

Mejoramiento genético en la búsqueda de tolerancia incrementada a estrés ambiental en *Cenchrus ciliaris*, especie resiliente al cambio climático: Novedosa identificación de híbridos a través de EST-SSRs



Sánchez, M.A.^{1*}, Quiroga, M.P.¹, Grunberg, K.A.¹, Bruno, C.I.², Griffa, S.M.¹

¹Unidad de Estudios Agropecuarios (UDEA) INTA-CONICET. IFRGV-CIAP-INTA. ²Unidad de Fitopatología y Modelización Agrícola (UFYMA) INTA-CONICET.

Grupo de Estadística vinculado, FCA-UNC. *sanchez.miguel@inta.gov.ar

INTRODUCCIÓN

Los sistemas ganaderos de tipo extensivo, **propios** de ambientes frágiles y basados principalmente en el pastoreo, **probablemente son y serán** los más afectados por el cambio climático debido a la alta dependencia que presentan con respecto a la oferta forrajera, tanto en cantidad como en calidad. **En este contexto**, el mejoramiento genético para el desarrollo de nuevas variedades forrajeras adquiere incuestionable importancia.

Cenchrus ciliaris L. es una especie ampliamente utilizada en zonas áridas y semiáridas del mundo debido a su resiliencia ambiental y alta productividad. Si bien su naturaleza predominantemente apomítica dificulta la recombinación de genes a través de cruzamientos, la sexualidad residual que expresa, en grados variables a lo largo de su período de floración, **permitiría** la hibridación y obtención de progenies F1 potencialmente híbridas.

Objetivos: 1) Comprobar la utilidad de EST-SSRs para la discriminación de genotipos parentales estrechamente emparentados entre sí y 2) analizar molecularmente progenies obtenidas por polinización libre para determinar la existencia de **individuos híbridos entre las progenies**.

METODOLOGÍA

MATERIAL VEGETAL

- Se seleccionaron como fuentes maternas, dos genotipos apomíticos facultativos (Sx15 y Her) que fueron ubicados, en parcela de policross (31, 47°S, 64, 15°O, Córdoba, Argentina), junto con otros materiales pertenecientes a la colección activa del IFRGV-CIAP-INTA.
- Mediante polinización libre de cada uno de dichos progenitores, al inicio del período de floración, se obtuvo un total de 85 individuos, provenientes de ocho familias de medio hermanos, que fueron implantados a campo en parcelas progenie.

ASLAMIENTO DE ADN GENÓMICO, PCR Y ELECTROFORESIS

- El ADN genómico total de cada individuo (genotipos parentales y progenies) fue extraído utilizando el kit comercial PlantZol (TransGen Biotech Co., Ltd., China).
- Se probaron 21 cebadores de tipo EST-SSR desarrollados por otro grupo de investigación, a partir de la secuenciación de transcriptomas de *C. ciliaris*. Se ajustaron las condiciones de PCR y los productos obtenidos se separaron por electroforesis en geles de poliacrilamida al 12%.

RESULTADOS

De los 21 cebadores ensayados, dos (SSR3 y) resultaron informativos, observándose ausencia de la banda de tamaño esperado, en los progenitores maternos y presencia de ésta en los posibles genotipos paternos (Fig. 1 A y B). A partir de dichos cebadores se pudieron identificar, hasta el momento, 15 individuos híbridos en las parcelas progenie, provenientes del parental facultativo Sx15.

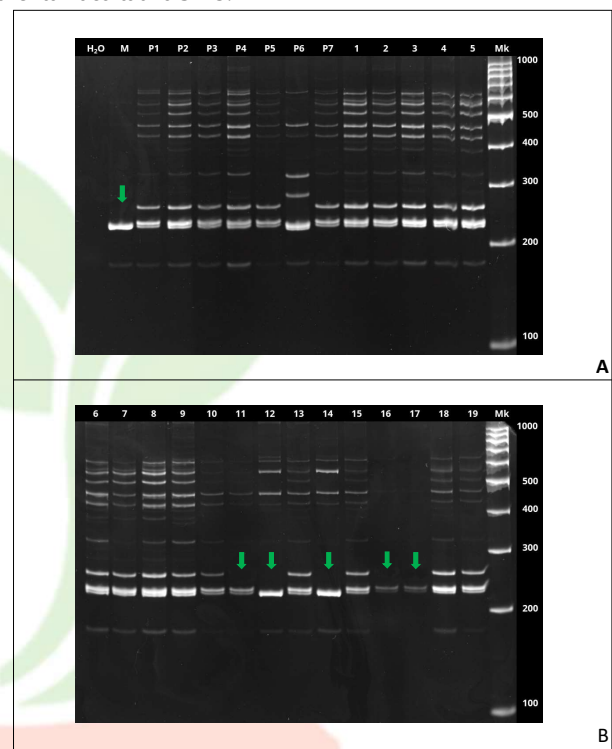


Fig. 1 A y B. Identificación de híbridos mediante EST-SSR en *Cenchrus ciliaris* L. Electroforesis en geles de poliacrilamida al 12% del producto de PCR obtenido con EST-SSR3. H₂O: Control negativo (mix de PCR sin ADN vegetal), M: genotipo materno, P1 a P7: posibles genotipos paternos, 1 a 19: progenies en estudio, Mk: Marcador de peso molecular. Flecha verde: indica ausencia de producto esperado en genotipo materno y en individuos provenientes de autofecundación.

CONCLUSIÓN

La utilización de marcadores moleculares EST-SSRs fue eficaz y robusta para distinguir genotipos maternos de genotipos paternos e identificar individuos híbridos entre genotipos muy emparentados entre sí, en *Cenchrus ciliaris*.