

**ESTUDIO DE LA TOLERANCIA A SALINIDAD EN ETAPAS VEGETATIVAS  
TEMPRANAS DE FAMILIAS DE FESTUCA ALTA (*Festuca arundinacea* Schreb. Var  
*arundinacea*)**

Trabajo Final de Grado  
de la alumna



**Escuela de Ciencias Agrarias, Naturales y Ambientales.  
Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires.**

**ESTUDIO DE LA TOLERANCIA A SALINIDAD EN ETAPAS VEGETATIVAS  
TEMPRANAS DE FAMILIAS DE FESTUCA ALTA (*Festuca arundinacea*  
Schreb. Var *arundinacea*)**

Trabajo Final de Grado  
de la alumna

**MARIAN PAULA SACCOCCIA**

Aprobada por el Tribunal Evaluador

Ing. Agr. Antonio Díaz Paleo

**Evaluador**

Ing. Agr. (MSc) Omar Scheneiter

**Evaluador**

Lic. (MSc) Roque Guillen

**Evaluador**

Lic. Natalia Soledad Palacios

**Co-Directora**

Dra. Adriana Noemí Andrés

**Directora**

**Escuela de Ciencias Agrarias, Naturales y Ambientales.  
Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires.**

Pergamino, 17 de junio de 2020

## **Agradecimientos**

A mi directora, Dra. Adriana Andrés y co-directora Lic. Natalia Palacios, por darme la posibilidad de realizar este trabajo bajo su dirección, por su apoyo, paciencia y dedicación. Y principalmente por sus valiosos aportes.

Al personal de la sección Forrajeras y del Laboratorio de Biotecnología de la EEA Pergamino por su colaboración y por permitirme realizar este trabajo en sus instalaciones.

A la Universidad Nacional del Noroeste de Buenos Aires y a todos los profesores de la Escuela de Ciencias Agrarias, Naturales y Ambientales de la UNNOBA por su contribución en mi formación profesional.

A mis padres, Rodolfo y Blanca, por ser el sostén principal para que termine mis estudios, y con todo su amor me acompañaron siempre.

A mi marido Andrés y mi hijo Salvador, por brindarme siempre su cariño y apoyo incondicional.

A mis compañeras de estudio, Dianela, Clara, Sofía y Victoria, que también colaboraron con este trabajo.

## ÍNDICE

<b>1. RESUMEN.....</b>	<b>1</b>
<b>2. INTRODUCCION.....</b>	<b>3</b>
2.1. La salinidad en el suelo y su efecto en las plantas....	3
2.2. Tolerancia de las plantas a la salinidad.....	4
2.3. La especie en estudio.....	5
2.3.1. Origen, distribución y descripción botánica.....	5
2.3.2. Características agronómicas y productivas.....	7
2.4. Variabilidad fenotípica y genética.....	8
2.5. Genética de la tolerancia a la salinidad.....	10
2.6. El germoplasma en estudio.....	11
<b>3. HIPÓTESIS.....</b>	<b>12</b>
<b>4. OBJETIVOS.....</b>	<b>12</b>
4.1. Objetivo general.....	12
4.2. Objetivos específicos.....	12
<b>5. MATERIALES Y METODOS.....</b>	<b>13</b>
5.1. Origen de las familias.....	13
5.2. Siembra en invernáculo.....	14
5.3. Trasplante a sistema hidropónico.....	15
5.4. Caracteres evaluados.....	17
5.5. Análisis de la información.....	18
5.5.1. Análisis de la variancia.....	18
5.5.2. Estimación de la heredabilidad en sentido estricto..	19
5.5.3. Estimaciones de correlaciones fenotípicas.....	20
5.5.4. Análisis multivariado.....	20
5.5.5. Índice de tolerancia.....	20
<b>6. RESULTADOS.....</b>	<b>21</b>
6.1. Comportamiento promedio de las FMH.....	21
6.2. Efecto de los tratamientos.....	22
6.2.1. Altura.....	25
6.2.2. Número de macollos.....	29
6.2.3. Peso fresco aéreo.....	31
6.2.4. Peso seco aéreo.....	32
6.2.5. Largo de raíz.....	33
6.2.6. Peso seco de raíz.....	34
6.2.7. Peso seco total.....	35
6.3. Índice de tolerancia.....	38
6.3.1. Relación entre productividad y tolerancia.....	39
6.4. Estimación de parámetros genéticos.....	42
6.5. Correlaciones fenotípicas.....	43
6.6. Análisis multivariado.....	44
6.6.1. Análisis de componentes principales.....	44

6.6.2. Análisis de clúster jerárquico.....	46
<b>7. DISCUSIÓN.....</b>	<b>50</b>
<b>8. CONCLUSIONES.....</b>	<b>55</b>
<b>9. BIBLIOGRAFÍA.....</b>	<b>56</b>

