su mejor crecimiento se da entre valores de pH de 8,5 a 5,5 (Rimieri *et al.*, 2002, Gallego *et al.*, 2013).

La amplia adaptaci n geogr fica y sus caracter sticas agron micas favorables hacen que sea la especie forrajera perenne m s cultivada de clima templado del centro y sur de nuestro pa s (Maddaloni y Ferrari, 2001; Cuyeu *et al.*, 2013). Es utilizada como pastura base en sistemas ganaderos de carne y leche, puede ser consociada con alfalfa, tr boles y

lotus como leguminosas acompañantes (Rimieri *et al.*, 2002; Scheneiter, 2002; Gallego *et al.*, 2013).

Otra particularidad de la especie es su aporte en la conservación y recuperación del suelo. Su sistema radicular extenso y profundo es ideal para mejorar la estructura de suelos degradados, aumenta la capacidad de retención de agua y proporciona un piso firme para los animales en épocas de intensas lluvias (Gillet, 1984; Pagano y Rimieri, 2001).

#### **1.4 COMPONENTES DEL RENDIMIENTO DE FORRAJE EN FESTUCA ALTA**

La acumulación de materia seca está determinada fundamentalmente por la intercepción y la eficiencia de conversión de la radiación interceptada por el canopy a compuestos carbonados (Gifford *et al.*, 1984). La partición de los asimilatos también influye sobre la producción de materia seca y depende del estadio de desarrollo del cultivo y las condiciones ambientales (Gillet, 1984; Durand *et al.*, 1991; Bélanger *et al.*, 1992).

Los procesos de crecimiento y desarrollo en festuca alta, pueden ser explicados por la morfogénesis o el estudio de la dinámica de generación y expansión de órganos (Chapman y Lemaire, 1993; Moore y Moser 1995). Las principales variables morfogenéticas son la tasa de aparición de hojas, la tasa de elongación foliar y la longevidad de las hojas, variables que se hallan genéticamente determinadas (Chapman y Lemaire, 1993).

El tiempo que tarda una hoja en expandirse depende de la tasa de elongación y de la longitud de la vaina, dicho periodo finalizará con la aparición de la lígula en la unión entre la lámina y la vaina (Skinner y Nelson, 1995). Sin deficiencias nutricionales e hídricas, la tasa de elongación y la tasa de aparición foliar se relaciona positivamente con el aumento de temperatura (Wilhelm y Nelson, 1978; Gastal, *et al.*, 1992; Wilhelm y McMaster, 1995). La senescencia foliar está determinada genéticamente pero es influenciada por factores ambientales (Whitehead, 1995). Todas estas variables morfogenéticas pueden ser expresadas en tiempo cronológico (días, horas), o en tiempo térmico (crecimiento en grados días) (Wilhelm y McMaster, 1995).

El estrés por salinidad puede causar cambios en las variables morfogenéticas (Maas y Grieve, 1990) y por lo tanto en los componentes estructurales del canopy. Las variables estructurales son el número de hoja por macollo, el tamaño foliar y la densidad de macollos, todas ellas determinan la superficie fotosintéticamente activa en la pastura (Davies, 1988; Chapman y Lemaire, 1993).

El número de hojas vivas por macollo es considerado una característica genéticamente constante (Robson, 1973; Davies, 1988; Robson, *et al.*, 1988; Lemaire y Chapman, 1996), ya que por lo general los macollos sostienen tres hojas vivas al mismo

tiempo (Whitehead, 1995) y el recambio del tejido dependerá de la tasa de aparición de hojas (Davies, 1993). El tamaño de la hoja se relaciona positivamente con la tasa de elongación (Nelson *et al.*, 1977) pero negativamente con la tasa de aparición de hojas (Cooper y Edwards, 1961).

El área por hoja queda definido por el largo y ancho de la lámina asumiendo una relación constante entre el área de la hoja y su longitud (Nelson *et al.*, 1977; Lemaire y Chapman, 1996). El ancho de una lámina completamente expandida de festuca, aumenta desde la lígula hacia el centro de la hoja y se vuelve constante en una región limitada antes estrecharse hacia la punta (MacAdam, 1988; MacAdam y Mayland, 2003).

La densidad de macollos en una pastura se incrementa hasta un máximo, llega a un equilibrio entre la aparición y la muerte, que se logra cuando el canopeo intercepta el 95% de la radiación fotosintéticamente activa (Robson, 1973; Davies, 1988; Simon y Lemaire, 1987). Finalmente, la producción neta de forraje estará dada por cambios en la aparición y muerte de hojas y macollos. En el estado de equilibrio, el macollo acumula el máximo número de hojas y se produce el máximo rendimiento (Davies, 1971).

La relación entre las variables morfogénéticas y estructurales con el rendimiento de forraje de las gramíneas forrajeras templadas han sido descritas en forma teórica por varios autores (Chapman y Lemaire, 1993; Bahmani *et al.*, 2000).

En raigrás anual y agropiro alargado se ha demostrado que existe una correlación positiva entre la longitud y el área de la hoja (Marino, 1996; Lemaire y Chapman, 1996). Otros investigadores han constatado empíricamente que la tasa de elongación foliar puede ser un indicador *per se* de la producción de forraje (Horst *et al.* 1978). En festuca alta Robson y Jewiss (1968) determinaron que las diferencias de producción entre genotipos fue el resultado de diferencias en la tasa de expansión de la hoja. Nelson *et al.* (1977) comprobaron en diferentes genotipos de festuca alta, que la tasa de elongación foliar es más influyente que el ancho de la hoja sobre la tasa de expansión del área foliar.

Considerando que el rendimiento de forraje es un carácter muy influenciado por el ambiente es de utilidad definir variables asociadas a la producción de forraje como criterios de selección tempranos en festuca alta (Buratovich, 2015). Las mediciones sobre variables morfogénéticas y estructurales se pueden realizar por muestreos destructivos y no destructivos, cualquiera de ellos es válido ya que no producen diferencias significativas sobre los datos generados por cada metodología (Davies, 1979).

Ya que el estrés por salinidad puede causar cambios en las variables morfogénéticas como la tasa de aparición de hojas, la tasa de elongación foliar y la longevidad de las

hojas, se consideran a esas variables importantes para caracterizar el germoplasma y la respuesta a la selección.

## 1.5 MEJORAMIENTO GENÉTICO EN FESTUCA ALTA

La festuca es una especie de fecundación cruzada obligada ya que presenta un sistema de autoincompatibilidad (Casler, 1998; Forster *et al.*, 2001). En consecuencia, el sistema de mejoramiento se centra en el desarrollo de variedades sintéticas superiores y en poblaciones heterogéneas mejoradas (Majidi *et al.*, 2009).

Actualmente, el desplazamiento de los sistemas ganaderos a suelos con limitantes por drenaje interno, salinidad y alcalinidad (Gallego *et al.*, 2013) plantea nuevos horizontes para los programas de mejoramiento de festuca alta como gramínea base de los sistemas pastoriles.

Algunos cultivares comerciales de festuca, derivados de "Palenque MAG", libres de endófitos y desarrollados en INTA Pergamino, han sobrevivido en suelos halomórficos con elevado pH, presencia de sales solubles como cloruro de sodio, anegamientos y sequías temporarias. Este germoplasma puede servir como base para el mejoramiento genético de la especie en esos ambientes (Martinez y Rimieri, 2016).

Tradicionalmente los programas de mejoramiento enfocados en detectar genotipos tolerantes a salinidad, han realizado sus investigaciones en cultivos hidropónicos o sistemas con arena (Munns *et al.*, 2002; Genc *et al.*, 2007), argumentando que los genotipos destacados darán como resultado un mejor desempeño en el campo (Tavakkoli *et al.*, 2012). Sin embargo, no hay hasta el momento evidencias sólidas para apoyar esto, la capacidad de los sistemas hidropónicos para identificar genotipos tolerantes a salinidad en el campo debe evaluarse (Gregory *et al.*, 2009).

Numerosos trabajos han demostrado que los experimentos fisiológicos sólo brindan información en condiciones controladas con soluciones salinas constantes y periodos cortos de evaluación, mientras que el estrés por salinidad en el campo muestra variación espacial y temporal (Flowers y Hajibagheri, 2001; Munns *et al.*, 2002; Genc *et al.*, 2007; James *et al.*, 2008; Rajendran *et al.*, 2009; Kopittke *et al.*, 2011; Tavakkoli, 2011).

Tavakkoli *et al.* (2010) demostraron en dos genotipos de cebada, que la evaluación en sistemas de solución salina constante podría no ser capaz de discernir diferencias en la tolerancia a la salinidad entre los dos genotipos en un suelo salino. Por lo tanto, la extrapolación de resultados en situaciones controladas a situaciones reales de suelos halomórficos no sería confiable (Tavakkoli *et al.*, 2012; Setter *et al.*, 2016).

La variación del estrés salino a campo implica que las plantas estarán sometidas a diferentes concentraciones de sal durante su ciclo de vida. Se desconoce cuál es el nivel de sal más apropiado y la etapa de crecimiento que se relaciona mejor con la detección de variabilidad genética (Tavakkoli *et al.*, 2012). Obtener este tipo de información es importante para desarrollar un criterio de selección útil y de fácil implementación, que permita desarrollar métodos de selección eficientes (Richards, 1983; Richards *et al.*, 1987; El-hendawy *et al.*, 2005).

El mejoramiento genético de una especie depende de la magnitud y la naturaleza de la variación genética heredable existente en el germoplasma disponible, ya sean poblaciones naturales, ecotipos, cultivares de polinización libre o variedades sintéticas (Harlan, 1983; Sleper, 1987; Hallauer, 1988).

En especies forrajeras habitualmente se desea mejorar caracteres cuantitativos, en su mayoría determinados por sistemas poligénicos (Mariotti y Collavino, 2014). La estimación de parámetros genéticos como variabilidad genética, heredabilidad, interacciones genotípicas-ambientales, correlaciones entre caracteres y ganancias genéticas, son fundamentales para definir criterios y métodos de selección en un plan de mejoramiento (Gardner, 1963; Dudley y Moll, 1969; Majidi *et al.*, 2009). Estimar los componentes de la varianza permite saber qué proporción de la variabilidad fenotípica observada se debe a efectos genéticos y qué proporción de la variabilidad genotípica se debe a efectos aditivos (Falconer y Mackay, 1996).

El rendimiento de forraje es un carácter cuantitativo complejo y de bajo control genético, los valores de heredabilidad han sido generalmente bajos (Schiller y Lazenby, 1975). Variables de crecimiento inicial relacionadas con el rendimiento de forraje como la tasa de expansión del área foliar, tasa de elongación de la hoja y longitud de lámina presentaron valores de heredabilidad mayores a 0,30 en poblaciones de festuca alta (Buratovich, 2015). Ghesquière *et al.* (1994) reportaron valores bajos de heredabilidad para el área foliar específica y tasa de aparición de hojas en raigrás perenne (*Lolium perenne* L.) por lo que serían caracteres de menor utilidad para el mejoramiento.

Respecto a la relación entre variables de interés agronómico, se han reportado correlaciones positivas entre largo de lámina, tasa de elongación foliar, superficie de lámina, área foliar por macollo y tasa de expansión del área foliar con el rendimiento de forraje en poblaciones de festuca alta (Horst *et al.*, 1978; Buratovich, 2015) y en raigrás perenne (Bahmani *et al.*, 2000; Sartie *et al.*, 2011).

El principal desafío del mejoramiento en festuca, es determinar caracteres asociados con la tolerancia a la salinidad e identificar la etapa de crecimiento que permite observar la

mayor variabilidad genética frente al estrés salino. Además, se deben desarrollar métodos de selección repetibles y simples, que puedan ser aplicados en situaciones reales a campo (Tavakkoli *et al.*, 2012).

## **1.6 RESPUESTA A LA SELECCIÓN EN SUELO SALINO-SÓDICO**

La expresión de los genes es afectada considerablemente por el entorno (Parsons, 1988; Davies, 1988; Majidi *et al.*, 2009). Algunos trabajos sugieren que las diferencias genotípicas se maximizan en condiciones ambientales extremadamente estresantes (Parsons, 1987; Duncan y Carrow, 1999). Pérez de la Vega (1996) afirma que la adaptación al estrés se logra más fácilmente en entornos menos favorables donde la presión de selección reduce la variabilidad genética y elimina los genes menos adaptados.

Por otro lado, Setter *et al.* (2016) sugieren que la selección de genotipos tolerantes a salinidad se debe evaluar combinando una alta productividad tanto en suelos salinos como no salinos para observar claramente la “adaptación local”. Sin embargo, no es posible saber con certeza la cantidad de mejoramiento logrado en un ambiente que será transmitido si la población/cultivar se trasfiere a otro ambiente diferente (Falconer y Mackay, 1996).

La selección directa puede ser difícil de llevar adelante en ambientes extremos. Cuando los recursos disponibles no alcanzan para detectar con precisión los genotipos mejor adaptados localmente, puede ser necesario mejorar para una amplia adaptación (Piepho y Möhring, 2005). Generalmente en los programas de mejoramiento se buscan cultivares con buen comportamiento en varios ambientes y no solamente en un ambiente específico (Falconer y Mackay, 1996). El proceso de selección en varios ambientes y el ranking de genotipos en cada ambiente, es un dilema que ha sido tratado principalmente en mejoramiento animal (Henderson, 1976), pero ha sido poco desarrollado en mejoramiento vegetal (Atlin *et al.*, 2011).

La selección indirecta puede ser una alternativa para evaluar el comportamiento que tendrá una población en un ambiente diferente a aquel en el que se realizó la selección. Es importante determinar cuánto se puede ganar o perder cuando se lleva a cabo la selección en un ambiente diferente al que se quiera que viva la población en estudio (ambiente objetivo) (Falconer y Mackay, 1996).

La media de los genotipos en el ambiente objetivo, puede considerarse como un carácter correlacionado con la media de los genotipos en el ambiente de selección. Esto permite estimar la respuesta correlacionada o indirecta la cual podría superar a la respuesta directa en el ambiente objetivo (Curnow, 1988; Atlin *et al.*, 2000a).

La ganancia genética por selección indirecta puede predecirse considerando la estimación de heredabilidad, la correlación genética entre los ambientes y el desempeño de la población en cada ambiente. La eficiencia de la selección indirecta estará dada por el cociente entre los valores de la respuesta directa e indirecta a la selección (Falconer y Mackay, 1996).

Distintos autores han estimado altas correlaciones para los efectos genotípicos estimados entre diferentes ambientes (Peterson y Pfeiffer, 1989; Braun *et al.*, 1992; Cooper *et al.*, 1993; Atlin *et al.*, 2000b; Piepho y Möring 2005).

Los programas de mejoramiento vegetal eficientes se basan en una evaluación precisa de los genotipos en experimentos de campo (Lado *et al.*, 2013; Bernal-Vasquez *et al.*, 2014; Sarker y Singh, 2015). Con el enfoque de modelos mixtos es posible evaluar los efectos genotípicos y la interacción genotipo por ambiente de manera flexible. Las variaciones espaciales, temporales y las interacciones genético-ambiental pueden ser modeladas adecuadamente, y los datos incompletos se manejan fácilmente (Kelly *et al.*, 2007).

El uso de diseños como bloques incompletos al azar permite corregir parte de la tendencia espacial en el campo pero requiere utilizar un modelo estadístico adecuado para una separación eficiente de los efectos genéticos y ambientales (Qiao *et al.*, 2000; Smith *et al.*, 2002; Oakey *et al.*, 2006). Las variaciones entre repeticiones, bloques dentro de repeticiones y errores se presume que son propias de cada sitio de evaluación (So y Edwards, 2011). En ocasiones, el diseño experimental puede no ser suficiente para controlar la variación espacial. Es importante corregir espacialmente las estimaciones de los efectos genotípicos, sobre todo cuando se evalúan muchos genotipos en pocas repeticiones o cuando no es posible asegurar la homogeneidad dentro de los bloques (Casanoves *et al.*, 2005; Ostengo *et al.*, 2013; Rodríguez-Álvarez *et al.*, 2016).

