



## VARIABILIDAD GENÉTICA EN UNA POBLACIÓN DE *Bouteloua gracilis*.

Marisol Romero Márquez, Quintín Rascón-Cruz, Gerardo A. Aguado-Santacruz, Mario Royo Márquez y Sigifredo Arevalo Gallegos.

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

*Palabras clave:* *Bouteloua gracilis*, variabilidad, pastoreo.

**Introducción.** *Bouteloua gracilis* es fuente de forraje para ganado y fauna silvestre de pastizales semiáridos. Es capaz de propagarse por vía sexual y vegetativa (1) y se caracteriza por su elevada resistencia a la sequía. Las poblaciones silvestres presentan gran variabilidad fenotípica (2), sin embargo los genotipos han sido poco estudiados. Los estudios sobre la reproducción y variabilidad, podrían identificar los genotipos mejor adaptados al pastoreo y eventualmente se podrían asociar marcadores genéticos con fenotipos de calidad forrajera.

El objetivo del trabajo fue estudiar la variabilidad genética de plantas silvestres de *B. gracilis* en sitios utilizados y no utilizados para el pastoreo.

**Metodología.** Treinta y dos plantas se colectaron de una zona pastoreada (P) y otra no pastoreada (NP). Los patrones genéticos se obtuvieron por RAPDs usando los iniciadores OPC 14 y 18 (3) y por SRAPs (sequence-related amplified polymorphism), usando los pares de iniciadores me1/em4 y me2/em4 (4). Las distancias genéticas y los agrupamientos de individuos se realizaron utilizando el programa ntsys.

**Resultados y discusión.** Utilizando el método de RAPD se identificaron 30 bandas, el 43 % de ellas polimórficas. Con el primer OPC14 se encontraron cuatro bandas polimórficas presentes exclusivamente en la población P y una en la NP. Con el primer OPC18 se encontraron tres bandas polimórficas presentes exclusivamente en la población P y dos en la NP. Una banda monomórfica, presente en siete individuos, se presentó exclusivamente en la población NP. El 63% de los individuos se agruparon en tres clusters con una similitud de 100% (OPC14) y se observó una tendencia a agrupar individuos de acuerdo a su procedencia (Fig. 1)

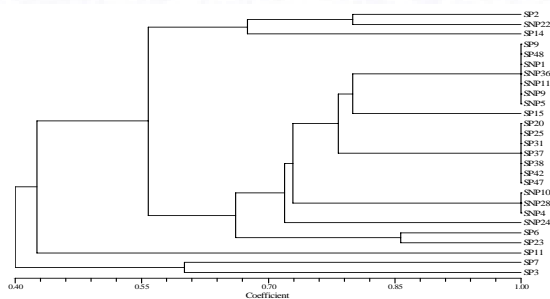


Fig. 1. Dendrograma construido por RAPD con el iniciador OPC14.

Utilizando el método de SRAP se identificaron 35 bandas, 25 % de ellas polimórficas. Con los iniciadores me2/em4 se encontró una banda polimórfica presente exclusivamente en la población P, no encontramos ninguna banda polimórfica en la NP. Con estos iniciadores, el 36 % de los individuos se agruparon en cuatro clusters con similitudes de 100 % y aunque en menor grado que con el RAPD OPC 14, también se observó una tendencia a agrupar individuos por su procedencia.(Fig. 2).

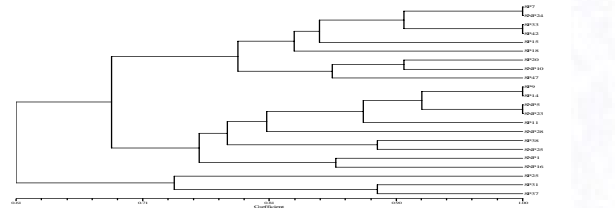


Fig. 2. Dendrograma construido por SRAP con los iniciadores me2/em4.

**Conclusiones.** De los iniciadores que hemos utilizado para RAPDs y que han detectado buenos niveles de polimorfismo, OPC 14 fue el más apropiado para lograr agrupamiento de individuos; además los resultados indican que hay diferencias genéticas entre individuos de las poblaciones P y NP. El par de iniciadores me2/em4 es apropiado para observar variabilidad entre individuos y además permite el agrupamiento; este par de iniciadores sería el de elección para tratar de asociar marcadores genéticos con atributos de calidad forrajera.

**Agradecimiento.** Financiamiento otorgado por la FCQ/UACH, Convocatoria Interna 2006.

### Bibliografía.

1. Stubbendieck, J. y cols. (1973). Stoloniferous blue grama. *J. of Range Management*. 26. 230-231
2. Samuel, M. J. y Hart, R.H. (1995). Observations on spread and fragmentation of the blue grama clones in disturbed rangeland. *J. of Range Management*. 48. 508-510.
3. Aguado G. S. y cols. (2002). Environmental factors and community dynamics at the southernmost part of the North American Graminetum. II Temporal plant assemblages determined by rainfall patterns. *Plant Ecology*. 158. 49-63.
4. Li G. y Quiros C. 2001. Sequence-related amplified polymorphism (SARP). A new marker system based on a single PCR reaction: Its applications to mapping and gene tagging in *Brassica*. *Theor. Appl. Genet.* 103. 455-461.