## 1. RESUMEN

La festuca alta (*Festuca arundinacea* var. *arundinacea*) es una de las forrajeras más difundidas en Argentina por su elevado potencial productivo en ambientes ganaderos. El objetivo de este estudio fue evaluar la tolerancia a la salinidad en condiciones de hidroponía de 30 familias de medios hermanos (FMH) derivadas de poblaciones recolectadas en el borde del nicho ecológico de la especie. Para tal fin se condujo un experimento utilizando un DBCA, con 3 repeticiones y 3 tratamientos (control: 0 Mm NaCl, S1: 250 mM NaCl, S2: 500 mM NaCl). Se evaluaron caracteres de crecimiento inicial en 45 plantas/FMH: número de macollos (NMAC) y altura de la planta (ALT), a los 15 y 24 días de iniciar los tratamientos salinos; largo de raíz (LR), peso fresco aéreo (PFA), peso seco aéreo (PSA), peso seco de raíz (PSR) y peso seco total (PST), a los 29 días de iniciar los tratamientos. Para el análisis de los datos se ajustaron modelos con dos factores y heterogeneidad de varianzas utilizando InfoStat en su interfaz con R y se realizó la prueba de comparaciones múltiples DGC. Se calcularon los índices de tolerancia (IT) para todos los caracteres. Se estimaron los componentes de varianza y heredabilidad ( $h^2$ ) en base a la media familiar para cada carácter y tratamiento a partir de las esperanzas de los cuadrados medios. Los resultados obtenidos indicaron que la salinidad produjo una reducción significativa en el crecimiento inicial de las plantas de festuca alta respecto de la condición control, en todas las FMH evaluadas, observándose mayor reducción con el incremento de la concentración salina y el tiempo de exposición, sin afectar la sobrevivencia. La respuesta de las FMH, para el total de los caracteres dependió del tratamiento impuesto; en control las FMH 7, 1, 13, 23, 26 y 28 fueron las de mejor comportamiento, mientras que en S1 lo fueron las FMH 2, 23, 28, 29 y 30, y en S2 la FMH 9. Las relaciones entre productividad y tolerancia (ITPSA, ITPSR, ITPST) indicaron que las FMH 29, 12 y 15 conformaron el grupo de las más productivas y más tolerantes y las FMH 11 y 4 fueron las menos productivas y menos tolerantes a la salinidad. Las estimaciones de  $h^2$  fueron elevadas en S1 (0,49) para ALT, NMAC, PFA, PSA y PST. Estos resultados aportan información valiosa para iniciar un plan de mejora en la especie, según se persiga la obtención de un cultivar con

elevada tolerancia a salinidad y elevada productividad (FMH 29, 30, 15, 10, 12) y de otro cultivar con tolerancia intermedia y productividad intermedia a elevada (FMH 2, 6, 14, 24).

## 2. INTRODUCCION

En los últimos años se han acentuado los cambios ocurridos en los sistemas de producción ganaderos de Argentina referidos a la concentración y relocalización de las existencias bovinas en ambientes con restricciones (edáficas y climáticas), a la vez que se ha mantenido una clara tendencia a la intensificación de los sistemas de producción tanto de carne como de leche (Rearte, 2011; Agüero y Garay, 2016).

Además, como consecuencia del cambio climático ocurren eventos extremos que no sólo modifican la tradicional performance de las especies forrajeras que sustentan la alimentación animal, sino que generan incrementos en la variabilidad de su expresión productiva, condicionando en forma no previsible la oferta forrajera y la preservación del ambiente (Agnusdei y Castaño, 2012). En este contexto, el uso de pasturas perennes compuestas por especies adaptadas a los estreses abióticos, y con potencial productivo, son un recurso invaluable para la alimentación del ganado. En particular en la región pampeana, la mayor cantidad de ganado se concentra en la Depresión del Salado, en suelos con graves limitantes edáficas caracterizados por la presencia de salinidad en superficie, afectando la productividad de los cultivos (Rearte, 2011).

El desarrollo de germoplasma tolerante a la salinidad, es un objetivo central en los programas de mejoramiento genético de especies forrajeras destinadas a este tipo de ambientes (Andrés y Rosso, 2007). Entre las especies de mayor valor forrajero adaptadas a la región templada húmeda y sub-húmeda de la Argentina, se destaca la festuca alta (*Festuca arundinacea* Schreb. Var *arundinacea*), considerada la gramínea forrajera perenne más importante dentro las pasturas cultivadas (Sevilla y Spada, 2014).

### 2.1. La salinidad en el suelo y su efecto en las plantas

La proporción de suelos afectados por salinidad se cifra en un 10 % del total mundial (Leidi y Pardo, 2002). En la República Argentina, las zonas salinas ocupan alrededor de 85 millones ha (FAO, 2019). Estas zonas son consideradas marginales para el desarrollo de la producción agrícola debido a las altas



concentraciones de sales solubles, afectando la capacidad de las especies vegetales para aprovechar el agua y reduciendo la disponibilidad de algunos nutrientes (Gorgas, 2005).

Los suelos salinos se caracterizan por contener una alta concentración de sales solubles, con una conductividad eléctrica de 4 dS/m o más, que es equivalente a aproximadamente 40 mM de NaCl (Munns y Tester, 2008). La recuperación de estos suelos mediante adición de químicos es económicamente inviable (Priano y Pilatti, 1989). Por lo tanto, el desarrollo de cultivares de especies forrajeras tolerantes al estrés salino, es imprescindible, para lograr una producción sustentable y para satisfacer la creciente demanda de alimentos (Muhammad y Nudrat, 2009).