Cuando los modelos estadísticos son muy complejos se pueden realizar los análisis en dos etapas. Éste procedimiento, tiene la ventaja de permitir la heterogeneidad de varianzas entre ensayos y facilitar el manejo de experimentos con diferentes estructuras de diseño y modelado (Piepho y Eckl†, 2013; Damesa *et al.*, 2017).

Modelar adecuadamente las estructuras de varianza de los efectos genéticos, de interacción y residuales, permite estimaciones más precisas y hace más eficiente la selección de genotipos. Cabe aclarar que esos genotipos seleccionados, serán genotipos parentales de nuevos cultivares experimentales. De ahí la importancia de modelar las estructuras de varianza de los efectos aleatorios en los programas de mejoramiento para evitar sesgos en la selección.



## **HIPÓTESIS**

La selección indirecta es eficiente para mejorar caracteres estructurales y morfogenéticos en *Festuca arundinacea* para suelos salino-sódico.

## **OBJETIVO GENERAL**

Determinar la respuesta a la selección y la eficiencia de la selección indirecta en caracteres estructurales y morfogenéticos para mejorar la performance en suelos salino-sódico de la población de festuca alta en estudio.

## **OBJETIVOS ESPECÍFICOS**

-Estimar la variabilidad genética aditiva y heredabilidad en sentido estricto de los caracteres estructurales y morfogenéticos.

-Determinar las correlaciones genéticas aditivas entre el ambiente salino-sódico y un ambiente sin estrés.

-Predecir la respuesta a la selección directa en suelo salino-sódico y la respuesta indirecta seleccionando en ambiente sin estrés.

-Determinar la eficiencia a la selección indirecta.

-Evaluar el impacto en la selección del modelo de análisis que contemple varianzas heterogéneas y correlaciones temporales.

## 2. MATERIALES Y MÉTODOS

### 2.1 AMBIENTES DE EVALUACIÓN

Los experimentos se llevaron a cabo en dos ambientes contrastantes. A partir de aquí los denominaremos con estrés (E) haciendo referencia a un suelo salino-sódico y ambiente sin estrés (sE) haciendo referencia a un suelo no salino.

- Ambiente E. El ensayo se ubicó en el establecimiento “La Catalina”, en la localidad de Bolívar (36° 03' 13" latitud sur; 60° 43' 13" longitud oeste). El suelo corresponde a un Natracualf típico (Figura 3).



Figura 3. Ensayo en ambiente E.

- Ambiente sE. El ensayo fue sembrado en un lote de la EEA INTA Pergamino (33° 56' 58" latitud sur; 60° 33' 54" longitud oeste). El suelo corresponde a un Argiudol típico, serie Pergamino, de textura franco-limosa (Figura 4).



Figura 4. Ensayo en ambiente sE.

Con el fin de conocer la condición del suelo al momento de la siembra en ambos ambientes, se realizaron muestreos representativos de suelo (0-10cm). El análisis de cada muestra compuesta se llevó a cabo en el laboratorio de suelos y agua de la EEA INTA Pergamino (Tabla 2). Los ensayos fueron sembrados el 15 de marzo en Bolívar y el 28 de marzo en Pergamino, ambos en el año 2018.

Tabla 2. Análisis de suelo para cada ambiente de evaluación al momento de la siembra.

Ambiente	pH	CE (dS m <sup>-1</sup> )	PSI (%)
E	8,9	6,96	205
sE	5,9	0,13	4

CE= Conductividad Eléctrica, PSI= Porcentaje de sodio intercambiable. E= Estrés.  
sE= sin Estrés.

## 2.2 MATERIAL VEGETAL Y DISEÑO EXPERIMENTAL

En el año 2015 se recolectaron al azar 82 matas de festucas. Estos genotipos, sobrevivieron a periodos prolongados de anegamiento y sequía en un bajo salino-sódico implantado en el año 2008-2009 en el establecimiento “La Catalina”, Bolívar, Buenos Aires. Su origen proviene de los cultivares comerciales Brava INTA y Baguala.

Los 82 genotipos se trasplantaron en el campo experimental de la EEA INTA Pergamino con el objetivo de producir semillas. Utilizando como criterio de selección la

mayor producción de semilla, 50 individuos fueron seleccionados y utilizados como parentales para la generación de familias de medios hermanos (FMH).

En el año 2016, los 50 parentales fueron clonados en tres matas y se dispusieron en plantas individuales distribuidas al azar en una disposición a tres bolillos (polycross), a una distancia de 0,40 m entre surcos y 0,80 m entre plantas (Figura 5). Al final del ciclo, se procedió a la cosecha individual de las matas obteniendo las 50 FMH.



Figura 5. Polycross de los 50 padres en ambiente sE.

En el año 2017 se realizó la siembra de los ensayos en ambos ambientes, pero las intensas y frecuentes lluvias derivaron en la inundación del lote correspondiente al ambiente E.

En el año 2018 se establecieron nuevamente los ensayos en ambos ambientes. Se evaluaron 52 genotipos: 50 FMH y dos cultivares comerciales (Brava INTA y Baguala), ambos relacionados con el origen de la población. En el presente trabajo se utilizó el término "genotipo", en un sentido general y como sinónimo de FMH para representar el material vegetal probado en los ensayos descriptos (Smith *et al.*, 2007).

El diseño experimental empleado fue de bloques incompletos al azar con dos repeticiones. La Unidad Experimental quedó constituida por una micro parcela de 0,96 m<sup>2</sup> en stand denso. La densidad de siembra fue de 500 semillas viables por m<sup>2</sup> en el ambiente sE y 1000 semillas viables por m<sup>2</sup> en el ambiente E para asegurar el stand de plantas en el ensayo. La fertilización a la siembra se realizó con 120 kg ha<sup>-1</sup> de fosfato diamónico.

## 2.3 MUESTREO Y CARACTERES EVALUADOS

Los datos se registraron entre los meses de marzo a septiembre durante el año de implantación, período que corresponde al crecimiento inicial de la especie (Datos climáticos en ANEXO I). Los muestreos destructivos se basaron en la metodología propuesta por Davies (1993) y Tallowin, *et al.* (1995). Se recolectaron al azar en cada muestreo 5 macollos por UE, con una frecuencia basada en el tiempo térmico (TT) de 550°Cd correspondiente a la vida media foliar en festuca alta (Lemaire y Chapman, 1996).

El TT se calculó como la acumulación de la temperatura media diaria por encima de una temperatura base de 4°C y se utilizó la siguiente fórmula:

$$TT (^{\circ}Cd) = \Sigma(T_m - T_b)$$

Donde  $T_m$  es la temperatura media diaria [(máxima – mínima)/2] y  $T_b$  es la temperatura base por debajo de la cual el desarrollo se detiene.

Durante el periodo de evaluación se realizaron 2 cosechas de macollos en cada ambiente. El primer muestreo se realizó el 15 de junio en Bolívar y el 7 de junio en Pergamino, mientras que el segundo muestreo fue el 19 de septiembre en Bolívar y el 20 de agosto en Pergamino.

Los macollos se cortaron a nivel de la base con el fin de obtener láminas en tres categorías de edad: en expansión, recientemente expandida y pre-senescente o adulta, correspondientes a las tres primeras generaciones de hojas en un macollo juvenil (Insua *et al.*, 2013). Sobre cada macollo se midieron variables estructurales y se estimaron las relaciones (tasa) en variables morfogenéticas.

- Variables estructurales:

-Longitud Media de Lámina (LL): es el promedio de la longitud de las láminas completamente expandidas (mm). Se consideró que una hoja estaba emergida completamente cuando la lígula era visible.

-Ancho Medio de Lámina (AL): es el ancho promedio medido en la sección central de la lámina de las hojas completamente expandidas (mm).

-Superficie Media de Lámina (SL): es el producto entre LL (expandidas) y AL (mm<sup>2</sup>). La estimación de la superficie de lámina no necesitó factor de corrección ya que solo se usaron secciones centrales con bordes paralelos.

-Total de Láminas Expandidas (TLE): es el total de láminas completamente expandidas y en expansión que presenta cada macollo (mm). Se obtiene como la sumatoria de la longitud de láminas completamente expandidas y en expansión.

-Área Foliar por macollo (AF): es el producto entre TLE y AL ( $\text{mm}^2$ ).

- Variables morfológicas:

-Tasa de Expansión del Área Foliar (TEAF): es la relación entre AF y PC. Donde PC= período de crecimiento (desde la siembra al 1º muestreo y entre muestreos sucesivos) expresado como suma térmica ( $\text{mm}^2 \text{ } ^\circ\text{Cd}^{-1}$ ).

-Tasa de Aparición de Hoja (TAH): es el número de hojas nuevas (NH) que aparecieron en el macollo dividido el PC en  $^\circ\text{Cd}$ . La unidad es hojas  $^\circ\text{Cd}^{-1}$ . Donde NH= Número de Hojas nuevas por macollo: TLE/LL.

Tabla 3. Síntesis de las variables medidas.

Abreviatura	Variable
LL	Longitud de lámina (mm)
AL	Ancho de lámina (mm)
SL	Superficie de lámina ( $\text{mm}^2$ )
TLE	Total de lámina expandida (mm)
AF	Área foliar por macollo ( $\text{mm}^2$ )
TEAF	Tasa de expansión del área foliar ( $\text{mm}^2 \text{ } ^\circ\text{Cd}^{-1}$ )
TAH	Tasa de aparición de hoja (hojas $^\circ\text{Cd}^{-1}$ )

## 2.4 ANÁLISIS ESTADÍSTICO

Los análisis estadísticos se realizaron en dos etapas. En la primera etapa se obtuvieron las medias ajustadas espacialmente de los genotipos y en la segunda etapa los promedios de los genotipos en todos los ensayos se sometieron a un análisis en conjunto (Damesa *et al.*, 2017).

- Etapa 1:

En la primera etapa se procedió a realizar el ajuste de las tendencias globales y locales que existen naturalmente en el campo y se acentúan en terrenos con problemas de salinidad-sodicidad. Estas tendencias espaciales fueron ajustadas con el modelo SpATS que sigue la teoría estándar de modelos lineales generales y mixtos (Velazco *et al.*, 2017).

La ecuación (1) representa el modelo SpATS para cada ensayo:

$$Y_{ijkm} = \mu + G_i + B_j + R_{(k)} + C_{(m)} + RC_{(km)} + e_{ijkm} \quad (1)$$

Donde  $Y_{ijkm}$  son los valores fenotípicos de la variable respuesta,  $\mu$  es la media general,  $G$  es el efecto fijo del  $i$ -ésimo genotipo y  $B$  es el efecto fijo de la  $j$ -ésima repetición. Las covariables  $R$  (filas) y  $C$  (columnas) son efectos aleatorios que representan las coordenadas espaciales de las parcelas en el campo, representan los términos correspondientes a la función bidimensional P-spline que modela las tendencias en el campo. Finalmente, se asumieron varianzas genotípicas independientes y distribución normal de los residuales. Este primer análisis se realizó con el software RStudio versión 3.4.4 (Copyright (C) 2018).

Una vez ajustado este modelo, se aplicaron diagnósticos a los residuos para cada carácter para evaluar la idoneidad del modelo. A partir del análisis espacial se obtuvieron las medias genotípicas ajustadas para cada muestreo dentro de cada ambiente de evaluación (Estadística descriptiva en ANEXO II).

- Etapa 2:

En la segunda etapa, las medias genotípicas ajustadas se sometieron a un análisis conjunto considerando los factores ambiente ( $A$ ) y muestreos ( $M$ ). El modelo lineal mixto basado en estimaciones de máxima verosimilitud restringida (REML), se define mediante la ecuación (2):

$$Y_{ijm} = \mu + G_i + A_j + GA_{ij} + M(A)_{mj} + GM(A)_{ijm} \quad (2)$$

Donde  $Y_{ijm}$  son las medias ajustadas espacialmente en la etapa 1,  $\mu$  es la media general y  $G$  es el efecto aleatorio del  $i$ -ésimo genotipo donde su correspondiente interacción

con ambiente ( $A$ ) también se consideró aleatoria. El efecto de ambiente ( $A_j$ ) y muestreo dentro de ambiente ( $M(A)_{mj}$ ) se consideraron fijos. El término aleatorio  $GM(A)_{ijm}$  corresponde al residual y contiene al error experimental del modelo.

Se asumió que los efectos aleatorios de la ecuación (2) siguen una distribución normal con media igual a cero y varianzas heterogéneas, habitual en ensayos multiambientales y con muestreos secuenciales dentro de cada ambiente (Smith *et al.*, 2007). Los efectos genéticos fueron tratados como aleatorios y se estimaron los valores BLUPs para los 52 genotipos en cada ambiente y a través de los dos ambientes.

Los componentes de varianza se pudieron obtener automáticamente por REML (Patterson y Thompson, 1971) y por el modelado de las matrices para los términos aleatorios de los efectos genotípicos y del error experimental.

Debido a la condición de heterocedasticidad entre varianzas genéticas dentro de cada ambiente, se utilizó un modelo sin estructura (UNR) para los términos aleatorios  $G_i + GA_{ij}$ . Posteriormente se contemplaron las correlaciones temporales entre los muestreos dentro de cada ambiente a través del modelado de la matriz de covarianza para el término aleatorio  $GM(A)_{ijm}$ .

La modelación de la matriz de varianza y covarianza del residual se realizó probando distintas estructuras. Primero se contemplaron muestreos independientes y varianzas genéticas heterogéneas utilizando el modelo Toeplitz de una banda (IND). En segundo lugar, se consideraron muestreos correlacionados temporalmente y varianzas genéticas homogéneas entre muestreos utilizando el modelo de simetría compuesta (CO). Posteriormente, se asumieron muestreos correlacionados pero permitiendo varianzas heterogéneas a través de muestreos con un modelo no estructurado (COH). Con el fin de comparar el efecto del modelo de mejor ajuste sobre la selección, se consideró un modelo estándar (IO) que contempló varianzas genéticas homogéneas y variaciones temporales independientes.

La elección del modelo para el residual se realizó en base al criterio de información de Akaike (AIC) (Verbeke y Molenberghs, 2000). Todos los modelos se ajustaron utilizando el procedimiento PROC MIXED en la versión libre de SAS® Studio 3.2 (SAS Institute Inc., 2014).



## 2.5 PARAMETROS GENÉTICOS

A partir de los análisis realizados en la segunda etapa se consideraron los siguientes parámetros genéticos.

- Coeficiente de variación genética

$$CV_g = \frac{\sqrt{\sigma_g^2}}{\bar{X}} * 100 \quad (3)$$

Donde  $CV_g$  es el coeficiente de variación genética,  $\sqrt{\sigma_g^2}$  es la raíz cuadrada de la variancia genética entre las medias de FMH y  $\bar{X}$  es el promedio de la variable.

La variancia genética entre FMH representa la variancia genética aditiva contenida en la variación fenotípica entre las medias de las FMH (Falconer y Mackay, 1996).

- Correlaciones genéticas aditivas entre ambientes

A partir de los parámetros de covarianzas estimados por análisis de modelo mixto, se obtuvieron las correlaciones genéticas aditivas ( $\rho_g$ ) entre los ambientes utilizando la ecuación (4).

$$\rho_g = \frac{\sigma_{g(E,sE)}}{\sqrt{\sigma_{g(E)}^2 \cdot \sigma_{g(sE)}^2}} \quad (4)$$

Donde  $\sigma_{g(E,sE)}$  es la covarianza genética entre los ambientes  $E$  y  $sE$ . Los términos  $\sigma_{g(E)}^2$  y  $\sigma_{g(sE)}^2$  corresponden a las varianzas genotípicas en el ambiente  $E$  y en el ambiente  $sE$ .

- Heredabilidad en sentido estricto

Las estimaciones de heredabilidad en sentido estricto ( $h^2$ ) basadas en los promedios de FMH en cada ambiente, se calcularon según la ecuación (5) propuesta por Nguyen y Sleper (1983):

$$h^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \frac{\sigma_e^2}{m}} \quad (5)$$

Donde  $\sigma_g^2$  es la varianza genética aditiva entre las FMH,  $\sigma_e^2$  es la variancia del residual y  $m$  es el número de muestreos.

