



POLIMORFISMO GENÉTICO DEL PASTO NAVAJITA (*Bouteloua gracilis* (Willd. Ex ex Kunth) Lag. Ex Steud) EN EL ESTADO DE CHIHUAHUA, MÉXICO.

Luís Madrid¹, Quintín Rascón¹, Carlos Morales², Virginia Nevárez¹ y Sigifredo Arévalo¹.

¹Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Autónoma de Chihuahua, Cd. Universitaria s/n, CP 31070, Apartado postal 1542-C. Chihuahua, México. (614) 414-4492; ² INIFAP Chihuahua; sareval@uach.mx

Palabras clave: *Bouteloua gracilis*, polimorfismo, genético.

Introducción La principal actividad económica de los pastizales es la ganadería. El sobrepastoreo, el cambio de uso del suelo, la sequía y el fuego han deteriorado las poblaciones de pastos del norte del país. El pasto Navajita (*B. gracilis*) es una gramínea nativa de Norteamérica que se caracteriza por su amplia distribución, alto valor forrajero y resistencia a sequía (1). Los objetivos del trabajo fueron analizar la variabilidad genética de poblaciones nativas del pasto navajita en Chihuahua México, e identificar marcadores moleculares de DNA relacionados con atributos de calidad forrajera.

Metodología. Se recolectaron ecotipos en siete municipios del estado de Chihuahua (2). Para el análisis fenotípico se seleccionaron las 12 variables morfológicas cuantitativas de mayor importancia forrajera (2). La variabilidad genética se analizó por el método de PCR-SRAP (3); el dendrograma se construyó el programa NTSYS pc 2.0, suborden SimQual, el coeficiente de asociación de Dice y el método de UPGMA.

Resultados y discusión. Se generó un Banco de germoplasma de pasto navajita, constituido por 144 ecotipos nativos de siete municipios del estado de Chihuahua. Las plantas fueron recolectadas en sitios que tenían diferente historial de pastoreo (intensivo, moderado y sin pastoreo) y fueron trasplantadas en condiciones de invernadero. En 135 individuos, se analizaron un total de 89 productos de amplificación (promedio de 15 bandas por muestra); el polimorfismo fue de 96% y la cercanía genética en todos los individuos fue de 26%. Se encontraron similitudes genéticas entre individuos, relacionadas a la distribución geográfica. El municipio de Cuauhtémoc destacó por su considerable variabilidad genética; se encontraron agrupamientos representativos para los municipios de Ahumada, Coyame y Chihuahua. En general, la variabilidad molecular no se vio afectada por las condiciones de pastoreo, sin embargo los ecotipos provenientes de sitios no pastoreados presentaron una mayor variabilidad. Según los resultados, el pastoreo ejerce un efecto negativo sobre la reproducción sexual, sin embargo, no hay una diferencia notable entre pastoreo moderado y el intensivo. Este resultado concuerda con un reporte (4) que menciona que la reproducción sexual en poblaciones con diferente historial de pastoreo contribuye a la

variabilidad genética y que el sobrepastoreo dificulta la reproducción por semilla.

Se lograron identificar siete marcadores moleculares de ADN relacionados con descriptores morfológicos de calidad forrajera; tres son importantes para la producción de semilla (número de espigas, grosor de espigas, grosor de tallo) y cuatro son relevantes para la producción de forraje (rendimiento de forraje, densidad de tallo, diámetro de macollo y ancho de hoja). Se ha reportado que cerca del 40% de los marcadores generados por la técnica de SRAP representa secuencias codificadoras (3), por lo que es probable que los marcadores identificados en este trabajo puedan codificar para genes relacionados con atributos de calidad forrajera.

Conclusiones. Los recursos genéticos de zacate navajita recolectados en el estado de Chihuahua, presentaron alta variabilidad genética, se dispone de un banco de germoplasma, con atributos forrajeros sobresalientes. A pesar de la grave problemática que atraviesa el estado de Chihuahua y en particular la ganadería por la disminución en la superficie de los pastizales, se obtuvieron buenos niveles de variabilidad genética del pasto navajita, por lo que es importante mejorarla y conservarla.

Agradecimiento. Financiamiento otorgado por FOMIX CONACYT-Gobierno del estado de Chihuahua Clave: CHIH-2006-C02-57369.

Bibliografía.

- 1.- Stubbendieck J. *et al* (1973). Stoloniferous blue gram. *Journal of Range Management*. 26; 230-231.
- 2.- Morales C., *et al*. (2008) Análisis morfológico de la diversidad del pasto navajita [*Bouteloua gracilis* (Willd. ex Kunth) Lag. ex Steud.], en Chihuahua, México. *Técnica Pecuaria en México*. En prensa.
- 3.- Lee G., Quiros C. (2001). Sequence Related Amplified Polymorphism (SRAP), a new marker system based on a simple PCR reaction: its application to mapping and gene tagging in *Brassica*. *Theor Appl Genet* 103:455-461.
- 4.- Aguado-Santacruz, G. *et al* (2003). Genetic Variability of *Bouteloua gracilis* populations differing in forage production at the southernmost part of North American Graminatum. *Plant Ecology* 170: 287-299.