El efecto de la salinidad en las plantas produce cambios en su composición interna (Oliveira *et al.*, 2008; Rowell, 1992), reduciendo la capacidad de absorción de agua (Epstein, 1979; Dodd y Donovan, 1999; Hasegawa *et al.*, 2000) y produciendo toxicidad a través de los iones presentes en las sales (Hasegawa *et al.*, 2000; Munns, 2005; Martín *et al.*, 2012). Al reducir la capacidad de captación de agua, se producen situaciones de estrés hídrico y cierre de estomas por el efecto osmótico de las sales en las raíces (Munns y Tester, 2008), con reducción de la fotosíntesis (Tester y Davenport, 2003) y un aumento de la formación de especies reactivas de oxígeno (ROS) en los diferentes compartimentos celulares. Todos estos mecanismos de desintoxicación son comunes ante la presencia de sales solubles en el suelo. Se han encontrado diferencias en los niveles de expresión o actividad de las enzimas antioxidantes en diferentes especies (Munns y Tester, 2008).

## **2.2. Tolerancia de las plantas a la salinidad**

La tolerancia a la salinidad se define en términos generales como la capacidad de las plantas para crecer satisfactoriamente en suelos salinos, independientemente del mecanismo que utilicen para disminuir el efecto negativo de las sales solubles. En general, las especies tolerantes son capaces de completar su ciclo de vida sin disminuir significativamente su rendimiento, debido a

cambios morfológicos, fisiológicos y bioquímicos (Ramírez-Suárez y Hernández-Olivera, 2016).

El nivel o grado de tolerancia a la salinidad, difiere acorde a cada especie y a cada grupo de genotipos, y se cuantifica en ensayos destinados para tal fin, comparando el peso de las plantas que crecen en condiciones de salinidad (NaCl) con el peso obtenido de aquellas que se han desarrollado en condiciones no salinas durante un período de tiempo lo suficientemente prolongado para que expresen sus mecanismos de supervivencia frente a las condiciones expuestas (Munns y Tester, 2008; Rajendran *et al.*, 2009; Munns, 2010).

La supervivencia es dependiente de numerosas características complejas que ocurren dentro de las plantas, como la habilidad para compartimentalizar iones, de la regulación de la transpiración, del control de la pérdida de iones por el apoplasto de la raíz, de la naturaleza de las membranas de la vacuola, de la síntesis de solutos y de la capacidad para tolerar bajas relaciones  $K^+ / Na^+$  en el citoplasma (Pesqueira, 2008). Uno de los mecanismos estudiados demuestra que puede producirse una acumulación de  $K^+$  en el citoplasma celular, y que la concentración de este ion en relación con el de  $Na^+$  puede ser un factor también contribuyente para aumentar la tolerancia a la salinidad (Munns y Tester, 2008).

## **2.3. La especie en estudio**

### **2.3.1. Origen, distribución y descripción botánica**

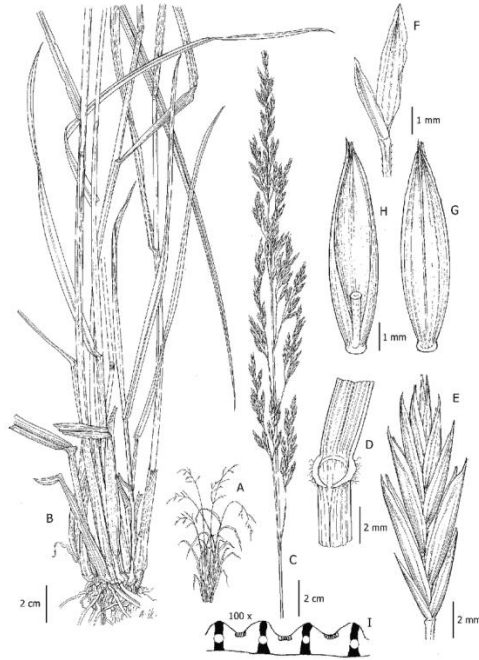
La festuca alta (*Festuca arundinacea* Schreb. Var *arundinacea*) es una gramínea alohexaploide ( $2n= 42; x=7$ ), perteneciente a la familia de las Poáceas (Parodi, 1958). Desde el punto de vista reproductivo, es una especie alógama y altamente autoincompatible. Nativa de Europa, norte de África, Oeste y centro de Asia, se introdujo en Argentina en 1954. Posee una amplia adaptación geográfica y plasticidad fenotípica que le permite crecer en un rango de suelos muy ácidos a muy alcalinos, y persistir ante condiciones de sequía (Agnusdei *et al.*, 2014), ocupando la mayor superficie como integrante de pasturas consociadas cultivadas en la pampa húmeda y sub-húmeda.

La festuca presenta dos grupos principales de germoplasma de diferente origen, con marcadas diferencias de crecimiento: continentales o del norte de Europa y mediterráneos (Bertín, 2010). Del cruzamiento entre ambos, surgen los híbridos denominados biotipos intermedios (Maddaloni y Ferrari, 2001). La producción total y estacional de forraje es diferente en cada uno de estos grupos (Bertín, 1988). Los “tipos continentales o del norte de Europa” son procedentes de Europa continental, más resistentes al frío, presentan menor producción en invierno y su mayor producción es primavero-estival; producen forraje todo el año en las regiones donde ellos están adaptados y son frecuentemente de hojas más anchas. Los “tipos mediterráneos” son procedentes de las zonas aledañas al Mar Mediterráneo, donde los inviernos no son tan fríos y los veranos secos y calientes; por lo tanto, son menos tolerantes a bajas temperaturas, dando su mayor producción de forraje en otoño-invierno, con un notorio reposo estival (Rosso *et al.*, 2007), y frecuentemente poseen hojas más finas. Además, existe un tercer ecotipo (“rizomatoso”) que no tiene difusión en nuestro país (Hand *et al.*, 2012).