- Respuesta directa e indirecta a la selección

La respuesta predicha a la selección ( $R$ ) para cada variable en base a la media de FMH en el ambiente E, se estimó mediante la ecuación (6):

$$R = i * h * \sigma_g \quad (6)$$

Donde  $R$  es la respuesta directa a la selección en el ambiente E,  $i$  es la intensidad de selección que vale 1,554 correspondiente a seleccionar el 15% superior de la población en estudio,  $h$  y  $\sigma_g$  son la raíz cuadrada de la heredabilidad y el desvío estándar genético aditivo de las medias entre FMH en el ambiente E, respectivamente.

La respuesta indirecta a la selección para el ambiente E, se determinó mediante la ecuación (7):

$$CR = i * h * \sigma_g * \rho_g \quad (7)$$

Donde  $CR$  es la respuesta indirecta en el ambiente E luego de haber realizado una selección dirigida en el ambiente sE,  $i$  es la intensidad de selección igual que en la Ec. (6),  $h$  es la raíz cuadrada de la heredabilidad en el ambiente sE,  $\sigma_g$  es el desvío estándar genético aditivo de las medias familiares en el ambiente E y  $\rho_g$  es la correlación genética aditiva entre ambos ambientes.

Para brindar una mejor lectura de los resultados la  $R$  y  $CR$  fueron expresados en porcentaje respecto a la media inicial para cada variable.

- Eficiencia de selección

El mérito de seleccionar en el ambiente sE el 15% superior de FMH de festuca para mejorar la performance en el ambiente E, puede medirse a través del cociente entre la  $CR$  y  $R$ , representado en la ecuación (8).

$$Eficiencia = \frac{CR}{R} \quad (8)$$

## 2.6 EFECTO DEL MODELO EN LA SELECCIÓN

Para evaluar el efecto sobre la selección de ajustar un modelo adecuado a la naturaleza de los datos, se realizó para cada carácter en cada ambiente y a través de los ambientes, estimaciones de las ganancias genéticas relativas ( $GG$ ) a partir de la ecuación (9) propuesta por Costa e Silva *et al.* (2001):

$$GG = \frac{G_1 - G_2}{G_2} * 100 \quad (9)$$

Donde  $G_1$  y  $G_2$  son las respuestas genéticas esperadas de seleccionar el 15% de genotipos superiores por el modelo de mejor ajuste y el estándar (IO), respectivamente.  $G_1$  y  $G_2$  se calcularon como promedios de los individuos seleccionados por cada modelo, utilizando las medias ajustadas espacialmente.

Posteriormente se realizó la comparación entre la capacidad de discriminar el 15% de genotipos superiores comparando el modelo de mejor ajuste versus el modelo estándar. Para ello se emplearon las estimaciones de BLUPs en cada ambiente y a través de los ambientes, y se calcularon las correlaciones de rango de Spearman entre los valores genéticos pronosticados por cada modelo.

### 3. RESULTADOS

#### 3.1 AJUSTE DE LOS MODELOS

En la Tabla 4 se muestra la comparación de los modelos para la estructura de (co)varianza de los errores (correlación temporal y heterocedasticidad) y el modelo estándar (IO), basado en el criterio de Aikake. Se muestran las diferencias de los modelos individuales respecto al mejor modelo, este último con valor cero (0).

Tabla 4. Comparación de modelos basado en el criterio de Aikake (AIC).

Modelo	AIC						
	AL	LL	SL	TLE	AF	TEAF	TAH
IND	0	0	0	0	0	0	0
CO	NC	21	10	50	23	NC	210
COH	4	4	4	4	6	4	4
IO	8	31	24	46	23	32	218

AIC=0 indica mejor ajuste. NC= el modelo no convergió. IND= muestreos independientes y varianzas heterogéneas, CO= muestreos correlacionados y varianzas homogéneas, COH= muestreos correlacionados y varianzas heterogéneas, IO= muestreos independientes y varianzas homogéneas. Referencia de las variables en Tabla 3.

Puede observarse que para todas las variables el modelo que mejor ajustó los datos fue IND. Mientras que los modelos CO e IO fueron los de peor ajuste o no convergieron.

#### 3.2 PARAMETROS GENÉTICOS

- Coeficientes de variación genética y correlaciones genéticas aditivas

En la Tabla 5 se pueden observar las estimaciones de los coeficientes de variación genotípicas ( $CV_g$ ) y las correlaciones genéticas aditivas entre ambientes ( $\rho_g$ ).

Tabla 5. Coeficientes de variación genética ( $CV_g$ ) y correlaciones genéticas aditivas entre ambientes de selección ( $\rho_g$ ).

	$CV_g$		
	E	sE	$\rho_g$
AL	4,68	1,78	0,73
LL	4,30	7,69	0,60
SL	7,99	7,45	0,28
TLE	1,56	6,25	0,74
AF	4,74	4,79	1,00
TEAF	4,40	4,10	0,92
TAH	1,47	1,96	0,24

$CV_g$ = Coeficiente de variación genética, E= ambiente con estrés, sE= ambiente sin estrés,  $\rho_g$ = correlación genética aditiva entre ambiente E y sE. Referencia de variables en Tabla 3.

En el ambiente E la variable SL obtuvo el mayor valor de  $CV_g$ , mientras que en el ambiente sE la variable de mayor valor de  $CV_g$  fue LL y en segundo lugar SL.

Si comparamos los valores de  $CV_g$  entre ambientes, la variable AL presentó mayor valor de  $CV_g$  en el ambiente E respecto al ambiente sE, mientras que LL y TLE presentaron mayores valores de  $CV_g$  en el ambiente sE respecto al ambiente E. El resto de las variables tuvieron un  $CV_g$  similar en ambos ambientes.

Las correlaciones genéticas entre ambientes fueron positivas para todas las variables y con valores iguales o mayores a 0,60, excepto SL y TAH que tuvieron valores positivos pero bajos, 0,28 y 0,24 respectivamente.

- Heredabilidad en sentido estricto

En la Tabla 6 se presentan los valores de heredabilidad ( $h^2$ ) para las variables evaluadas en cada ambiente. Se observa que las variables AL y SL, presentaron mayores valores de heredabilidad en el ambiente E respecto a sE, mientras que LL y TLE presentaron mayores valores de heredabilidad en el ambiente sE respecto a E. El resto de las variables mostraron valores similares en ambos ambiente.

Tabla 6. Valores de heredabilidad en sentido estricto ( $h^2$ ) para cada variable en cada ambiente.

	$h^2$	
	E	sE
AL	0,40	0,05
LL	0,21	0,45
SL	0,32	0,25
TLE	0,03	0,37
AF	0,14	0,13
TEAF	0,10	0,12
TAH	0,04	0,09

$h^2$ = heredabilidad en sentido estricto, E= ambiente con estrés, sE= ambiente sin estrés. Referencia de las variables en Tabla 3.

- Respuesta a la selección y eficiencia de la selección indirecta

En la Tabla 7 se muestran las respuestas a la selección directa e indirecta en el ambiente E ( $R$  y  $CR$ , respectivamente) expresadas en porcentaje (%) respecto a la media inicial y la eficiencia de selección indirecta para el ambiente E, cuando se elige el 15% de genotipos superiores (intensidad de selección= 1,554). Valores de eficiencia mayores a 1 indican que la  $CR$  es más eficiente que la  $R$ .

SL obtuvo la mayor  $R$  (7,03%), mientras que TLE obtuvo el valor más bajo (0,43%). La eficiencia de la selección indirecta fue mayor a 1 solo para la variable TLE (1,55), mientras que TEAF obtuvo una eficiencia equivalente 1 y el resto de las variables obtuvieron valores inferiores.

Tabla 7. Respuesta directa ( $R$ ) e indirecta ( $CR$ ) a la selección en el ambiente E y la eficiencia de la selección indirecta ( $CR/R$ ).

	$R$	$CR$	$Eficiencia$
AL	4,61	1,18	0,26
LL	3,04	2,69	0,88
SL	7,03	1,77	0,25
TLE	0,43	0,66	1,55
AF	2,78	2,65	0,95
TEAF	2,18	2,18	1,00
TAH	0,48	0,16	0,34

$R$  y  $CR$ = expresado en porcentaje respecto a la media inicial. Referencia de las variables en Tabla 3.

Para complementar la información obtenida a través de los parámetros genéticos estimados, se muestran a continuación los genotipos selectos empleando como criterio la variable TLE (Eficiencia mayor a 1) (Figura 6) y la variable SL (mayor  $R$ ) (Figura 7).

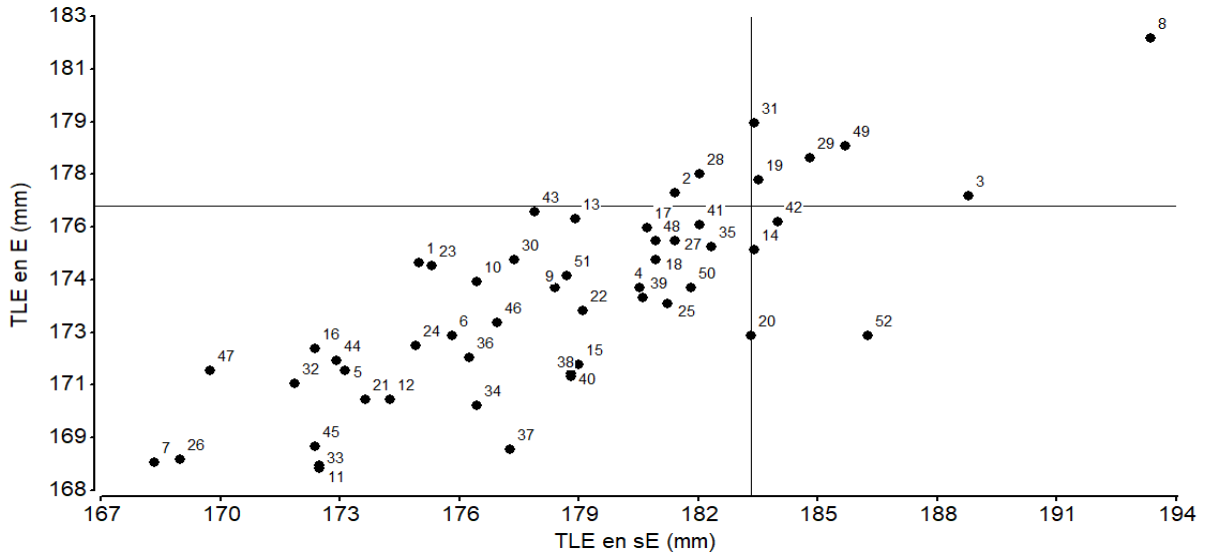


Figura 6. Genotipos selectos en el ambiente E y sE empleando como criterio de selección TLE (mm). Las líneas de corte indican el 15% de genotipos superiores.

En la Figura 6 se observa que si seleccionáramos el 15% de genotipos superiores empleando como criterio TLE, el 75% serían seleccionados en ambos ambientes.

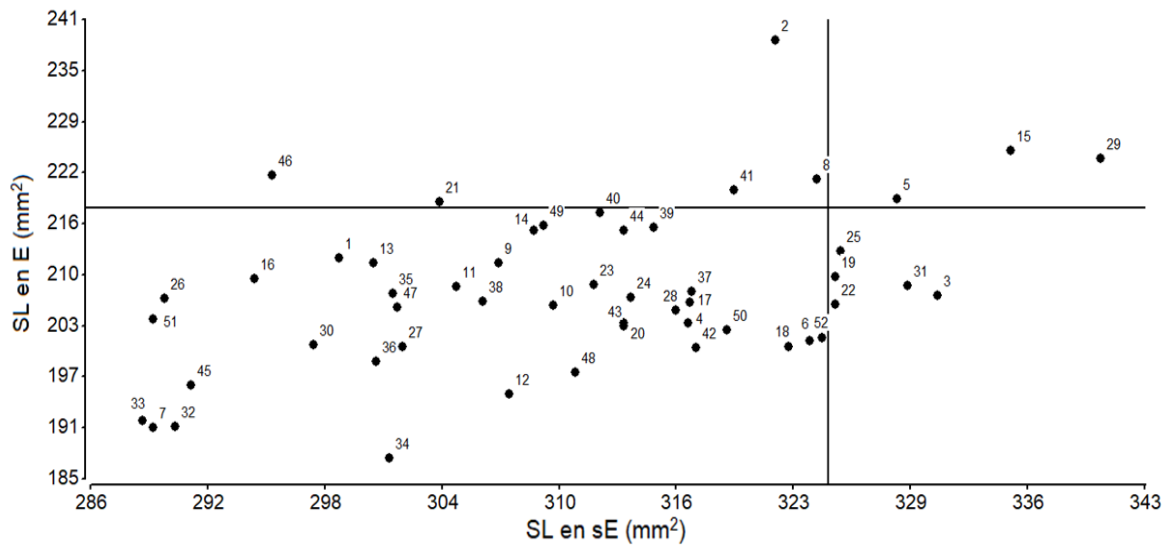


Figura 7. Genotipos selectos en el ambiente E y sE empleando como criterio de selección SL (mm<sup>2</sup>). Las líneas de corte indican el 15% de genotipos superiores.



En la Figura 7 se observa que si seleccionáramos el 15% de genotipos superiores empleando como criterio SL, el 37% de los genotipos serían seleccionados en ambos ambientes.

### 3.3 EFECTO DEL MODELO EN LA SELECCIÓN

En la Tabla 8 se muestran las  $GG$  (%) de los genotipos seleccionados con el modelo de mejor ajuste IND vs el modelo estándar IO (ecuación 9) para cada carácter en cada ambiente de selección (E y sE) y a través de los ambientes (E,sE).

Los mayores valores en el ambiente E se da para la variable TAH, seguida de TLE y LL. Por el contrario, en el ambiente sE las mayores diferencias las obtuvieron AF y AL, en ese orden de magnitud. Mientras que en el desempeño a través de los ambientes, TAH fue la de mayor diferencia.

En todas las situaciones la variable SL obtuvo las menores  $GG$ , incluso fue cero para la evaluación a través de los ambientes.

Tabla 8. Ganancias genéticas relativas ( $GG$ ) expresada en porcentaje para cada ambiente de selección (E y sE) y a través de ambos ambientes (E,sE).

	E	sE	E,sE
AL	1,2	6,5	0,7
LL	5,1	3,2	1,6
SL	0,2	1,6	0
TLE	5,7	2,3	1,1
AF	1,7	7,6	2,9
TEAF	3,5	1,9	1,5
TAH	8,1	4,6	4,5

E= ambiente con estrés. sE= ambiente sin estrés. Referencia de las variables en Tabla 3.

Dado que la variable TLE obtuvo mayor eficiencia a la selección indirecta, se muestran en las Figuras 8, 9 y 10, las diferencias en la selección de genotipos entre el modelo de mejor ajuste IND y el modelo estándar IO en el ambiente E, ambiente sE y a través de los ambientes.

En todas las comparaciones, las correlaciones de Spearman fueron positivas y significativas ( $p > 0,05$ ) y los modelos no seleccionaron los mismos genotipos.

En el ambiente E (Figura 8) se observa que tres genotipos seleccionados por el modelo IO, cambiaron su orden respecto al modelo de mejor ajuste IND. Mientras que en el ambiente sE (Figura 9) dos genotipos selectos por IO cambiaron su orden respecto al modelo IND. La selección de genotipos de cada modelo a través de los ambientes (Figura 10) repite el patrón observado en en la Figura 8.

