GSF 39 Diferencias fenológicas en poblaciones seleccionadas de Festuca pallescens, pastura nativa Patagónica

Guidalevich V.1*, Giana F.2, López A.1, Martin-Albarracin V.L.1, Aparicio A.G.1, Azpilicueta M.M.1 y Marchelli P.1

¹IFAB, Instituto de Investigaciones Forestales y Agropecuarias Bariloche (INTA-CONICET). ² INTA, Estación Experimental Agropecuaria Bariloche. Área de Recursos Forestales. Grupo de Ecología Forestal.

*E-mail: guidalevich.veronica@inta.gob.ar

Phenological differences among selected populations of Festuca pallescens, native Patagonian pasture

Introducción

En la Patagonia, los pastizales naturales son utilizados como fuente de alimento en la producción extensiva de animales domésticos. Ampliar el conocimiento sobre el comportamiento estacional de las pasturas de especies nativas que conforman estos ecosistemas, permitirá su aprovechamiento en los momentos de mayor calidad forrajera. En general, las especies de gramíneas que son consumidas disminuyen su calidad cuando comienza la etapa reproductiva lo que se traduce en menores ganancias de peso en los animales, momento crítico para la producción, en el que deben tomarse decisiones de manejo (Utrilla y Jaurena 2017). La especie forrajera nativa Festuca pallescens es altamente consumida tanto por animales domésticos como por la fauna nativa. Dentro del programa de domesticación de esta especie que se lleva a cabo en INTA Bariloche, se trabajó sobre un ensayo en ambiente común en el que se analizó la etapa reproductiva en poblaciones seleccionadas, con el objetivo de conocer las diferencias en su comportamiento que puedan ser atribuidas a su acervo genético.

Materiales y Métodos

El ensayo evaluado fue instalado en el año 2019 y se ubica dentro del predio del INTA (EEA Bariloche). Consta de cuatro poblaciones de F. pallescens seleccionadas por sus características excepcionales en producción de biomasa y semillas. Dos de las poblaciones provienen de la provincia de Río Negro (poblaciones 1 y 2) y las otras dos de Chubut (poblaciones 3 y 4). Cada población está representada por 10 familias con 15 plantas cada una, para un total de 600 plantas ubicadas al azar en miniparcelas de a 3 repeticiones. Sobre estas plantas se llevaron a cabo mediciones fenológicas durante la etapa reproductiva de octubre 2021 a enero 2022. Se registró la fase fenológica de cada planta cada dos o cinco días desde el inicio de encañazón (F1) hasta el comienzo de llenado de grano (F5). Los datos fueron analizados estadísticamente para determinar diferencias en las fechas de F1 y F5, y en la duración total del ciclo entre las poblaciones. También se evaluó la cantidad de plantas que entraron al estado reproductivo por población (plantas productoras).

El análisis estadístico de la etapa reproductiva se realizó mediante inferencia bayesiana, empleando un modelo paramétrico que contempla el incremento acumulado de la proporción de plantas que cambian (comienzan/terminan la fase reproductiva) y la presencia de plantas vivas que no iniciaron su fase reproductiva a lo largo de toda la temporada. A partir de este modelo, se obtuvieron las distribuciones posteriores de cuatro variables de interés: (1) la fecha de inicio de la fase reproductiva, (2) la fecha de finalización de la fase reproductiva, (3) la duración de la fase reproductiva, y (4) la probabilidad de ingreso a la fase reproductiva. Las muestras de las distribuciones posteriores fueron obtenidas mediante métodos de Montecarlo basados en cadenas de Markov (MCMC), empleando para ello el lenguaje de programación probabilística STAN a través de la librería *cmdstanpy* del lenguaje Python3 (2009).

Resultados y Discusión

En cuanto a la fecha de inicio de encañazón (F1), las poblaciones 1 y 2 presentaron la F1 aproximadamente 10 días después que las poblaciones 3 y 4, diferencia que resultó significativa entre ambos grupos (P < 0,05). Dentro del primer grupo, la población 2 entró en F1 antes (P < 0,05) que la población 1. En cuanto a la fecha de inicio de llenado de granos (F5), también se reportaron diferencias significativas (P < 0.05) entre los dos grupos de poblaciones, siendo las poblaciones 1 y 2 de finalización tardía, y entre ellas aún más tardía (P < 0,05) la población 2. Las poblaciones 3 y 4 se comportaron de manera similar y sin diferencias (P > 0,05) entre ellas en ambas fases. En cuanto a la duración total del período reproductivo, la población 1 mostró el ciclo más corto (P < 0,05), y la población 2 el más largo (P < 0,05), mientras que las poblaciones 3 y 4 presentaron una duración intermedia al resto de las poblaciones y similar (P > 0,05) entre sí. Además, la población 2 y las poblaciones 1 y 4, presentaron la mayor y menor (P < 0,05) cantidad de plantas productoras, respectivamente.

Las diferencias obtenidas para plantas productoras entre poblaciones ya han sido observadas por el grupo en años anteriores y entre distintas poblaciones. Estas diferencias, así como aquellas correspondientes a las fechas de inicio de las fases y a la duración de la etapa reproductiva, pueden deberse a diferencias ambientales entre los sitios de origen de cada población. Las poblaciones ubicadas en la provincia de Chubut reciben mayores precipitaciones que aquellas ubicadas en Río Negro, y las altitudes y fotoperiodos también presentan contrastes que pueden explicar los resultados de este ensayo.

Conclusiones

El hecho de que las diferencias se manifiesten bajo las mismas condiciones ambientales sugiere una base genética. Esto permitirá tomar decisiones de selección en el programa de domesticación, según los requisitos del sistema productivo local. Aquellos genotipos con ciclos reproductivos más cortos o que permitan un mayor período de disponibilidad de forraje de buena calidad son muy relevantes. Estudios de heredabilidad de estas características admitirán mayores avances.

Bibliografía

Utrilla V y Jaurena G (2017). Revista Argentina de Producción Animal. Vol. 37, N° 2.

Van Rossum G y Drake FL (2009). Python 3 Reference Manual. Scotts Valley, CA: CreateSpace.