Los primeros cultivares introducidos y comercializados en Argentina fueron K “31” y “Alta”, de los estados de Kentucky y Oregón (EEUU). Posteriormente se desarrolló en nuestro país el cultivar “El Palenque MAG” (Scheneiter *et al.*, 2015), ampliamente utilizado por los productores de la región templada. En la actualidad existen numerosos cultivares inscriptos en el INASE.

Presenta un hábito de crecimiento cespitoso, formando matas densas con rizomas cortos. La altura a floración es de 1,5 m, dependiendo de la fertilidad del suelo (Ruíz, 2011), con cañas delgadas y glabras. El sistema radicular es homorrizo, pudiendo alcanzar hasta 1,80 m de profundidad, estando la mayor concentración de raíces en los primeros 0,35 m. Posee prefoliación convoluta cilíndrica, con macollaje intra y extravaginal. El follaje es verde intenso y glabro, con vainas cerradas, aurículas pequeñas y lígula membranosa menor de 0,5 cm. Las láminas son planas, glabras, con nervaduras bien marcadas en el haz y envés brillante. La inflorescencia es una panoja laxa ramificada, algo contraída, multiflora, de hasta 50 cm de largo (Hannaway *et al.*, 1999), que produce una gran cantidad de semillas. Las espiguillas son elípticas a oblongas, cada una posee de

3 a 10 flores, de las cuales solo la mitad produce semillas. El peso de mil semillas varía entre 1,5 y 2,2g. El fruto es un cariopse oblongo, de 0,7 mm de longitud, fuertemente vestido por lemma y palea (Maddaloni y Ferrari, 2001).



**Figura1.** Descripción botánica de festuca alta (Maddaloni y Ferrari, 2001)

### 2.3.2. Características agronómicas y productivas

Tiene un crecimiento otoño-invierno-primaveral, aunque presenta una marcada estacionalidad, observándose las mayores tasas de crecimiento en primavera-verano, y las menores en otoño-invierno (Miñón, 2013). Es altamente productiva y adaptable a ambientes diversos (Agnusdei *et al.*, 2014), motivo por el cual es muy utilizada en sistemas de producción de carne, generalmente formando parte de pasturas cultivadas consociadas con leguminosas, como alfalfa, tréboles y lotus (Rimieri *et al.*, 2002; Scheneiter, 2002).

Sus principales destinos son pasturas para consumo directo y forrajes conservados como ensilajes y heno. De acuerdo al manejo de la defoliación, la pastura puede tener una persistencia superior a los 4 años (Hannaway *et al.*, 1999).

Se destaca por presentar características adecuadas para mejorar la estructura de los suelos, en particular en planteos de rotación agrícola-ganadera, debido a que posee un sistema radicular extenso y profundo, que disminuye la erosión y aumenta la capacidad de retención de agua. Presenta tolerancia al pisoteo y a pastoreos intensivos (Di Santo *et al.*, 2014).

Su productividad forrajera es elevada, aún en distintas condiciones de suelos; soporta sequías prolongadas y también tolera los excesos de humedad. Presenta muy buena respuesta a la fertilización fosforada y nitrogenada, y crece bien en suelos arenosos livianos o arcillosos (Maddaloni y Ferrari, 2001). Presenta una calidad de forraje intermedia, con importantes variaciones estacionales en la digestibilidad *in vitro* de la materia seca del forraje (75% a 45%) similar a otras gramíneas forrajeras (Bertín *et al.*, 1990; Carrete, 1999). En pasturas en estado vegetativo alcanza valores de digestibilidad de la materia seca de 70-75%, con contenidos de proteínas (PB) superiores al 15% y de fibra detergente neutro (FDN) de 50% (Agnusdei *et al.*, 2014).

Algunas pasturas de festuca alta pueden causar toxicidad en animales por presencia de un hongo endófito, denominado *Neotyphodium coenophialum*, responsable de la producción de ergocalcoides, ocasionando importantes pérdidas en la producción ganadera (Bertín, 2019).

#### **2.4. Variabilidad fenotípica y genética**

La variabilidad genética se expresa en caracteres morfológicos, fisiológicos, bioquímicos y/o fenológicos, en cualquier etapa del ciclo de vida del individuo (Primack y Kang, 1989). La variabilidad puede detectarse a nivel poblacional o de planta individual (Bradshaw, 1984; Briggs y Walters, 1984). Estos niveles de variación son generalmente afectados por factores ecológicos y geográficos según el lugar donde se distribuye la especie (Soulé, 1973; Van Valen, 1965), además del sistema reproductivo (Wright, 1949) y la longevidad de la planta (Hamrick, 1979). El rango de variabilidad puede extenderse desde polimorfismos conspicuos (por ejemplo, color de flor) hasta variaciones moleculares invisibles (por ejemplo, constitución de proteínas) (Ernst, 1987).