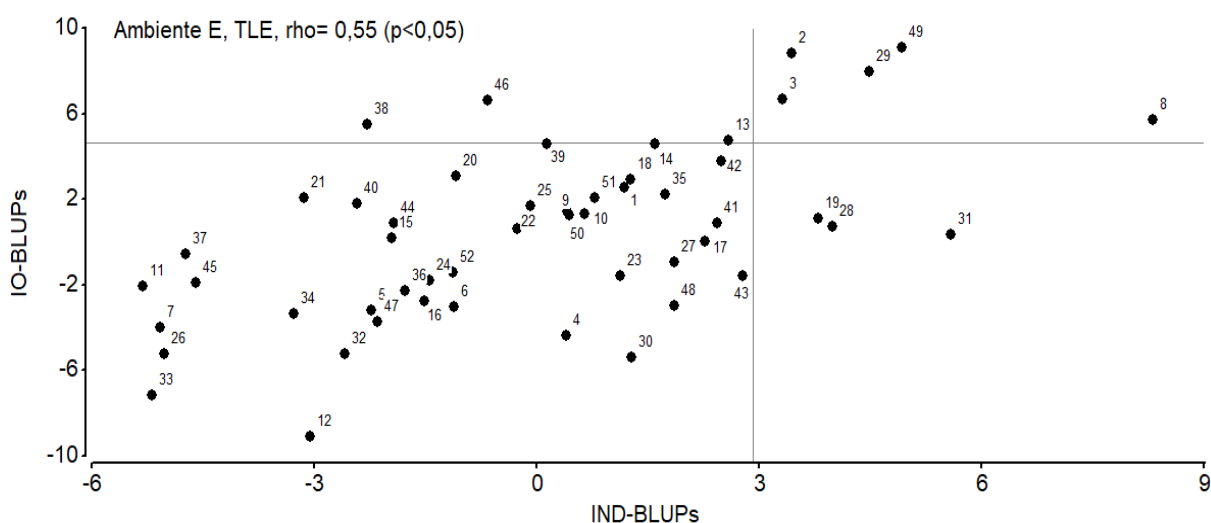


Figura 8. Valores de BLUPs en el ambiente E. En el eje Y se representan los valores para el modelo estándar IO (IO-BLUPs), la línea de corte indica el 15% de selección. Sobre el eje X se representan los valores para el modelo de mejor ajuste IND (IND-BLUPs) y la línea de corte representa el 15% de selección. Referencia de las variables en Tabla 3.

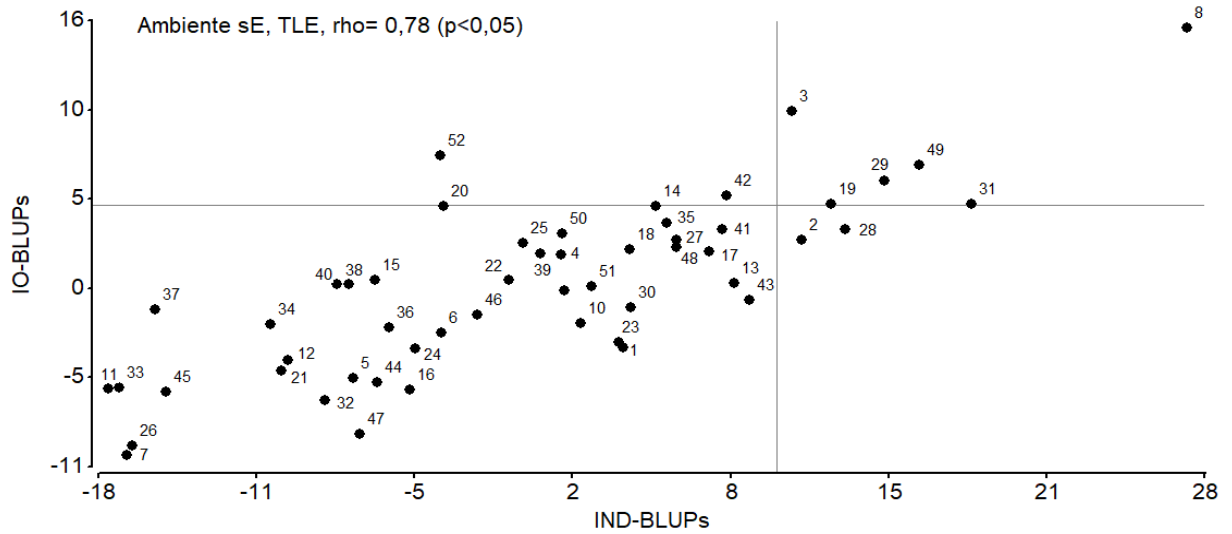


Figura 9. Valores de BLUPs en el ambiente sE. En el eje Y se representan los valores para el modelo estándar IO (IO-BLUPs), la línea de corte indica el 15% de selección. Sobre el eje X se representan los valores para el modelo de mejor ajuste IND (IND-BLUPs) y la línea de corte representa el 15% de selección. Referencia de las variables en Tabla 3.

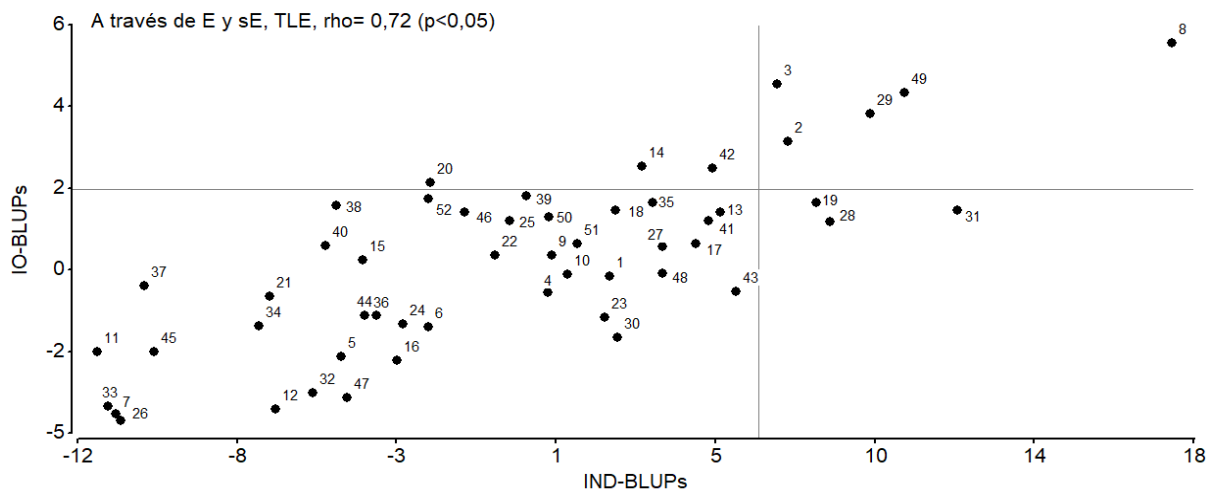


Figura 10. Valores de BLUPs a través de ambos ambientes. En el eje Y se representan los valores para el modelo estándar IO (IO-BLUPs), la línea de corte indica el 15% de selección. Sobre el eje X se representan los valores para el modelo de mejor ajuste IND (IND-BLUPs) y la línea de corte representa el 15% de selección. Referencia de las variables en Tabla 3.

## 4. DISCUSIÓN

### 4.1 AJUSTE DE LOS MODELOS

Los resultados exploratorios sobre los modelos presentados en la Tabla 4, permitieron inferir independencia y varianzas residuales diferentes entre los muestreos. Esto ocurrió para todas las variables evaluadas y pudo deberse a que en el presente trabajo, los intervalos entre muestreos fueron extensos (entre 2 y 3 meses). En consecuencia, el propio lapso de tiempo transcurrido entre los muestreos implicaría que la varianza del error dependiera del momento en que se realizó la medición, generando varianzas residuales distintas.

Los resultados presentados están en concordancia con lo expuesto por Bernal y Rozo Forero (2017), quienes explicaron que la independencia entre mediciones repetidas en el tiempo es aceptable cuando el intervalo entre ellas es grande (ej. Mensuales) y por lo tanto, las varianzas residuales suelen ser diferentes.

La heterogeneidad entre varianzas y la independencia entre muestreos determinada en el presente estudio coincidió parcialmente con otros autores (Smith *et al.*, 2007; Ostengo *et al.*, 2013; Piepho y Eckl†, 2013), quienes también determinaron varianzas residuales heterogéneas entre muestreos pero por el contrario, el modelo de mejor ajuste para sus ensayos contempló la existencia de correlaciones temporales en medidas repetidas en el tiempo. Opuestamente a los resultados aquí presentados, Buratovich (2015) reportó en festuca que el modelo de mejor ajuste para medidas repetidas en el tiempo contemplaba correlaciones y varianzas iguales entre muestreos en las variables LL, SL, AF y TAH.

Los modelos que no contemplaron varianzas heterogéneas y que son equivalentes al clásico modelo de ANOVA (CO e IO), fueron los de peor ajuste o incluso no convergieron (Tabla 4). Estos resultados también coinciden con los autores citados previamente (Smith *et al.*, 2007; Ostengo *et al.*, 2013; Piepho y Eckl†, 2013), y con Buratovich (2015) sólo para las variables AL y TEAF.

Probablemente las discrepancias observadas entre los resultados obtenidos (Tabla 4) y los citados, se deba principalmente a que haya diferencias en la magnitud de los intervalos de muestreos realizados en cada ensayo. Pero de la presente experiencia, podemos mencionar que fue apropiado considerar varianzas residuales heterogéneas entre muestreos ya que de lo contrario hubiéramos incurrido en errores en las estimaciones de los parámetros genéticos y en la interpretación de los resultados.

## 4.2 PARAMETROS GENÉTICOS

Como se observó en Resultados (Sección 3.2), la implementación de un modelo de análisis adecuado para cada variable permitió obtener mejores estimaciones de las varianzas genéticas aditivas, fenotípicas y de las correlaciones genéticas aditivas entre ambientes. A partir de esas estimaciones, fue posible calcular con más precisión los valores de heredabilidad en sentido estricto, las respuestas directas en E y la eficiencia a la selección indirecta para E (Kelly *et al.*, 2007). Estos resultados se discuten a continuación.

### 4.2.1 COEFICIENTE DE VARIACIÓN GENÉTICA

Los resultados presentados en la Tabla 5 mostraron que los  $CVg$  más altos en sE fueron obtenidos para las variables LL (7,69%) y SL (7,45%). Estos valores fueron superiores a los reportados por Buratovich (2015) para las mismas variables (6,39% y 6,92% respectivamente), en genotipos de festuca alta de base genética amplia. En coincidencia con nuestro trabajo, valores menores a 2% fueron obtenidos para AL y TAH. Ghesquière *et al.* (1994), en genotipos de *Lolium perenne* de origen francés, estimaron valores similares a los del presente trabajo en el LL (7,8%) y también determinaron que la TAH presentaba la menor variabilidad. La variable TLE también expresó variabilidad en el ambiente sE ( $CVg=6,25\%$ ). Estos resultados revelan que para la población de festuca alta estudiada, LL, SL y TLE presentan variabilidad genética para ser explotada en un programa de mejoramiento bajo un ambiente sE, mientras que AL y TAH no serían criterios de selección útiles.

Lo interesante que surge de los resultados de  $CVg$  reportados (Tabla 5), es el efecto del ambiente E en la expresión de la variabilidad para algunos caracteres. Por ejemplo, AL expresó mayor  $CVg$  en el ambiente E (4,68%) respecto a sE (1,78%). Por el contrario, caracteres como LL y TLE, expresaron menor variabilidad en E (4,30% y 1,56%, respectivamente) respecto a sE (7,69% y 6,25%, respectivamente).

En contraposición a lo presentado en la Tabla 5 para AL, LL y AF en ambiente E, Bazaz *et al.* (2015) reportaron la mayor variabilidad genética para el AF y no encontraron diferencias en la expresión de la variabilidad para AL y LL en situación de estrés salino entre 11 poblaciones de *Festuca arundinacea* nativas de Irán. Otra inconsistencia con nuestros datos fue reportada por Gao *et al.* (2014), que determinaron bajo condiciones controladas de estrés salino y durante los primeros 10 días de vida, mayor variabilidad en AF, variabilidad intermedia en el LL y menor en AL entre 50 plántulas de un cultivar de *Festuca arundinacea* de origen chino.

Tal vez las diferencias observadas entre los resultados reportados y citados, radican en las distintas condiciones experimentales (controladas vs. campo), en las diferentes estructuras genéticas evaluadas (FMH vs. Poblaciones/cultivares), en los distintos orígenes del material vegetal y en los periodos de tiempo evaluados (10-45 días vs. 6 meses).

Dado que la SL presentó la mayor variabilidad genética en ambas condiciones ambientales, podemos inferir que la expresión de la variabilidad de la SL no fue afectada por la condición de estrés salino. Esto revela una interesante estabilidad en su expresión genética en ambos ambientes. Por el contrario, el AL, LL y TLE (determinantes de SL) mostraron diferentes valores de  $CV_g$  según el ambiente. Para estas variables, claramente el ambiente de selección sería determinante para la expresión de los genotipos.

Otra observación interesante que surge de los resultados, es que en general las variables estructurales lograron expresar mayor  $CV_g$  respecto a las variables morfogenéticas. En relación a esto algunos autores han obtenido resultados parcialmente similares en la especie *Lolium* sp. Donde observaron diferencias entre cultivares para las variables estructurales TLE y LL, no observaron variabilidad para la TAH pero si para la TEAF. Las diferencias observadas de TEAF las atribuyeron a diferencias en las sumas térmicas (Saldanha *et al.*, 2013). En el mismo sentido, Buratovich (2015) determinó que la variable TAH había sido más influenciada por el ambiente que la variable estructural LL.

Los resultados de  $CV_g$  derivados de esta tesis, permitieron tener una idea de la variabilidad presente en la población de festuca alta estudiada, como así también del comportamiento de los genotipos en las diferentes condiciones ambientales.

#### **4.2.2 CORRELACIONES GENÉTICAS ENTRE AMBIENTES**

En la Tabla 5 se presentaron las correlaciones genéticas entre ambientes ( $\rho_g$ ). Como se puede observar, fueron positivas y de magnitudes elevadas (0,60 a 1) para la mayoría de las variables excepto para SL y TAH, que fueron positivas pero de menor magnitud (0,28 y 0,24, respectivamente). Si nos centramos en algunas variables como AF (1,00), TEAF (0,92), AL (0,73) y TLE (0,74) que se destacaron por presentar mayores valores que el resto, podríamos esperar que los genotipos seleccionados por esas variables en el ambiente sE, tendrán buena adaptación o mantendrán su buen desempeño en el ambiente E. Nuestra hipótesis en este aspecto, se relacionó con lo que indica la bibliografía en forma más general, es decir correlaciones de elevada magnitud y positivas, indicarían que se podrán extrapolar con cierta confianza el comportamiento de los genotipos selectos en el ambiente de selección al ambiente objetivo (Falconer y Mackay, 1996; Mariotti y Collavino, 2014).

Al igual que en el presente trabajo, correlaciones positivas y de distintas magnitudes (0,35 a 0,85) fueron determinadas entre 6 ambientes con estrés hídrico y sin estrés para el rendimiento promedio de grano en trigo (Martínez-Rueda y López-Castañeda, 2004). A diferencia de nuestros resultados, van Eeuwijk *et al.* (2001) estimaron correlaciones genéticas positivas y negativas, con magnitudes que variaron de -0,94 a 0,95 entre 12 ambientes con diferentes situaciones hídricas para el rendimiento de grano en cebada. Estas diferencias con nuestro trabajo tal vez radican en la propia naturaleza del material genético (una estructura genética de población alógama con genotipos persistentes en suelos salinos-sódicos) y su capacidad para expresarse en los diferentes ambientes planteados (E y sE). Claramente, los genotipos como fueron definidos al principio y las variables consideradas influyeron en la estimación de las correlaciones genéticas entre los ambientes de selección (Mariotti, 1986).

Es importante destacar que no se hallaron trabajos que reporten correlaciones entre los tipos de ambientes aquí estudiados, ni tampoco en especies forrajeras. En este sentido, el presente trabajo aportó información sobre correlaciones genéticas aditivas entre ambientes de selección para evaluar genotipos de festuca y caracteres relacionados con el rendimiento de forraje.

En principio, sabíamos que los resultados de la estimación de las correlaciones entre ambientes brindarían poca información por sí sola. Los valores de  $\rho_g$  deben ser considerados junto con la heredabilidad y varianzas genéticas aditivas, con el objetivo de predecir la respuesta indirecta a la selección, la cual se discute en las próximas secciones.

