

## **CARACTERIZACIÓN GENÓMICA DE GENOTIPOS SELECCIONADOS PARA TOLERANCIA/ SUSCEPTIBILIDAD A LA SALINIDAD EN *Chloris gayana* TETRAPLOIDE**

Salgado M A<sup>1</sup>, D G Díaz<sup>2</sup>, M I Ontivero<sup>3</sup>, E Taleisnik<sup>4</sup>, H Pérez<sup>5</sup>, A P Castagnaro<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Estación Experimental Agroindustrial “Obispo Colombres”- Sección Biotecnología - Unidad asociada al INSIBIO, CC N°9, 4101 Las Talitas-Tucumán. <sup>2</sup> INTA, Castelar, <sup>3</sup> Instituto Superior de Investigaciones Biológicas (INSIBIO), <sup>4</sup>INTA-IFFIVE, <sup>5</sup>INTA, Leales.  
[masalgado@eeaoc.org.ar](mailto:masalgado@eeaoc.org.ar)

En el Chaco semiárido donde *Chloris gayana* es una de las fuentes de forraje más importantes, existen varios millones de hectáreas afectadas por salinidad, lo que provoca una gran disminución de la productividad de esta pastura, que está siendo mejorada para obtener cultivares adaptados a estas condiciones agroecológicas. En trabajos previos realizados por nuestro grupo se utilizó la técnica de RAPD (“Random Amplified Polymorphic DNA”) para la identificación de cultivares en esta especie, se estimó la diversidad genética dentro del cultivar tetraploide Boma y se detectaron dos genotipos altamente emparentados que divergían en cuanto a su tolerancia/susceptibilidad a la salinidad. Estos genotipos fueron cruzados para generar poblaciones de estudio donde esté segregando este carácter y a partir de las cuales se seleccionaron fenotípicamente dos grupos de individuos con comportamiento contrastante frente a estrés salino. En el presente trabajo se investigaron las relaciones genéticas entre ambos grupos de genotipos susceptibles y tolerantes, y se evaluó la capacidad de discriminación del análisis RAPD en este tipo de germoplasma altamente heterocigota y de bajo nivel de domesticación. Se utilizaron 27 cebadores para caracterizar 10 genotipos susceptibles y 20 tolerantes y los productos de amplificación fueron separados en geles de poliacrilamida de alta resolución. La similitud genética se estimó con el Índice de Dice y se generó un fenograma usando el método de agrupamiento UPGMA. Los genotipos estudiados se separaron claramente en dos grupos, el de los tolerantes y el de los susceptibles, poniendo de manifiesto la consistencia de la metodología molecular empleada.