En el caso de la variabilidad fenotípica observada dentro de una población, se considera que es el producto tanto de la variabilidad genotípica como de las modificaciones plásticas de los individuos, originadas en las pequeñas diferencias de sus ambientes (Heslop-Harrison, 1959). La plasticidad fenotípica estima la aclimatación potencial de un carácter particular en respuesta a una modificación ambiental y dentro de un genotipo (Orcutt y Nilsen, 1996).

La explotación de la variación genética detectada ya sea a nivel poblacional o familiar resulta esencial para realizar selección. Existen numerosos estudios que indican que la caracterización morfofisiológica de genotipos ha permitido detectar variabilidad genética entre y dentro de poblaciones (Andrés, 2014; Affinito *et al.*, 2015). Entre los marcadores morfológicos más utilizados se mencionan algunos relacionados con aspectos vegetativos como forma de la planta, color de hoja, altura de planta, peso seco de la biomasa aérea y número de macollos. Existen otros relacionados con aspectos reproductivos, tales como floración, largo de espiga, número de espigas y peso de mil semillas. La mayoría de estos caracteres son de fácil medición y muy importantes al momento de realizar inscripciones de cultivares (Guercio *et al.*, 2015).

En Argentina numerosos estudios realizados en especies forrajeras destinadas a pasturas (Traverso y von der Pahlen, 1982; Andrés, 1987; Andrés y Cordero, 1995; Pagano, 1993; Barufaldi, 1999), demostraron una elevada variabilidad genética. En festuca alta numerosos estudios realizados a nivel morfofisiológico sobre poblaciones creciendo en condición de planta aislada, bajo pastoreo y en competencia con trébol blanco (Ceroni, 1993) demostraron una elevada variabilidad genética y plasticidad fenotípica de la especie. Otros estudios realizados a nivel molecular (Cuyeu, 2008; Cuyeu *et al.*, 2013) confirmaron la existencia de variabilidad genética, en respuesta a las presiones de selección impuesta por cambios temporales y/o espaciales ocurridos en los ambientes de recolección o condiciones de utilización.

## 2.5. Genética de la tolerancia a salinidad

La tolerancia se define como la habilidad de una planta para crecer y completar su ciclo de vida en un medio estresante (Bernstein y Hayward, 1958). La tolerancia a la salinidad es un carácter complejo y poligénico, que demora los avances en selección (Shannon, 1985, Leidi y Pardo, 2002). Adicionalmente se considera que la tolerancia se expresa a través de numerosos caracteres e interacciones genéticas y ambientales (Borsani *et al.*, 2003; Ashraf, 2004; Flowers, 2004; Yamaguchi y Blumwald, 2005; Zhang *et al.*, 2006; Sreenivasulu *et al.*, 2007; Munns y Tester, 2008; Fleury *et al.*, 2010).

Numerosos autores han demostrado la existencia de variabilidad genética para la tolerancia a diversos estreses (Carrow, 1996; Huang y Fry, 1998; Wang *et al.*, 2003; Lopes da Silva Santos Simões, 2015) y un componente genético aditivo altamente heredable (Hunt, 1965). En forrajeras algunos estudios muestran la posibilidad de desarrollar genotipos con mayor nivel de tolerancia al estrés (Francois, 1988; Láuchi, 1984; Smith *et al.*, 1981), aplicando selección en caracteres asociados a la producción de biomasa aérea (materia seca), tanto bajo condiciones control como bajo condiciones estresantes (Ixtaína y Mujica, 2004; Pesqueira, 2008).

La consecuencia más evidente del efecto del estrés salino en las plantas es una disminución marcada en los parámetros de crecimiento, como producción de materia seca, contenido de humedad en hojas, altura de planta, longitud de ramificaciones, número de macollos, entre otros (Vázquez de Aldana *et al.*, 2011; Ixtaína *et al.*, 2010; Franco, 2014; Maciel, 2019).

En el caso de festuca alta, existe escasa información del efecto de algunos estreses abióticos, como salinidad y sequía, en la heredabilidad de aquellos caracteres de importancia agronómica, comparativamente con otras especies como agropiro alargado, lotus tenuis, raigras anual (Andrés, 2001; Andrés y Cordero, 1995; Pistorale *et al.*, 2009; Acuña *et al.*, 2009; Rosso y Andrés, 2009; Acuña *et al.*, 2015; Palacios, 2015).

## 2.6. El germoplasma en estudio

Según estudios de prospección de la especie en la región pampeana de la Argentina, en un área de 400 km<sup>2</sup>, se definió el nicho ecológico de la especie (Scheneiter *et al.*, 2015), considerando variables bioclimáticas como temperaturas extremas y lluvias en el trimestre más seco (100mm). A partir de dicho estudio se identificaron áreas geográficas que indicarían la existencia de genotipos adaptados a condiciones marginales al nicho, y se colectaron nueve poblaciones de festuca alta en la periferia del nicho ecológico. Dichas poblaciones fueron sometidas a estudios en laboratorio y a campo (condición de planta espaciada), a nivel molecular y morfofisiológico, detectándose la presencia de variabilidad genética entre y dentro de las poblaciones. El estudio molecular determinó que el 62% del total de la variancia genética se encontró dentro de las poblaciones y el 38% restante entre las mismas (Palacios *et al.*, 2018).