### **4.2.3 HEREDABILIDAD EN SENTIDO ESTRICTO**

Las estimaciones de heredabilidad obtenidas en el presente trabajo (Tabla 6) según la clasificación propuesta por Stanfield (1971), fueron de moderadas a bajas en todas las variables, ya que este autor considera valores moderados cuando las heredabilidades varían en un rango entre 0,2 y 0,5, y valores bajos cuando son menores a 0,2.

En contraste con nuestros resultados, Buratovich (2015) obtuvo valores de  $h^2$  mayores para las variables AL, LL, SL, AF, TEAF y TAH en ambiente sE, determinadas en una población de festuca de base genética amplia. Ghesquière *et al.* (1994) en *Lolium perenne*, obtuvieron para el LL un valor más alto (0,674) que el reportado en el presente trabajo (0,45). Las diferencias con nuestros resultados, posiblemente radiquen en las distintas estructuras genéticas de las poblaciones comparadas y diferentes ambientes de evaluación. En nuestro caso las FMH provienen de genotipos colectados en ambiente

salino-sódico, por lo que es de esperarse que la variabilidad genética aditiva sea menor que la presente en una población de base genética amplia como la utilizada por Buratovich (2015).

Las variables AL y SL presentaron los mayores valores de  $h^2$  en el ambiente E (Tabla 6). Esto indicaría que para ambos caracteres hay una mayor proporción de la varianza fenotípica que es atribuible a efectos genéticos aditivos (Falconer y Mackay, 1996). En el resto de las variables con valores bajos en E o similares en E y sE (Tabla 6), evidentemente el ambiente tuvo mayor influencia sobre la expresión genética en esos caracteres.

Existen pocos trabajos que hayan determinado  $h^2$  en las mismas variables y en un ambiente E como se planteó en la presente tesis. Sin embargo, podemos mencionar algunas investigaciones realizadas en otras especies bajo condiciones controladas. En concordancia con nuestros resultados, Elisei (2018) reportó que en situación de estrés salino, algunas variables incrementaban sus valores de  $h^2$  mientras que en otras variables los valores de  $h^2$  disminuían para variables biomasa aérea y radicular en FMH de *Lotus tenuis*.

En contraposición a los resultados presentados aquí, con valores similares de AF para ambos ambientes, Maciel (2018) determinó una reducción del valor de  $h^2$  en el AF, cuando las plántulas era sometidas a suelo salino-sódico bajo condiciones semi-controladas y en FMH de *Thinopyrum ponticum*.

La variable TAH que fue la que obtuvo los valores más bajos de heredabilidad en ambos ambientes (Tabla 6), coincidió con otros trabajos realizados en *Lolium perenne* y *Festuca arundinacea* (Ghesquière *et al.*, 1994; Buratovich, 2015). Por lo tanto, se reafirma el concepto de que el uso de esta variable como criterio de selección para mejorar la población en estudio, no sería de utilidad ya que no presenta varianza genética aditiva para explorar.

Nuevamente observamos que en general las variables estructurales presentaron mayores valores de heredabilidad que las variables morfogenéticas, esto está relacionado con la expresión de variabilidad mostrada en la Tabla 5 y fue discutido en la correspondiente sección 4.2.1. Sin embargo debemos tener en cuenta que las variables morfogenéticas fueron medidas indirectamente por lo que es lógico asumir que el componente ambiental fue mayor que el genético.

A partir de los resultados obtenidos y citados, podemos interpretar que no existe una tendencia clara del efecto del estrés salino sobre la magnitud de la  $h^2$ . Posiblemente la propia interacción del ambiente con el grupo de genes asociado a cada variable que se expresan en una situación u otra, determinen la magnitud de  $h^2$ .



#### 4.2.4 RESPUESTA A LA SELECCIÓN Y EFICIENCIA DE LA SELECCIÓN INDIRECTA

Los resultados de  $\rho_g$  (Tabla 5) y  $h^2$  (Tabla 6), fueron de utilidad para determinar la respuesta directa ( $R$ ), indirecta ( $CR$ ) y la eficiencia a la selección indirecta para el ambiente E (Tabla 7). La determinación de  $R$  y de la eficiencia de selección indirecta, fueron importantes porque nos permitieron la identificación del mejor ambiente de selección para cada variable estudiada.

En la Tabla 7 se observó que la mayor  $R$  (expresadas como porcentaje respecto a la media inicial) fue obtenida para la SL (7,03%), seguida de AL (4,61%) y LL (3,04%) mientras que los menores valores fueron para TLE (0,43%) y TAH (0,48%). Estos resultados son lógicos ya que estuvieron relacionados directamente con los mayores valores de  $h^2$  y variabilidad genética determinados para SL, AL y LL. Mientras que para TLE y TAH se estimaron valores bajos de  $h^2$  y variabilidad genética en el ambiente E. De estos resultados podemos discernir que SL presenta potencial para ser empleada como criterio de selección en el ambiente E. Además, sabemos que SL está directa y positivamente relacionada con el rendimiento de forraje (Buratovich, 2015).

En cuanto a la eficiencia de la selección indirecta (Tabla 7), la variable TEAF obtuvo un valor igual 1, lo que indicaría que la selección realizada en sE, no generaría ni incremento ni pérdidas en el ambiente objetivo E. En las variables AL, LL, SL, AF y TAH, la eficiencia estuvo por debajo de 1 y por lo tanto la selección en sE no sería viable para obtener simultáneamente ganancias genéticas en el ambiente E. Otros autores también obtuvieron eficiencias menores o iguales a 1 al evaluar distintos ambientes de selección para mejorar el rendimiento de grano en cebada, trigo y sorgo (van Eeuwijk *et al.*, 2001; Martínez-Rueda y López- Castañeda, 2004; Zavala-García *et al.*, 1992). De los resultados obtenidos en este trabajo, podemos aportar que para las variables AL, LL, SL, AF y TAH, no sería recomendable realizar selección indirecta, al menos en el par de ambientes estudiados.

La mayor eficiencia de selección indirecta se obtuvo para TLE (1,55). En este caso, la selección en el ambiente sE permitiría incrementar en 55% el valor de esa variable en el ambiente E. Estos resultados se debieron principalmente a una alta  $\rho_g$  para TLE (0,74) combinada con una moderada  $h^2$  en el ambiente sE (0,37) y por supuesto a la baja  $h^2$  de la variable TLE en el ambiente E. Esta combinación de parámetros genéticos, coincidió con la interpretación dada por Mariotti y Collavino (2014) para valores mayores a 1 de eficiencia de selección indirecta cuando se evalúan varios ambientes de selección.

Los resultados obtenidos en relación a TLE son importantes para adoptar esta variable como criterio de selección temprano y realizar selección indirecta entre ambientes contrastantes como los planteados. Cabe aclarar que TLE es un componente de la tasa de expansión foliar (TEF) y por lo tanto no solamente nos está indicando la cantidad de hojas fotosintéticamente activas sino que también, está asociada con la velocidad con que se expanden las láminas foliares (TEF) y está altamente correlacionada con el rendimiento de forraje. En relación a esto último, Buratovich (2015) reportó correlaciones genéticas de 0,98 entre TEF y rendimiento de forraje. En este mismo sentido, otros trabajos también han coincidido con lo reportado en esta tesis (Robson y Jewis, 1968; Nelson *et al.*, 1977; Horst *et al.*, 1978), para diferentes gramíneas forrajeras, ya que concluyeron que la tasa de expansión foliar puede ser un criterio *per se* para mejorar el rendimiento de forraje.

Cabe destacar que los resultados obtenidos en esta tesis, están sujetos a las implicancias de analizar solamente un año y por lo tanto en futuros estudios se deberá contemplar la repetitividad en años de evaluación. Aun así, los resultados obtenidos de la respuesta a la selección y la eficiencia de la selección indirecta, pueden ser de utilidad para los programas de mejoramiento de festuca alta que buscan producir cultivares tolerantes a salinidad y al mismo tiempo mantener una buena performance en ambientes sin estrés.

### **4.3. EFECTO DEL MODELO EN LA SELECCIÓN**

A partir de los valores de  $GG$  obtenidos (Tabla 8) podemos afirmar que implementar el modelo de mejor ajuste (IND), que contempló varianzas genéticas heterogéneas y muestreos independientes, reflejó cambios en los genotipos seleccionados. Mientras que la implementación del modelo estándar (IO), que consideró varianzas genéticas homogéneas e independencia temporal, condujo a ganancias genéticas más bajas. Nuestros resultados concuerdan con los presentados por Costa e Silva *et al.* (2001).

Para verificar la importancia de modelar estructuras de covarianzas específicas para los efectos aleatorios, se estimaron para cada modelo, los valores BLUPs en cada ambiente y a través de ambos ambientes para la variable TLE (Figuras 8, 9 y 10).

La exactitud en las predicciones de los verdaderos valores genotípicos se logró empleando la metodología BLUP y se condice con lo mencionado en otras investigaciones donde se empleó el mismo método (Dutkowski *et al.*, 2002; Xiang y Li, 2003; Atlin *et al.*, 2011). Tanto en nuestro trabajo como en los citados, el uso de BLUPs redujo el sesgo en la selección al ponderar las medias de cada genotipo por un factor conceptualmente asociado a la heredabilidad.

La eficiencia a la selección se maximizó al emplear BLUPs, ya que permitió mejorar las predicciones del desempeño de los genotipos de la misma manera que lo plantean otras investigaciones, donde comparan la importancia de ajustar un modelo estadístico adecuado al conjunto de datos que se posee y la estimación de los BLUPs para comparar la eficiencia de esos modelos (Da Costa *et al.*, 2002; Persson y Andersson, 2004).

Con respecto a las Figuras 8, 9 y 10 que se presentaron en la sección 3.3 de Resultados, se aprecia que en general las correlaciones de Spearman ( $\rho$ ) entre los modelos fueron positivas y significativa ( $p < 0,05$ ), pero menores a 0,9 y se observó inconsistencia en la clasificación de los genotipos. La  $\rho$  más baja (0,55) entre los modelos, se observó para el ambiente E (Figura 8), mientras que  $\rho$  más alta (0,78) fue en el ambiente sE (Figura 9), un valor similar (0,72) se obtuvo para la clasificación de los genotipos a través de los ambientes (Figura 10). A raíz de los distintos valores de  $\rho$  calculados según el ambiente, podríamos mencionar que la determinación de un adecuado modelo estadístico se relaciona con el ambiente de evaluación, acentuándose el sesgo en la selección en ambientes como E.

La inconsistencia observada en la clasificación de los genotipos (Figura 8, 9 y 10) coincide con lo reportado por Studnicki *et al.* (2016) quienes compararon tres modelos estadísticos para analizar datos evaluados en distintos ambientes e identificaron diferencias en el orden de los cultivares seleccionados por cada modelo. Al igual que en nuestro trabajo, determinaron que el modelo CO similar a un ANOVA, realiza una evaluación de adaptabilidad incompleta y puede llevar a conclusiones erróneas.

De la misma manera que en el presente estudio, otros autores (Smith *et al.*, 2007, Ostengo *et al.*, 2013) también informaron diferencias en las posiciones de orden de los genotipos selectos, cuando comparaban un modelo de componentes de varianzas simple y el modelo de mejor ajuste para sus datos.

La importancia de elegir un modelo estadístico que se ajuste a la naturaleza de los datos en un programa de mejoramiento, radica en que emplear un modelo de análisis inadecuado podría llevar a seleccionar equivocadamente determinados genotipos, minimizando las ganancias genéticas potenciales que se podrían obtener. Los programas de mejoramiento que involucran estos tipos de enfoques para el análisis de los datos, son más eficientes en la selección (Roostaei *et al.*, 2014; Hu, 2015).

## 5. CONCLUSIONES

- Se detectaron diferentes niveles de variabilidad genética en los ambientes considerados para los caracteres estructurales y morfogenéticos evaluados. En general, la mayor variabilidad se presentó para los caracteres estructurales.
- El ambiente con estrés provocó diferencias en la expresión de la variabilidad genética en el ancho de lámina (AL) y en el total de lámina expandida (TLE). El resto de las variables expresaron variabilidades genéticas similares en ambos ambientes.
- El ambiente con estrés salino afectó la estimación de la heredabilidad en sentido estricto en las variables estructurales, que presentaron en general un mayor componente genético aditivo. Mientras que las variables morfogenéticas mantuvieron valores bajos de heredabilidad en ambos ambientes.
- Las correlaciones genéticas aditivas entre ambientes fueron positivas y altas para la mayoría de las variables excepto para la superficie de lámina (SL) y la tasa de aparición de hojas (TAH). Lo que implicó que el comportamiento de los genotipos para la mayoría de los caracteres evaluados fue similar en ambos ambientes.
- La predicción de la respuesta directa a la selección en ambiente salino permitió mayores ganancias genéticas para la variable SL. Esta variable podrá ser utilizada como criterio de selección directo en ese ambiente.
- La eficiencia de selección indirecta para la variable TLE fue 55% más alta que la respuesta directa. Esta variable podrá ser empleada como criterio de selección en el ambiente sin estrés, para mejorar simultáneamente la respuesta a la selección en el ambiente con estrés salino-sódico.
- El modelo que contempló varianzas heterogéneas y muestreos independientes (IND), permitió un mejor ajuste a la estructura de los datos, evitó sesgos en la selección y aumentó las estimaciones de las ganancias genéticas respecto al modelo estándar.

## CONSIDERACIONES FINALES

En términos generales y en función a la hipótesis planteada, considerando a la población de festuca en estudio y las condiciones ambientales del presente trabajo, esta tesis mostró selección indirecta eficiente para la variable TLE y podríamos extenderlo para la variable TEAF. Sin embargo no fue posible constatar la hipótesis planteada al resto de las variables consideradas ya que la eficiencia a la selección indirecta fue menor a 1.

De cualquier manera vale destacar que los resultados obtenidos nos permitieron obtener información sobre la capacidad de la población en estudio para crecer e implantarse en un ambiente E como así también en un ambiente sE. Destacando la presencia de variabilidad genética aditiva para algunas variables en el ambiente E, con buena respuesta directa a la selección y heredabilidad moderada en ese ambiente como lo fue SL, pudiendo ser ésta promisoría para un futuro programa de mejoramiento de la población en estudio en ese ambiente en particular.

Por último cabe aclarar que si bien TLE mostró valores promisorios para realizar selección indirecta, sin embargo su baja  $R$  nos sugiere que la selección a través de esta variable no sería tan eficiente. De cualquier manera, en estudios futuros habría que evaluar las relaciones entre las variables con el rendimiento de forraje para asegurar dirigir el mejoramiento no solo a una adaptación que incluya ambientes salinos- sódicos sino que se preserve un rendimiento de forraje y de semilla compatible con la demanda de los sistemas productivos ganaderos.

## 6. BIBLIOGRAFÍA

-ACEVES, N. L. 1981. Los terrenos en salitrados y los métodos para la recuperación. 1ed. Departamento de Suelos, Universidad de Chapingo, México.

-ACUÑA, M.L., F. CURIN, K. GRUNBERG, O. SCHENEITER Y A. N. ANDRÉS. 2014. Efecto de diferentes sustratos salinos sobre variables de crecimiento en una población de *Thinopyrum ponticum*. 37° Congreso Argentino de Producción Animal – 2nt Joint Meeting ASAS-AAPA – XXXIX Congreso de la Sociedad Chilena – SOCHIPA, a realizarse los días 20 al 23 de octubre de 2014, en la ciudad de Buenos Aires.

-AGNUSDEI, M. G. Y O. N. DI MARCO. 2010. Ganadería en suelos bajos. el potencial productivo de las pasturas perennes en la región templado-húmeda bonaerense. Rev. Hereford, Bs. As., 75(652):76-82.

-ATLIN, G. N., K. KLEINKNECHT, K. P SINGH Y PIEPHO H. P. 2011. Managing genotype x environment interaction in plant breeding programs: a selection theory approach. Journal of the Indian society of agricultural statistic 65(2) 237-247.

-ATLIN, G. N., R. J. BAKER, X. LU Y K. B. McRAE. 2000a. Selection response in subdivided target regions. Crop Sci. 40, 7-13.

-ATLIN, G. N., X. LU Y K. B. McRAE. 2000b. Genotype x region interaction for yield in two-row barley in Canada. Crop Sci. 40, 1-6.

