

APORTES DE LA BIOTECNOLOGÍA AL MEJORAMIENTO DEL PASTO LLORÓN (*ERAGROSTIS CURVULA*)

Echenique, V.^{1,3}, Pessino, S.², Díaz, M.³, Luciani, G.¹, Selva, J.P.¹, Zappacosta, D.³, Cervigni, G.^{1,3}, Meier, M.¹, Garbus, I.^{1,3}, y Cardone S.⁴. 2009. 32º Congreso Argentino de Producción Animal, Malargüe, Mendoza.

1.-CERZOS (CONICET) CCT Bahía Blanca;

2.-CONICET y Facultad de Ciencias Agrarias, Rosario;

3.-Universidad Nacional del Sur; Bahía Blanca y

4.-FAUBA, Buenos Aires.

Viviana Echenique CERZOS y Departamento de Agronomía (UNS),

San Andrés 800, 8000 Bahía Blanca, Argentina.

TE 54 291 486 1666, int 156, Fax 54 291 4862882. echeniq@criba.edu.ar

www.produccion-animal.com.ar

Volver a: [Megatérmicas](#)

RESUMEN

El pasto llorón (*Eragrostis curvula*) es una gramínea de regiones tropicales y subtropicales. En la Argentina, la superficie sembrada abarca cerca de 800.000 has. Sin embargo, la región potencialmente cultivable con la misma es mayor, ya que tiene la capacidad de colonizar regiones marginales de producción debido a sus bajos requerimientos de riego y fertilización, su rápido crecimiento y su gran producción de biomasa en suelos pobres y ambientes semidesérticos. Desde hace varios años nuestro grupo de trabajo se encuentra enfocado en la aplicación de herramientas de biotecnología para el mejoramiento del pasto llorón. Para ello se han aplicado diferentes técnicas que van desde el cultivo de tejidos y transformación genética hasta herramientas de genómica y transcriptómica. Entre ellas se incluyen: la generación de una serie euploide (diploide sexual, tetraploide con alto grado de sexualidad y tetraploide apomítico) muy útil para el estudio de los cambios genéticos y epigenéticos relacionados con cambios en los niveles de ploidía y la forma de reproducción, la generación de una técnica de deposición de calosa empleada con el fin de diferenciar plantas sexuales y apomíticas eficientemente en los tests de progenie, la generación de bibliotecas de cDNA para estudios de mapeo genómico y análisis del transcriptoma; y el uso de marcadores moleculares para la identificación de cultivares y de aquellos genes relacionados con la ploidía y la apomixis. De nuestras bibliotecas de cDNA, se ensamblaron 12.300 ESTs, se identificaron 8.864 unigenes y se asignaron roles funcionales al 80% de los mismos. Los estudios de RAPDs y AFLPs de la serie mostraron que el 32 % del polimorfismo detectado estaba relacionado con cambios en los niveles de ploidía y/o modo reproductivo. Análisis de agrupamiento mostraron que ambos tetraploides estaban estrechamente relacionados entre sí y menos relacionados con el diploide. Además, las comparaciones entre los grupos de ploidía y reproducción en los estudios de expresión diferencial indicaron que un bajo porcentaje de los genes se encuentran regulados negativamente en los diploides sexuales y los tetraploides apomíticos y sobreexpresados en los tetraploides sexuales, sugiriendo que la diplosporia puede ser una falla en la expresión de la sexualidad en los poliploides. Entre las secuencias involucradas se incluyen genes involucrados en el ciclo celular, la síntesis y degradación de proteínas, la síntesis de ARN y ADN, elementos repetitivos, proteínas ribosomales, factores de transcripción, factores de elongación y proteínas que se expresan en situaciones de estrés. Además, se identificaron secuencias relacionadas con la biosíntesis de lignina como el gen de la enzima *CCoAOMT* y dos factores de transcripción del tipo *R2R3MYB*. Estas secuencias son candidatas interesantes para mejorar la calidad forrajera del pasto llorón por transgénesis. Nuestro laboratorio está desarrollando protocolos de regeneración, selección y transformación para poder evaluar el rol de estos genes relacionados con la apomixis y la síntesis de lignina en plantas transgénicas de pasto llorón. Por otro lado, los recursos generados serán utilizados para la implementación de tecnologías moleculares usando marcadores moleculares, ya que a partir de las genotecas se han identificado 254 SSRs y 190 SNPs/indels. Estos se usarán en poblaciones de mapeo a nivel tetraploide, obtenidas de la serie generada y que segreguen por modo reproductivo o calidad de forraje.

Palabras clave: Pasto llorón, *Eragrostis curvula*, mejoramiento molecular, genómica, biotecnología

Volver a: [Megatérmicas](#)