El objetivo de este trabajo fue analizar el crecimiento inicial de familias de medios hermanos de festuca alta, derivadas de genotipos integrantes de poblaciones naturalizadas recolectadas en el borde del nicho ecológico de la especie (Scheneiter *et al.*, 2015), en condiciones de salinidad en hidroponia.



### **3. HIPÓTESIS**

Existe variabilidad fenotípica y genética en la tolerancia a la salinidad entre familias de medios hermanos (FMH) de festuca alta.

### **4. OBEJTIVOS**

#### **4.1. Objetivo general**

Determinar la existencia de variabilidad fenotípica y genética en la tolerancia a la salinidad entre familias de medios hermanos (FMH) de festuca alta.

#### **4.2. Objetivos específicos**

- Caracterizar fenotípicamente 30 FMH de festuca alta en condiciones de salinidad en hidroponia.
- Estimar parámetros genéticos de los caracteres estudiados: varianza genética aditiva, ambiental y fenotípica, y heredabilidad en sentido estricto.
- Detectar grupos de genotipos o FMH tolerantes y susceptibles a la salinidad.

## 5. MATERIALES Y METODOS

### 5.1. Origen de las familias

Se evaluaron 30 FMH provenientes de la selección de genotipos dentro de 3 grupos de policruzamiento, donde las familias fueron seleccionadas por mayor producción de semillas. Las 9 poblaciones de origen fueron colectadas en el borde del nicho ecológico de la especie (Scheneiter *et al.*, 2015). En la tabla 1 se detallan los sitios de colecta de las mismas. En la tabla 2, se indica la población de la cual proviene cada una de las 30 FMH.

**Tabla 1.** Sitios de colecta de las 9 poblaciones, coordenadas geográficas, altura sobre el nivel del mar (ASNM) y tipo de suelo.

Población	Sitio de colecta	Coordenadas	ASNM	Tipo de suelo
1	Juncal	S 33°43; O 60°56	89	Argiudol, bajo ganadero con curso de agua
2	Firmat	S 33° 24; O 61°37	107	Argiudol, agrícola
3	Melincué	S 33° 41; O 61° 21	57	Argialbol típico
4	Pehuajó	S 35° 51; O 62° 14	86	Argiudol, agrícola
5	General Villegas	S 35° 03; O 63° 01	113	Argiudol, ganadero
6	Lima	S 34° 03; O 59° 17	5	Argiudol, bajo ganadero con curso de agua
7	Pigüé	S 37° 34; O 62° 30	284	Loma agrícola con tosca, con curso de agua
8	Coronel Pringles	S 38° 17; O 61° 32	267	Agrícola con tosca, en la sierra
9	Pergamino	S 33° 56; O 60° 33	66	Argiudol, agrícola

**Tabla 2.** Origen de las 30 FMH de Festuca alta.

<b>FMH</b>	<b>Población de origen</b>
1	9
2	5
3	6
4	8
5	7
6	9
7	6
8	9
9	5
10	5
11	3
12	2
13	3
14	4
15	2
16	3
17	3
18	2
19	2
20	3
21	1
22	1
23	1
24	1
25	1
26	1
27	1
28	1
29	1
30	1

## 5.2. Siembra en invernáculo

El 14 de julio de 2017, las semillas fueron sembradas en *speedlings*, los cuales contenían un sustrato formado por una proporción de tres partes de tierra y una parte de perlita, para permitir correcto drenaje y aireación, y con ello un óptimo desarrollo de las raíces. Se mantuvieron en invernáculo con control de temperatura, ubicado en INTA EEA Pergamino. El riego de las plantas fue realizado una vez por semana. Una vez que las plantas tuvieron al menos tres hojas se trasplantaron a macetas plásticas para evaluar en condiciones de salinidad.