-BAHMANI, I., L. HAZARD, C. VARLET-GRANCHER, M. BETIN, G. LEMAIRE, C. MATTHEW Y E. R. THOM. 2000. Differences in tillering of long and short leaved perennial ryegrass genetic lines under full light and shade treatments. Crop Sci. 40: 1095-1102.

-BARNES, R. F. 1990. Importance and problems of tall fescue. In: Kasperbauer, M.J. (Ed.), Biotechnology in Tall Fescue Improvement. CRC Press, Inc., Boca Raton, Florida, pp. 1–12.

-BARRETT-LENNARD, E. G., S. J. BENNETT Y M. ALTMAN. 2013. Survival and growth of perennial halophytes on salt and in a Mediterranean environment is affected by depth to water table in summer as well as subsoil salinity. Crop Pasture Sci. 64, 123–136.

-BAZAZ, A. M., A. TEHRANIFAR, M. KAFI, A. GAZANCHIAN Y M. SHOOR. 2015. Screening of Eleven *Festuca arundinacea* Native Populations for NaCl Tolerance in Order to Use in Green Space. Journal of Ornamental Plants, Volume 5, Number 3: 131-138.

-BEARD, J. B. 1973. Turfgrass: Science and Culture. Prentice-Hall, Englewood Cliffs, New Jersey.

-BÉLANGER, G., F. GASTAL Y F. R. WAREMBOURG. 1992. The Effects of Nitrogen Fertilization and the Growing Season on Carbon Partitioning in a Sward of Tall Fescue (*Festuca arundinacea* Schreb) Annals of Botany 70: 239-244.

-BELLOTTI, W. D. Y G. J. BLAIR. 1989a. The influence of sowing method on perennial grass establishment. I. Dry matter yield and botanical composition. Australian Journal of Agricultural Research 40 (2): 301-311

-BELLOTTI, W. D. Y G. J. BLAIR. 1989b. The influence of sowing method on perennial grass establishment. II. Seedbed microenvironment, germination and emergence. Australian Journal of Agricultural Research 40 (2):313-321.

-BELLOTTI, W. D. Y G. J. BLAIR. 1989c. The influence of sowing method on perennial grass establishment. III. Survival and growth of emerged seedlings. Australian Journal of Agricultural Research 40 (2): 322-331.

-BENNETT, S.J., E. G. BARRETT-LENNARD Y T. D. COLMER. 2009. Salinity and waterlogging as constraints to salt and pasture production: a review. Agric. Ecosyst. Environ. 129, 349–360.

-BERNAL, A. M. Y J. A. ROZO FORERO. 2017. Trabajo de grado: Ventajas y desventajas del análisis de un diseño de medidas repetidas mediante análisis de varianza univariado, multivariado y modelos lineales mixtos. Universidad del Tolima, facultad de ciencias matemáticas con énfasis en estadística. Ibagué – Tolima.

-BERNAL-VASQUEZ, A. M., J. MÖHRING, M. SCHMIDT, M. SCHÖNLEBEN, C. C. SCHÖN Y H. P. PIEPHO. 2014. The importance of phenotypic data analysis for genomic prediction- a case study comparing different spatial models in rye. BMC Genom 15(1):646. doi:10.1186/1471-2164-15-646.

-BERTRAM, N. 2018. Forrajeras por ambiente en ambientes halo-hidromórficos. Día Ganado.

<https://inta.gob.ar/documentos/forrajeras-por-ambiente-en-ambientes-halo-hidromorficos>

-BERTRAM, N. Y S. CHIACCHIERA. 2011. Los ambientes no agrícolas de la región centro y la potencialidad forrajera. Informe de actualización técnica. EEA Marcos Juárez. N° 22 AR. p. 18-27.

-BORRAJO, C. I. 1998. Generación y expansión de los órganos foliares de agropiro alargado en función del material genético y la disponibilidad de nitrógeno. Tesis M. S. Universidad Nacional de Mar del Plata, Facultad de Ciencias Agrarias, Unidad Integrada Balcarce. Argentina, p. 2.

-BORRIL, M., B. TYLER Y M. LLOYD-JONES. 1971. Studies in *Festuca*. 1. A chromosome atlas of *Bovinae* and *Scariosae*. Cytologia 36:1-14.

-BRADFORD, K. J. 1995. Water relations in seed germination. 351-396. In: J. Kigel and G. Galili (Ed.). Seed Development and Germination. Marcel Dekker Inc., New York, 835p.

-BRAUN, H. J., W. H. PFEIFFER Y W. G. POLLMER. 1992. Environments for selecting widely adapted spring wheat. Crop. Sci., 32, 1420-1427.

-BUCKNER, R. C., J. B. POWELL Y R. V. FRAKES. 1979. Historical development. In: Bush LP, Buckner RC (eds) Tall fescue Agronomy Monograph. ASA, CSSA, SSSA, Madison, pp 1-8.

-BURATOVICH, M. V. 2015. Correlaciones genotípicas de variables morfológicas y estructurales con el rendimiento de forraje en festuca alta [*Schedonorus phoenix* (Scop.) Holub]. Tesis Grado Ing. Agr. Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires.

-CARDAMONE, L., A. CUATRÍN, K. GRUNBERG Y M. A. TOMÁS. 2018. Variability for salt tolerance in a collection of *Panicum coloratum* var. *makarikariense* during early growth stages. Tropical Grasslands Vol. 6(3):134-147.

-CASANOVES, F., R. MACCHIAVELLI Y M. BALZARINI. 2005. Error variation in multienvironment peanut trials: within-trial spatial correlation and between-trial heterogeneity. Crop Sci. 45: 1927-1933.

-CASLER, M. D. 1998. Breeding forage crops for increased nutritional value. Advances in Agronomy 71, 51-107.



-CASTILLO, E. G., T. P. TUONG, A. M. ISMAIL Y K. INUBUSHI. 2007. Response to Salinity in Rice: Comparative Effects of Osmotic and Ionic Stresses. *Plant Production Science* 10:159-170.

-CATTONI, M. I. 2010. Variabilidad genética de parámetros de calidad en germoplasma contrastante de festuca alta (*Festuca arundinacea* Schreb.). Tesis de Maestría. Área de producción Animal. Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires.

-CHAPMAN, D. Y G. LEMAIRE. 1993. Morphogenetic and structural determinants of plant regrowth after defoliation. In M. Baker ed. *Grasslands for Our World*. SIR Publishing. p. 55-64.

-CLAYTON, W. D. Y S. A. RENVOIZE. 1986. *Genera graminum*. Grasses of the World. *Kew Bulletin Additional Series* 13:1-389.

-COOPER, J. P. Y K. J. R. EDWARDS. 1961 The genetic control of leaf development in *Lolium*. 1. Assessment of genetic variation. *Heredity* 16: 63-82.

-COOPER, M. D. E. BYTH, I. H. DeLACY Y D. R. WOODRUFF. 1993. Predicting grain yield in Australian environments using data from CIMMYT international wheat performance trials. 1. Potential for exploiting correlated response to selection. *Field Crops Res.* 32, 305-322.

-COSTA E SILVA, J., G. W. DUTKOWSKI Y A. R. GILMOUR. 2001. Analysis of early tree height in forest genetic trials is enhanced by including a spatially correlated residual. *Can. J. For. Res.* 31: 1887–1893.

-CRAMER, G. R. Y S. A. QUARRIE. 2002. Abscisic acid is correlated with the leaf growth inhibition of four genotypes of maize differing in their response to salinity. *Functional Plant Biology*, 29 (1): 111-115.

-CURNOW, R. N. 1988. The use of correlated information on treatment effects when selecting the best treatment. *Biometrika*, 75, 287-293.

-CUYEU, R., B. ROSSO, E. PAGANO, G. SOTO, R. FOX Y N. D. AYUB. 2013. Genetic diversity in a world germplasm collection of tall fescue. *Genetics and Molecular Biology*, 36, 2, 237-242.

- DA COSTA, R. B., RESENDE, M. D. V., GONCALVES, P. S., SILVA, M. A. 2002. Individual multivariate REML/BLUP in the presence of genotype x environment interaction in rubber tree breeding. *Crop Breed. Appl. Biotechnol.* 2, 131—140.
- DAMESA, T. M., J. MÖHRING, M. WORKU Y H. P. PIEPHO. 2017. One Step at a Time: Stage-Wise Analysis of a Series of Experiments. Published in *Agron. J.* 109:1–13. Doi:10.2134/agronj2016.07.0395
- DAVIES, A. 1971. Changes in growth rate and morphology of perennial ryegrass swards at high and low nitrogen levels. *J. Agric. Sci., Camb.* 77, 123-134.
- DAVIES, A. 1988. The regrowth of grass swards. In: *The grass crop: the physiological basis of production.* Jones, M.B. and Lazenby, A. Ed: Chapman and Hall. 85-127 pp.
- DAVIES, A. 1993. Tissue turnover in the swards. In: *Sward Measurement Handbook (2<sup>o</sup>ed)* The British Grassland Society. Berks, UK. pp. 183-215.
- DAVIES, I. 1979. Developmental characteristics of grass varieties in relation to herbage production. 4. Effect of nitrogen on the length and longevity of leaf blades in primary growth of *Lolium perenne*, *Dactylis glomerata* and *Phleum pratense*. *J. Agric. Sci., Camb.* 92: 277-287.
- DONG-MEI, M., X. WEI-RONG, L. HUI-WEN, J. FENG-XIA, G. LING-NA GUO, W. JING, D. HONG-JUN Y X. XING. 2014. Co-expression of the *Arabidopsis* SOS genes enhances salt tolerance in transgenic tall fescue (*Festuca arundinacea* Schreb.). *Protoplasma* 251:219–231. Doi 10.1007/s00709-013-0540-9.
- DUDLEY, J. Y MOLL, R. 1969. Interpretation and use of estimates of heritability and genetic variances to plant breeding. *Crop Sci.* 9: 257-262.
- DUNCAN, R. R. Y R. N. CARROW. 1999. Turfgrass molecular genetic improvement for abiotic-edaphic stress resistance. *Advances Agronomy*, Volume 67. Pp 235-236, p 250.
- DURAND, J. L., C. VARLET-GRANCHER, G. LEMAIRE, F. GASTAL Y B. MOULIA. 1991. Carbon partitioning in forage crops. *Acta Biotheoretica* 39: 213-224.
- DUTKOWSKI, G.W., COSTA E SILVA, J., GILMOUR, A. R., LOPEZ, G. A. 2002. Spatial analysis methods for forest genetic trials. *Can. J. For. Res.* 32: 2201- 2214.

-DUYVENDAK, R. Y B. LUESINK. 1979. Preservation of genetics resources in grasses. In: Proc. of the conference broadening the Genetic Base of Crop. Eds. Zeven, A.M. and van Harteng, B.R., Wageningen, Holanda.

-EL-HENDAWY, S. E., Y. HU Y U. SCHMIDHALTER. 2005. Growth, ion content, gas exchange and water relations of wheat genotypes differing in salt tolerances. Australian Journal of Agricultural Research 56, 123–134.

-ELISEI, D. F. 2018. Tesis de grado: estudio de la tolerancia a salinidad en etapas vegetativas tempranas de germoplasma de *Lotus tenuis*. Escuela de Ciencias Agrarias, Naturales y Ambientales. Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires.

-EPSTEIN, E. 1979. Responses of plants to saline environments. Basic Life Sci. 14: 7-21.

-EVANGELOU, V. P. 1994. Influence of sodium on soil of humid regions. In: Plant and Crop Stress. (Mohammad Pessaraki Ed.), pp 31- 62. Univ. Of Arizona, Tucson, Arizona.

-FALCONER, D. S. Y T. F. C. MACKAY. 1996. Introduction to quantitative genetics, 4th edn. Longman Group Ltd.

-FLOWERS, T. J. Y M. A. HAJIBAGHERI. 2001. Salinity tolerance in *Hordeum vulgare*: ion concentrations in root cells of cultivars differing in salt tolerance. Plant and Soil 231, 1–9.

-FLOWERS, T. J., M. L. KOYAMA, S. A. FLOWERS, C. SUDHAJAR, K. P. SINGH Y A. R. YEO. 2000. QTL: their place in engineering tolerance of rice to salinity. Journal of Experimental Botany 51: 1- 9.

-FLOWERS, T. J., R. MUNNS Y T. D. COLMER. 2015. Sodium chloride toxicity and the cellular basis of salt tolerance in halophytes. Annals of Botany 115, 419–431.

-FORSTER, J., E. JONES, R. KÖLLIKER, M. DRAYTON, M. DUPAL, K. GU Y K. SMITH K. 2001. Application of DNA profiling to outbreeding forage species. In 'Plant genotyping: The DNA fingerprinting of plants'. (Ed. Henry RJ) (Lismore, Australia CAB International).

-FRANCOIS, L. E. Y E. V. MAAS. 1993. Crops Response and management on salt-affected soils. In: Plant and Crops Stress. (Mohammad Pessaraki Ed.) Cap. 7. Pp 149- 181. Univ. Of Arizona. Tucson, Arizona.

-FRICKE, W. Y W. S. PETERS. 2002. The biophysics of leaf growth in salt-stressed barley. A study at the cell level. *Plant Physiology*, 129 (1): 374-388.

-GALLEGO, J. J., R. A. BARBAROSSA, F. Y. MURRAY Y D. P. MIÑÓN. 2013. Capítulo II. Producción bajo riego de cultivares de festuca alta en Patagonia norte (*Festuca arundinacea* Schreb.). En: 'Producción de forraje de gramíneas y sus variedades en valles regados de Patagonia norte'. (Eds. Miñón, D. P.; Barbarossa, R. A. y Gallego, J. J.) pp 13-24. Información técnica n°34 año 7 n°16 ISSN 1666-6054.

-GAO, L. M., Y. F. LI Y R. HAN. 2014. He-Ne laser preillumination improves the resistance of tall fescue (*Festuca arundinacea* Schreb.) seedlings to high saline conditions. *Protoplasma* 252: 1135. <https://doi.org/10.1007/s00709-014-0748-3>

-GAO, Y. Y L. DEYING. 2012. Detecting salinity stress in tall fescue based on single leaf spectrum. *Scientia Horticulturae* 138: 159–164.

-GARDNER, C. O. 1963. Estimates of genetics parameters in cross fertilizing plants and their implication in plant breeding. *NAS/NRC Publications* 982: 225- 252.

-GASTAL, F., G. BÉLANGER Y G. LEMAIRE. 1992. A Model of the Leaf Extension Rate of Tall Fescue in Response to Nitrogen and Temperature. *Annals of Botany* 70: 437-442.

-GENC, Y., G. K. MCDONALD Y M. TESTER. 2007. Reassessment of tissue Na<sup>+</sup> concentration as a criterion for salinity tolerance in bread wheat. *Plant, Cell and Environment* 30, 1486–1498.

-GHESQUIÈRE, M., L. HAZARD Y M. BETIN. 1994. Breeding for management adaptation in perennial ryegrass (*Lolium perenne* L). II. Genetic variability and heritability of leaf morphogenesis components. *Agronomie*. 14:267-272.

-GIFFORD, R. H., J. H. THORNE, W. D. HITZ Y R. T. GIAQUINTA. 1984. Crop Productivity and Photoassimilate Partitioning. *Science* 225: 801-808.

-GILLET, M. 1984. Las gramíneas forrajeras. Ed. Acribia Zaragoza. España. 355 p.

-GINZO, H.D., M.B. COLLANTES Y H.O. CASO. 1986. Fertilization of a halophytic natural grassland in Argentina: herbage dry matter, botanical composition, and mineral content. *Turrialba* 36: 453-459.

-GREGORY, P. J., A. G. BENGOUGH, D. GRINEV, S. SCHMIDT, W. T. B. THOMAS, T. WOJCIECHOWSKI Y I. M. YOUNG. 2009. Root phenomics of crops: opportunities and challenges. *Functional Plant Biology* 36, 922–929.

-GRIEVE, C. M., L. E. FRANCOIS Y E. V. MAAS. 1994. Salinity affects the timing of phasic development in spring wheat. *Crop Science* 34: 1544- 1549.

-HALLAUER, A. 1988. Breeding systems. In: K. Frey ed. "Plant Breeding II" Iowa State Un. Press. Iowa.

-HAND, M. L., N. O. I. COGAN, A. V. STEWART Y J. W. FORSTER. 2010. Evolutionary history of tall fescue morphotypes inferred from molecular phylogenetic of the *Lolium-Festuca* species complex. *BMC Evol Biol* 10:303.

-HAND, M. L., N. O. I. COGAN Y J. W. FORSTER. 2012. Molecular characterization and interpretation of genetic diversity within globally distributed germplasm collections of tall fescue (*Festuca arundinacea* Schreb.) and meadow fescue (*F. pratensis* Huds.). *Theor Appl Genet* 124:1127–1137. DOI 10.1007/s00122-011-1774-6.

-HANSELIN, M. H. Y T. EGGEN. 2005. Salinity tolerance during germination of seashore halophytes and salt tolerance grass cultivars. *Seed Sci. Res.* 15: 43-50.

-HARLAN, J. R. 1983. The scope for collection and improvement of forages plants. In: Mc Ivor, J. G. and Bray, R. A. Eds. *Genetic Resources of forage plants*. CSIRO Australia.

-HENDERSON, C. R. 1976. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. *Biometrics*, 31, 423-447.

-HORST, G. L., C. J. NELSON Y K. H. ASAY. 1978. Relationship of Leaf Elongation to Forage Yield of Tall Fescue Genotypes. *Crop Science*, Vol. 18.

-HU, X, 2015. A comprehensive comparison between ANOVA and BLUP to valuate location-specific genotype effects for rape cultivar trials with random locations. *Field Crop Res* 179: 144-149.

-HUMPHREYS, M. W., H. M. THOMAS, W. G. MORGAN, M. R. MEREDITH, J. A. HARPER, H. THOMAS, Z. ZWIERZYKOWSKI Y M. GHESQUIERE. 1995. Discriminating the ancestral progenitors of hexaploid *Festuca arundinacea* using genomic *in situ* hybridization. *Heredity* 75: 171-174.

-IMBELLONE, P. A., J. E. GIMENÉZ Y J. L. PANIGATTI. 2010. Suelos de la Región Pampeana: Procesos de formación. Ed. INTA. Buenos Aires. 320 pp.

-INSTITUTO NACIONAL DE ESTADÍSTICAS Y CENSOS. CENSO NACIONAL AGROPECUARIO. Datos Comparativos 2002 y 1988. Disponible en <https://www.indec.gov.ar/indec/web/Nivel4-Tema-3-8-87>

-INSUA, J. R., O. N. DI MARCO Y M. G. AGNUSDEI. 2013. Calidad nutritiva de láminas de festuca alta (*Festuca arundinacea* Schreb.) en rebrotes de verano y otoño. *RIA* Vol. 39 N°3 pp. 267- 272.

-JAMES, R. A., S. V. CAEMMERER, A. G. T. CONDON, A. B. ZWART Y R. MUNNS. 2008. Genetic variation in tolerance to the osmotic stress component of salinity stress in durum wheat. *Functional Plant Biology* 35, 111–123.

-JERNSTEDT, J. A. Y J. H. BOUTON. 1985. Anatomy, morphology and growth of tall fescue rhizomes. *Crop Sci* 25:539–542.

-KATEMBE, W. J., I. A. UNGAR Y J. P. MITCHELL. 1998. Effect of salinity on germination and seedling growth of two *Atriplex* species (*Chenopodiaceae*). *Annals of Botany* 82: 167- 175.

-KELLY, A. M., A. B. SMITH, J. A. ECCLESTON Y B. R. CULLIS. 2007. The Accuracy of Varietal Selection Using Factor Analytic Models for Multi-Environment Plant Breeding Trials. *Crop Sci*. 47:1063–1070.

-KOPITTKE, P.M., F. P. C. BLAMEY, T. B. KINRAIDE, P. WANG, S. M. REICHMAN Y N. M. MENZIES. 2011. Separating multiple, short-term, deleterious effects of saline solutions on the growth of cowpea seedlings. *New Phytologist* 189, 1110–1121.

-KUNELIUS, H. T., W. HARRIS, J. D. HENDERSON Y C. J. BAKER. 1982. Comparison of tillage methods on red clover and ryegrass establishment and production under grazing in the establishment year. *New Zealand Journal of Experimental Agriculture* 10: 253-263.

-LADO, B., I. MATUS, A. RODRIGUEZ, L. INOSTROZA, J. POLAND. 2013. Increased genomic prediction accuracy in wheat breeding through spatial adjustment of field trial data. *G3* 3:2105–2114.

-LAVADO, R. S. 2016. Cómo mejorar la producción forrajera en suelos afectados por sales. Resúmenes expandidos. Características de los suelos salinos-sódicos y su relación con los cultivos. ISBN 978-987-46433-0-8, p. 03-08.

-LEMAIRE, G. Y D. F. CHAPMAN. 1996. Tissue flows in grazed plant communities. En: *The Ecology and management of grazing systems*. Ed. Hodgson, J. y A.W. Illius (Eds.). Centre for Agricultural and Biosciences International, UK p. 3-36

-LEÓN, R.J.C. 1975. Las comunidades herbáceas de la región de Castelli-Pila. En: *Productividad Primaria Neta de Sistemas Herbáceos*. Monografías 5: 75-107. C.I.C. La Plata.

-LEVY, G. J. 2000. Sodicity. In: *Handbook of Soil Science*, M. E. Summer editor pp 27- 63. CRC. Press.

-MAAS, E. V. y C. M. GRIEVE. 1990. Spike and leaf development in salt-stressed wheat. *Crop Science* 30: 1309-1313.

-MAAS, E. V. Y S. R. GRATTAN. 1999. Crop Yield as affected by salinity. *Agronomy monograph* 38: 55- 108.

-MacADAM, J. W. 1988. Cellular dynamics, peroxidase activity and secondary cell wall deposition during tall fescue leaf blade development. Ph.D. diss. Univ. of Missouri, Columbia (Diss. Abstr. 89– 04443).

-MacADAM, J. W. Y H. F. MAYLAND. 2003. The Relationship of Leaf Strength to Cattle Preference in Tall Fescue Cultivars. Published in *Agron. J.* 95:414–419.

-MACIEL, M. A. 2018. Tesis de doctorado: análisis fenotípico y genético del crecimiento inicial de familias de medio-hermanos de agropiro alargado (*Thinopyrum ponticum* (podp.) Barkworth & D. R. Dewey) en condiciones de salinidad y sequía. Facultad de ciencias agrarias. Universidad Nacional de Rosario.

-MADDALONI, J. Y L. FERRARI. 2001. Festuca alta. En: 'Forrajeras y pasturas del ecosistema templado húmedo de la Argentina'. (Eds Maddaloni J. Ferrari L) pp. 165-182 (INTA, Universidad Nacional de Lomas de Zamora).

-MAJIDI, M. M., A. MIRLOHI Y F. AMINI. 2009. Genetic variation, heritability and correlations of agro- morphological traits in tall fescue (*Festuca arundinacea* Schreb.). *Euphytica* 167: 323- 331.

-MARCUM, K. B. 2006. Use of saline and non-potable water in the turfgrass industry: constraints and developments. *Agric. Water Manage.* 80,132–146.

-MARCUM, K. M. 2002. Growth and Physiology, M. Pessarakli ed. Pp 563- 581, Second Edition, Revised and Expanded.

-MARINO, M. A. 1996. Efecto de la fertilización nitrogenada sobre el crecimiento invierno primaveral, la composición química y calidad del forraje de *Avena sativa* y *Lolium multiflorum* Lam. Tesis Magister Scientiae, UNMdP, Fac. de Ciencias Agrarias de Balcarce. 104 p.

-MARIOTTI, J. A. 1986. Fundamentos de genética biométrica: Aplicaciones al mejoramiento genético vegetal. Secretaria general de la organización de los Estados americanos. Washington, D. C. pág.

-MARIOTTI, J. A. y N. G. COLLAVINO. 2014. Los caracteres cuantitativos en la mejora genética de los cultivos. Orientación Gráfica Editora. ISBN 9789871922093.

-MARTIN, B., O. SOSA, G. MAGRA, G. ZERPA, P. YBESSON. 2012. Emergencia de forrajeras en un suelo salino-alcálico tratado con yeso. *Revista Argentina de Producción Animal* Vol. 32 N° 2: 157-164.

-MARTINEZ-RUEDA, C. G. Y C. LÓPEZ-CASTAÑEDA. 2004. Eficiencia de la selección indirecta en el mejoramiento de trigo para condiciones limitantes y no limitantes de humedad. *Rev. Fitotec. Mex.* Vol. 27 (2): 191 – 199.

-MARTINEZ, E. S. Y P. RIMIERI. 2016. Caracterización fenotípica de poblaciones de festuca alta [*Schedonorus phoenix* (scop.) holub] adaptadas a suelos con limitantes físico-químicas. *Journal of Basic & Applied Genetics. Suppl.* Vol. XXVII (1). ISSN: 1852-6233. Pp 284.

-MARTINO, N. O. 1990. Introducción de especies forrajeras templadas a la pradera pampeana. Guía de estudio. Cátedra de Forrajicultura, FICA-UNLZ. 3p.

-MAZZANTI, A., J. CASTAÑO, G. SEVILLA Y J. ORBEA. 1992. Características agronómicas de especies y cultivares de gramíneas y leguminosas forrajeras adaptadas al



Sudeste de la Provincia de Buenos Aires. INTA. Centro regional Buenos Aires Sur. EEA Balcarce. 73p.

-McWILLIAM, J. R., R. J. CLEMENTS Y P. M. DOWLING. 1970. Some factors influencing the germination and early seedling development of pasture plants. *Australian Journal Agricultural Research* 21: 19-32.

-MIERES, L., R. CAMPOS, G. OPRANDI, F. COLOMBO, F. ROTELLA, M. I. PARODI Y S. GAMBAUDO. 2012. Diagnóstico y rehabilitación de suelos halomórficos. *Voces y Ecos*, año XIV, Nº 29. ISSN 0328-1582.

-MISHRA, B., R. K. SINGH Y D. SENADHIRA. 2006. Enhancing genetic resources and breeding for problem soils. Documento 29 de 38 del "International Development Research Centre (Canada)".

-MOORE, K. J. Y L. E. MOSER. 1995. Quantifying Developmental Morphology of Perennial Grasses. *Crop Science (Symposium on the phyllochron)* 35 (1): 37-43.

-MUNNS R. Y M. GILLIHAM. 2015. Salinity tolerance of crops – what is the cost? *New Phytologist* 208: 668–673.

-MUNNS R., R. A. JAMES, M. GILLIHAM, T. J. FLOWERS Y T. D. COLMER. 2016. Tissue tolerance: an essential but elusive trait for salt-tolerant crops. *Functional Plant Biology*, 43, 1103–1113.

-MUNNS R., S. HUSAIN, A. R. RIVELLI, R. JAMES, A. G. CONDON, M. LINDSAY, E. S. LAGUDAH, D. P. SCHACHTMAN Y R. A. HARE. 2002. Avenues for increasing salt tolerance of crops, and the role of physiologically based selection traits. *Plant and Soil* 247, 93–105.

-MUNNS, R. 2004. The environmental and physiological nature of salinity. [www.plantstress.com/articles](http://www.plantstress.com/articles).

-MUNNS, R. Y M. TESTER. 2008. Mechanisms of salinity tolerance. *Annual Review of Plant Biology* 59, 651–681.

-MUNNS, R., R. A. JAMES Y A. LAUCHLI. 2006. Approaches to increasing the salt tolerance of wheat and other cereals. *Journal of Experimental Botany*, 57 (5): 1025-1043.

- NELSON, C. J., K. H. ASAY Y D. A. SLEPER. 1977. Mechanisms of canopy development of tall fescue genotypes. *Crop Science*. 17: 449-452.
- NGUYEN, H. T. Y D. A. SLEPER. 1983. Theory and application of half sib matings in forage breeding. *Theor Appl Gen* 64:187-196.
- OAKEY, H., A. VERBYLA, W. PITCHFORD, B. CULLIS Y H. KUCHEL. 2006. Joint modelling of additive and non-additive genetic line effects in single field trials. *Theor Appl Genet* 113:809–819.
- OSTENGO, S., M. I. CUENYA Y M. BALZARINI. 2013. Modelos mixtos en el análisis de ensayos comparativos de rendimiento multiambientales de una especie perenne. *Rev. Ind. y Agríc. de Tucumán*. Tomo 90 (2): 53-57.
- PAGANO, E. Y P. RIMIERI. 2001. Genética y mejoramiento de especies forrajeras. En Maddaloni, J. y Ferrari, L. (Eds). *Forrajeras y pasturas del ecosistema templado húmedo de la Argentina*. INTA-Universidad de Lomas de Zamora. pp 357-388.
- PARODI, L. R. 1958. Gramíneas bonaerenses. Clave para la determinación de los géneros y enumeración de las especies. 5ª ed. Acme, Buenos Aires.
- PARODI, L. R. 1964. Enciclopedia Argentina de agricultura y jardinería. Vol II. El cultivo de las plantas útiles (Ed ACME Buenos Aires) pp. 731-733.
- PARSONS, A. J. 1988. The effects of season and management on the growth of grass swards. En: *The grass crop: the physiological basis of production*. Jones, M.B. and Lazenby, A. (Ed.). Chapman and Hall. p.129-178.
- PARSONS, P. A. 1987. Evolutionary rates under environmental stress. *Evol. Biol.* 21,311-347.
- PASSIOURA, J. B. Y R. MUNNS. 2000. Rapid environmental changes that affect leaf water status induce transient surges or pauses in leaf expansion rate. *Australian Journal of Plant Physiology*, 27 (10): 941-948.
- PATTERSON, H. D. Y R. THOMPSON. 1971. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. *Biometrika* 58, 545-554.
- PÉREZ DE LA VEGA, M. 1996. Plant genetic adaptedness to climatic and edaphic environment. *Euphytica* 92. 27-38.

-PERSSON, T. Y ANDERSSON, B. 2004. Accuracy of single- and multiple-trait REML evaluation of data including non-random missing records. *Silvae Genetica* 53: 135–139.

-PETERSON, C. J. Y W. H PFIEFFER. 1989. Breeding widely adapted, popular maize hybrids evaluation: Relationships among test sites based on cultivar performance. *Crop. Sci.*, 29, 276-282.

-PIEPHO H. P Y T. ECKL†. 2013. Analysis of series of variety trials with perennial crops. *Grass and Forage Science*, <https://doi.org/10.1111/gfs.12054>

-PIEPHO, H. P. Y J. MÖHRING. 2005. Best Linear Unbiased Prediction of Cultivar Effects for Subdivided Target Regions. *Crop Sci.* 45:1151–1159.

-PISTORALE, S.M., O. BAZZIGALUPI Y A. N. ANDRÉS. 2003. IV Simposio de recursos Genéticos para América latina y el Caribe. Mar del Plata. Argentina. Pp 121.

-PITTARO, G. L. CÁCERES, C. BRUNO, A. TOMÁS, D. BUSTOS, M. MONTEOLIVA, L. ORTEGA Y E. TALEISNIK. 2015. Salt tolerance variability among stress-selected *Panicum coloratum* cv. Klein plants. *Grass and Forage Science* 71, 683–698. DOI: 10.1111/gfs.12206.

-POLJAKOFF-MAYBER, A. 1975. Morphological and anatomical changes in plants as a response to salinity stress. In: Poljakoff-Mayber, A., Gale, J., (Eds.), *Plants in Saline Environment*. Ecological Studies 15. Springer, Berlin, pp. 97–117.

-PRAAT, J. P. 1995. Row spacing and seeding rate interactions in perennial ryegrass and tall fescue swards established by direct drilling (no tillage). Tesis Ph.D. Massey University. Palmerston North. New Zealand. 278p.

-QADIR, M., E. QUILLEROU, V. NANGIA, G. MURTAZA, M. SINGH, R.J. THOMAS, P. DRECHSEL Y A.D. NOBLE. 2014. Economics of salt-induced land degradation and restoration. *Natural Resources Forum* 38, 282–295.