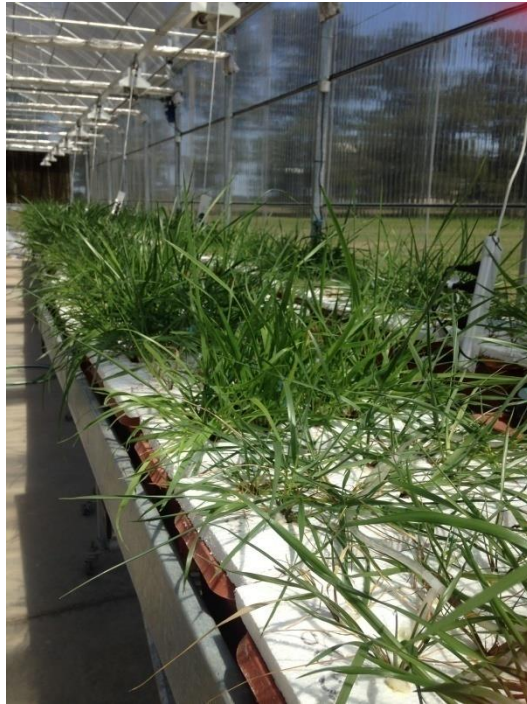


**Figura 2.** Plantas de festuca en *speedlings*.

### **5.3. Trasplante a sistema hidropónico**

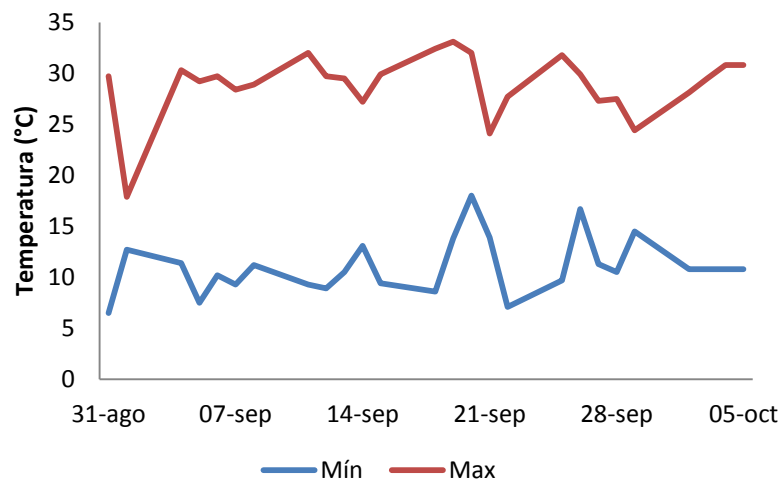
El 28 de agosto de 2017 se realizó el pasaje de las plantas al sistema hidropónico, llevado a cabo en 135 macetas plásticas de 6 litros cada una. Se colocaron 10 plantas por maceta, pertenecientes a dos familias diferentes (5 individuos por FMH), debidamente identificadas y se evaluaron 30 FMH. El ensayo fue dispuesto en un diseño en bloque completamente aleatorizado con 3 repeticiones y 3 tratamientos (control: 0 mM de NaCl, S1: 250 mM de NaCl, S2: 500 mM de NaCl), fueron evaluados 45 individuos por FMH. Los primeros tres días, luego del trasplante al sistema hidropónico las plantas se mantuvieron en agua, para que las raíces estén limpias para el momento del pasaje a solución Hoagland. El 31 de agosto se realizó el recambio, en el cual fueron agregados 300 ml de solución nutritiva Hoagland (Hoagland y Arnon, 1950) y el resto del volumen se completó con agua. El 11 de septiembre se comenzó con el agregado de sal a la solución nutritiva. La cantidad de sal fue incrementándose gradualmente en 50 mM de NaCl por día, durante 10 días hasta llegar a las concentraciones deseadas. Las soluciones nutritivas contenidas en las bandejas plásticas fueron oxigenadas mediante aireadores y se controló la evaporación renovando la misma cada 7

días. El período de evaluación del crecimiento inicial fue de 29 días, desde el inicio del agregado de sal.



**Figura 3.** Plantas de festuca en hidroponia.

En el siguiente gráfico se muestran las temperaturas mínimas y máximas en el invernáculo durante el transcurso del ensayo.



**Figura 4.** Temperaturas mínimas y máximas durante el transcurso del ensayo.

#### 5.4. Caracteres evaluados.

Se evaluaron caracteres de crecimiento inicial en plantas individuales de festuca alta.

**Número de macollos por planta:** el conteo del número de macollos producidos por cada planta se realizó a los 15 y a los 24 días de haber iniciado el tratamiento salino.

**Altura de planta:** se midió altura de planta (cm), con una regla graduada a los 15 y a los 24 días de haber iniciado el tratamiento salino.

**Peso fresco aéreo:** inmediatamente después del corte se realizó el pesaje (gramos) de biomasa aérea de cada planta, luego de 29 días de iniciado el tratamiento.

**Peso de materia seca por planta:** la biomasa aérea de cada planta se secó en estufa de aire forzado y se realizó luego el pesaje (gramos).

**Largo de raíz:** se midió el largo de raíz (cm) de cada planta con regla graduada, luego de 29 días iniciado el tratamiento.

**Peso seco de raíz:** la raíz de cada planta se secó en estufa de aire forzado y se realizó posteriormente el pesaje (gramos).

**Peso seco total:** se calculó el peso seco total por planta, resultante de la suma de peso de materia seca por planta y el peso seco de raíz (gramos).

**Tabla 3.** Caracteres evaluados y fechas de medición.

<b>Carácter</b>	<b>Abreviatura</b>	<b>Fecha de medición</b>
Número de macollos por planta	NMAC	26/09 y 05/10
Altura de planta	ALT	26/09 Y 05/10
Peso fresco aéreo	PFA	09/10
Peso de materia seca por planta	PSA	
Largo de raíz	LR	09/10
Peso seco de raíz	PSR	09/10
Peso seco total	PST	PSA + PSR

## 5.5. Análisis de la información

Los datos obtenidos fueron analizados mediante modelos mixtos (Infostat/P y su interfaz con R). Se realizó análisis de la variancia, comparación de medias (DGC) y análisis multivariados (Componentes Principales y Conglomerados).

### 5.5.1. Análisis de la variancia

Se realizó el análisis de la variancia mediante el programa estadístico Infostat/R, este método permite comparar el comportamiento promedio de las FMH para los diferentes caracteres.

Para analizar la significancia de las variancias de los caracteres medidos entre familias se utilizó el siguiente modelo:

$$Y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \beta_j + (\alpha\beta)_{ij} + \gamma_k + \varepsilon_{ijk}$$

Dónde:

$Y_{ijk}$  = variable observada en la unidad experimental ubicada en el bloque k, a la cual se le aplicó el nivel i de las FMH y el nivel j del tratamiento salino.

$\mu$  = promedio general.