-QIAO, C. G., K. E. BASFORD, I. H. DELACY Y M. COOPER. 2000. Evaluation of experimental designs and spatial analyses in wheat breeding trials. *Theor Appl Genet* 100:9–16

-RAJENDRAN, K., M. TESTER Y S. J. ROY. 2009. Quantifying the three main components of salinity tolerance in cereals. *Plant, Cell and Environment*, 32 (3): 237-249.

- RAWSON, H. M., M. SAIFUZZAMAN, N. C. D. BARMA Y M. MAINUDDIN. 2013. Screening wheat genotypes for yield in variably saline fields. *World J. Agr. Sci.* 1, 172–184.
- REARTE, D. 2007. Perspectivas de las cadenas cárnicas en Argentina, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria.
- REED, K. F. M., S. L. CLEMENT, W. F. FEELY Y B. CLARK. 2004. Improving tall fescue (*Festuca arundinacea*) for cool-season vigour. *Aust J Exp Agric* 44:873–881.
- RENGASAMY, P. 2010. Soil processes affecting crop production in saltaffected soils. *Functional Plant Biology* 37, 613–620.
- RICHARDS, R. A. 1983. Should selection for yield in saline regions be made on saline or non-saline soils. *Euphytica* 32, 431–438.
- RICHARDS, R. A., C. W. DENNETT, C. O. QUALSET, E. EPSTEIN, J. D. NORLYN Y M. D. WINSLOW. 1987. Variation in yield of grain and biomass in wheat, barley and triticale in a salt-affected field. *Field Crops Research* 15, 277–287.
- RIMIERI, P., B. ROSSO, J. CARRETE, E. M. PAGANO, M. I. CATTONI, C. BIAGIOLI, A. R. CUYEN y R. D. RIOS. 2006. Características agronómicas, nutricionales y moleculares de una colección de germoplasma de festuca alta (*Festuca arundinacea* Schreb.). 29º Congreso argentino de producción animal. *Revista Argentina de Producción Animal*. Vol 26, Supl. 1: 121- 262.
- RIMIERI, P., J. O. SCHENEITER Y J. R. CARRETE. 2002. Pasturas cultivadas en la Región Pampeana húmeda. *Idia XXI*. N° 2:19-22.
- ROBSON, M. J. 1973. The growth and development of simulated swards of perennial ryegrass. I. Leaf growth and dry weight change as related to the ceiling yield of a seedling sward. *Annals of Botany* 37: 487-500.
- ROBSON, M. J. Y O. R. JEWIS. 1968. A comparison of British and North African varieties of tall fescue (*Festuca arundinacea*). III. Effects of light, temperature, and day length on relative growth rate and its components. *J. Appl. Ecol.* 5:191-204.
- ROBSON, M. J., G. J. A. RYLE Y J. WOLEDGE. 1988. The grass plant: its form and function. En: *The grass crop: the physiological basis of production*. Jones, M.B. y Lazenby, A. (Ed.). Chapman and Hall.p.25 -84.

- RODRÍGUEZ-ÁLVAREZ, M. X., M. P. BOER, F. A. VAN EEUWIJK Y P. H. C. EILERS. 2016. Spatial models for field trials. arXiv: 1607.08255v1 [stat.ME].
- ROOSTAEI, M, MOHAMMADI R, AMRI A, 2014. Rank correlation among different statistical models in ranking of winter wheat genotypes. Crop J 2: 154-163. <http://dx.doi.org/>
- RSTUDIO TEAM. 2018. RStudio: Integrated development environment for R (Version 1.1.453) [Windows 7+]. Boston, MA. Available from <http://www.rstudio.org/>
- SANDERSON, M. A., D. W. STAIR Y A. M. HUSSEY. 1997. Physiological and morphological responses of perennial forage to stress. Advances in Agronomy, 59: 171- 224.
- SANDHU, D., M. V. CORNACCHIONE, J. F. S. FERREIRA Y D. L. SUAREZ. 2017. Variable salinity responses of 12 alfalfa genotypes and comparative expression analyses of salt response genes. Scientific Repo Rts. 7:42958. DOI: 10.1038/srep42958.
- SALDANHA, S., A. CECHINI ANABEL Y O. BENTANCUR. 2013. Variables morfológicas y estructurales de cinco cultivares de *Lolium sp.* Agrociencia Uruguay. Volumen 17 2:110-120.
- SARKER, A. Y M. SINGH. 2015. Improving breeding efficiency through application of appropriate experimental designs and analysis models: A case of lentil (*Lens culinaris* Medikus subsp. *culinaris*) yield trials. Field Crops Res 179:26–34.
- SARTIE, A. M., C. MATTHEW, H. S. EASTON Y M. J. FAVILLE. 2011. Phenotypic and QTL analyses of herbage production- related traits in perennial ryegrass (*Lolium perenne* L.). Euphytica 182: 295- 315.
- SAS Institute Inc. 2014. Introducción a la programación en SAS® Studio 3.2. Cary, NC: SAS Institute Inc.
- SCHENEITER, J. O. 2002. Producción de forraje y de carne en pasturas de Festuca alta fertilizadas con N o asociadas a Trébol blanco. Reunión anual de forrajeras. EEA Pergamino INTA. Pergamino.
- SCHENEITER, J. O. Y I. I. KAUFMANN. 2016. La zona óptima de productividad forrajera de festuca alta en la región Pampeana. RTA Vol. 10 N°31. ISSN digital 2469-164X. p 38- 41.

-SCHILLER, J. M. A. Y A. LAZENBY. 1975. Yield performance of tall fescue (*Festuca arundinacea*) lines at Canberra. A.C.T. Aust J Exp Agric Anim Husb 15:391–399. Doi:10.1071/EA9750391.

-SCHROEDER, J. I., E. DELHAIZE, W. B. FROMMER, M. L. GUERINOT, M. J. HARRISON, L. HERRERA-ESTRELLA, T. HORIE, L. V. KOCHIAN, R. MUNNS Y N. K. NISHIZAWA. 2013. Using membrane transporters to improve crops for sustainable food production. Nature 497: 60–66.

-SETTER, T. L., I. WATERSA, K. STEFANOVA, R. MUNNS Y E. G. BARRETT-LENNARD. 2016. Salt tolerance, date of flowering and rain affect the productivity of wheat and barley on rainfed saline land. Field Crops Research 194, 31–42.

-SHABALA, S., J. BOSE Y R. HEDRICH. 2014. Salt bladders: do they matter? Trends in Plant Science 19, 687–691.

-SHAHZAD, A., M. AHMAD, M. IQBAL, I AHMED Y G. M. ALI. 2012. Evaluation of wheat landrace genotypes for salinity tolerance at vegetative stage by using morphological and molecular markers. Genetics and Molecular Research 11: 679–692. DOI:10.4238/2012.March.19.2.

-SHANNON, M. C. 1997. Adaptation of plant to salinity. Advances in Agronomy. 60: 75-120.

-SIMON, J. C. Y G. LEMAIRE. 1987. Tillering and leaf area index in grasses in the vegetative phase. Grass and Forage Science 42: 373-380

-SKINNER, R. H. Y C. J. NELSON. 1995. Elongation of the grass leaf and its relationship to the phyllochron. Crop Science (Symposium on the phyllochron) 35: (1) 4-10.

-SLEPER, D. 1987. Forage grasses. In: W. Fehr ed. Principles of cultivars development. Part II. Mc Millan Pub. Co. N. Y. pp 370.

-SMITH, A. B., J. K. STRINGER, X. WEI Y B. R. CULLIS. 2007. Varietal selection for perennial crops where data relate to multiple harvests from a series of field trials. Euphytica 157:253–266. DOI 10.1007/s10681-007-9418-2.

-SMITH, A., B. CULLIS, D. LUCKETT, G. HOLLAMBY Y R. THOMPSON. 2002. Exploring variety–environment data using random effects AMMI models with adjustments for

spatial field trend: Part 2: Applications. In: Kang MS (Ed.) Quantitative genetics, genomics and plant breeding. CABI, Wallingford, pp 337–351.

-SMITH, D. M., CUSACK, S., COLMAN, A. W., FOLLAND, C. K., HARRIS, G. R., MURPHY, J. M. 2007. Improved surface temperature prediction for the coming decade from a global climate model. *Science* 317:796–799.

-SO, Y.S. Y J. EDWARDS. 2011. Predictive ability assessment of linear mixed models in multi-environment trials in corn. *Crop Sci.* 51:542–552. Doi:10.2135/cropsci2010.06.0338.

-STANFIELD, W. D. 1971. *Genética. Teoría y 400 problemas resueltos.* Serie Schaum, McGraw Hill, México. 405 pp.

-STUDNICKI, M., W. MAŁY, K. NORAS, E. WÓJCIK-GRONT Y E. GACEK. 2016. Yield response of winter wheat cultivars to environments modeled by different variance-covariance structures in linear mixed models. *Spanish Journal of Agricultural Research*, Volume 14, Issue 2, e0703. <http://dx.doi.org/10.5424/sjar/2016142-8737>.

-SZABOLCS, I. 1989. *Salt affected soils.* CRC Press. Boca Raton, Florida. 274 pp.

-TALLOWIN, J. R. B., S. K. E. BROOKMAN Y G. L. SANTOS. 1995. Leaf growth and utilization in four grass species under steady state continuous grazing. *Journal of Agricultural Science* 124: 403-417.

-TAVAKKOLI, E. 2011. *Limitations to yield in saline–sodic soils: quantification of the osmotic and ionic regulations that affect the growth of crops under salinity stress.* PhD thesis, University of Adelaide.

-TAVAKKOLI, E., F. FATEHI, P. RENGASAMY Y G. K. MCDONALD. 2012. A comparison of hydroponic and soil-based screening methods to identify salt tolerance in the field in barley. *Journal of Experimental Botany.* Vol. 63, No. 10, pp. 3853-3868.

-TAVAKKOLI, E., P. RENGASAMY Y G. K. MCDONALD. 2010. The response of barley to salinity stress differs between hydroponics and soil systems. *Functional Plant Biology* 37,621–633.

-TERRELL, E.E. 1979. Taxonomy, morphology and phylogeny. P. 31-39. In: R.C. Buckner and L.P. Bush (eds.), *Tall fescue.* Amer. Soc. Agron., Madison, WI.

-TESTER, M. Y R. DAVENPORT. 2003. Na<sup>+</sup> tolerance and Na<sup>+</sup> transport in higher plants. *Annals of Botany*, 91 (5): 503-527.

-TOBE, K.; X. LI Y K. OMASA. 2000. Seed germination and radicle growth of a halophyte, *Kalidium caspicum* (*Chenopodiaceae*). *Annals of Botany* 85:391–396. DOI: 10.1006/anbo.1999.1077.

-TOBER, D., W. DUCKWITZ Y S. SIELER. 2007. Plant materials for salt affected sites in the Northern Great Plains. Natural Resources Conservation Service Technical Note. United States Department of Agriculture, Bismarck, ND, USA.

-VAN EEUWIJK F. A., M. COOPER, I. H. DELACY, S. CECCARELLI Y S. GRANDO. 2001. Some vocabulary and grammar for the analysis of multi-environment trials, as applied to the analysis of FPB and PPB trials. *Euphytica*122: 477–490, 2001.

-VARGAS ROJAS, B. 2005. Agronomical evaluation of six species of forage grass tolerant to salinity in the Tamborada region. All Theses and Dissertations. Paper 5448.

-VELAZCO, J. G., M. X. RODRÍGUEZ-ÁLVAREZ, M. P. BOER, D. R. JORDAN, P. H. C. EILERS, M. MALOSETTI Y F. A. VAN EEUWIJK. 2017. Modelling spatial trends in sorghum breeding field trials using a two-dimensional P-spline mixed model. *Theor Appl Genet* (2017) 130:1375–1392. DOI 10.1007/s00122-017-2894-4

-VERBEKE, G. Y G. MOLENBERGHS. 2000. Linear mixed models for longitudinal data. New York: Springer.

-VERSLUES, P. E., M. AGARWAL, S. KATIYAR-AGARWAL, J. ZHU Y J. K. ZHU. 2006. Methods and concepts in quantifying resistance to drought, salt and freezing, abiotic stresses that affect plant water status. *Techniques for molecular analysis. The Plant Journal* 45, 523–539.

-WHITEHEAD, D. C. 1995. *Grassland Nitrogen*. CAB International, Oxon, UK. 397 p.

-WILHELM, W. W. Y G. S. MCMASTER. 1995. Importance of the phyllochron in studying development and growth in grasses. *Crop Science (Symposium on the phyllochron)* 35: (1) 1- 3.

-WILHELM, W.W. Y C. J. NELSON. 1978. Leaf growth, leaf aging and photosynthetic rate of tall fescue genotypes. *Crop Science*, 18: 769-772.



-WU, L., Z. HUANG Y R. G. BURAU. 1988. Selenium accumulation and selenium-salt cotolerance in five grass species. *Crop Sci.* 28, 517–522.

-XIANG, B. Y LI, B. 2003. Best linear unbiased prediction of clonal breeding values and genetic values from full-sib mating designs. *Can. J. For. Res.* 33: 2036–2043.

-YEO A. R. 1983. Salinity resistance: Physiologies and prices. *Plant Physiology*, 58 (2): 214-222.

-YEO, A. R., λ.-S. LEE, P. IZARD, P. J. BOURSIER Y T. J. FLOWERS. 1991. Short and long term effects of salinity on leaf growth in rice (*Oryza sativa* L.). *Journal of Experimental Botany*, 42 (7): 881-889.

-ZAMOLINSKI, A. F. 2000. Experiencia de recuperación de suelos salinizados. *Publicación Técnica N°31*. ISSN-0326-5803.

-ZAVALA-GARCÍA, F; P. J. BRAMEL-COX, J. D. EASTIN, M. D. WITT Y D. J. ANDREWS. 1992. Increasing the Efficiency of Crops Selection for Unpredictable Environments. *Crop. Sci*, 32; 51-57.

-ZENG, L. Y M. C. SHANNON. 2000. Salinity effect on seedling growth and yield component of rice. *Crop Science* 40: 996- 1002.

-ZENG, L., M. C. SHANNON Y S. M. LESCH. 2001. Timing of salinity stress affects rice growth and yield components. *Agricultural Water Management* .Vol.48:191 -206.

-ZHU M., L. SHABALA, T. A. CUIN, X. HUANG, M. ZHOU, R. MUNNS Y S. SHABALA. 2015. Nax loci affect SOS1-like Na<sup>+</sup>/H<sup>+</sup> exchanger expression and activity in wheat. *Journal of Experimental Botany*, Vol. 67, No. 3 pp. 835–844.

-ZHU, J. K. 2001. Plant salt tolerance. *Trends Plant Sci.* 6:66–71.

## 7. ANEXOS

### ANEXO I

En la siguiente Tabla se muestran datos climáticos ocurridos durante el periodo de evaluación como promedios de T° medias diarias, PP acumuladas y Días transcurrido durante los periodos de muestreos de macollos.

Suelo	Período	T°	PP	Días
Salino	S - M1	14,8	294,3	93
	M1-M2	9,6	153,2	96
No Salino	S - M1	18,8	355	71
	M1-M2	11,4	66,7	74

S= siembra, M1= muestreo 1, M2= muestreo 2. T°= temperatura media durante el periodo en °C. PP= precipitaciones acumuladas en mm. Días= días transcurridos durante el periodo.

### ANEXO II

A continuación se visualizan medidas de resumen para las 7 variables evaluadas en ambos ambientes, con Estrés y sin Estrés, las Medias, Desvío estándar de la media (DE) y Coeficiente de Variación (CV).

		AL	LL	SL	TLE	AF	TEAF	TAH
Estrés	Media	3,2	61,9	207,7	173,8	574,4	0,90	0,0047
	DE	0,3	8,6	46,9	26,9	98,9	0,4	0,0023
	CV	10,11	13,94	22,56	15,47	17,23	42,77	49,84
Sin estrés	Media	3,7	85,6	310,4	202,9	721,3	0,94	0,0033
	DE	0,53	21,02	67,79	48,53	151,8	0,28	0,0012
	CV	14,28	24,55	21,84	23,92	21,04	29,6	37,09