$\alpha_i$  = efecto que produce la familia.

$\beta_j$  = efecto que produce el tratamiento salino.

$(\alpha\beta)_{ij}$  = efecto de la interacción entre la FMH y el tratamiento salino.

$\gamma_k$  = efecto del bloque k.

$\varepsilon_{ijk}$  = error aleatorio asociado al valor  $Y_{ijk}$

### 5.5.2. Estimación de la heredabilidad en sentido estricto

Se define heredabilidad en sentido estricto ( $h^2$ ) al cociente de la variancia genética aditiva ( $\sigma_a^2$ ) sobre la variancia fenotípica ( $\sigma_p^2$ ):

$$h^2 = \sigma_a^2 / \sigma_p^2$$

La heredabilidad expresa la porción de la variancia total que es atribuible a los efectos medios de los genes y esto es lo que determina el grado de parecido entre parientes.

La variancia familiar ( $\sigma_f^2$ ) representa la variancia genética entre las familias de medios hermanos, la cual es igual a la covariancia dentro de las familias de medios hermanos (covMH). Esta puede ser utilizada para estimar la variancia aditiva ( $\sigma_a^2$ ), ya que

$$\sigma_f^2 = \text{covMH} = 1/4 \sigma_a^2$$

La variancia aditiva puede estimarse como

$$\sigma_a^2 = 4 \sigma_f^2$$

Las estimaciones de heredabilidad en sentido estricto se realizaron en base a los componentes de la variancia del análisis de la media de la parcela (Nguyen y Sleper, 1983), según la fórmula:

$$h^2 = \frac{\sigma_f^2}{\sigma_f^2 + \frac{\sigma_e^2}{r}}$$

Donde, r son las 3 repeticiones,  $\sigma_e^2$  es la variancia del error que expresa la variación ambiental entre repeticiones y  $\sigma_f^2$  es la variancia genética existente entre las familias de medios hermanos.



### 5.5.3. Estimaciones de correlaciones fenotípicas

La asociación entre dos caracteres que pueden ser directamente observados es la correlación de valores fenotípicos o correlación fenotípica. Esta se determina a través de la medición de dos caracteres en un número de individuos, se realiza para conocer el grado de asociación entre los caracteres para ser utilizados en futuros procesos de selección. Fue realizada con el programa estadístico Infostat/R mediante el coeficiente de correlación de Pearson, el cual mide la magnitud de la asociación lineal entre dos variables caracteres que no depende de las unidades de medida de las caracteres originales y asume valores en el intervalo [-1;1] y el signo indica la dirección de la asociación.

### 5.5.4. Análisis Multivariado

Los análisis multivariados que se aplicaron fueron: Análisis de Componentes Principales y Análisis Jerarquizado (*Clúster*) mediante el programa estadístico Infostat/R. El Análisis de Componentes Principales se basa en la transformación de un conjunto de caracteres cuantitativos originales en otro conjunto de caracteres independientes no correlacionadas, llamadas componentes principales. El objetivo es poder condensar la información, en unas pocas componentes principales que expliquen la mayor variabilidad. El Análisis Jerarquizado es una técnica de agrupamiento que se basa en las similitudes o distancias entre las observaciones o caracteres. Para ello se utilizó como medida de distancia Euclídea. Los resultados del agrupamiento se pueden observar a través de un dendograma y el método empleado fue el de promedio (Average Linkage).

### 5.5.5. Índice de tolerancia

Se calculó el índice de tolerancia de cada genotipo a partir del resultado de peso seco aéreo obtenido en los tratamientos S1 y S2, sobre el promedio del PSA del control.

$$ITPSA = \frac{PSA_{\text{tratamiento}}}{\text{promedio}PSA_{\text{control}}}$$

## 6. RESULTADOS

A continuación se presentan los resultados obtenidos

### 6.1. Comportamiento promedio de las FMH

En el tabla 4 se presenta el comportamiento promedio de las 30 FMH y en la tabla 5 se presenta el comportamiento de cada FMH de Festuca en todos los caracteres evaluados, a través de los estadísticos descriptivos: media, desvío estándar (D.E.), coeficiente de variación (CV), valor máximo (Máx.), valor mínimo (Mín.) y la significación estadística (valor p).

**Tabla 4.** Comportamiento promedio de las 30 FMH de *Festuca arundinacea* para todos los caracteres evaluados. Las estimaciones estadísticas se realizaron sobre los valores medios que corresponden a cada familia. Estadísticos explicados en el texto.

<b>Carácter</b>	<b>Media</b>	<b>D.E.</b>	<b>CV</b>	<b>Mín</b>	<b>Máx</b>	<b>Valor p</b>
<b>PFA</b>	7,28	8,44	115,92	0,05	47,44	<0,0001
<b>PSA</b>	1,34	1,33	99,95	0,02	7,08	<0,0001
<b>LR</b>	23,07	7,94	34,43	7,4	52,4	<0,0001
<b>PSR</b>	0,33	0,26	78,85	0,02	1,5	0,0001
<b>NMAC1</b>	7,48	4,65	62,21	1	36	0,0008
<b>ALT1</b>	18,78	5,19	27,61	8	40	<0,0001
<b>NMAC2</b>	9,53	7,03	73,82	1	46	<0,0001
<b>ALT2</b>	21,48	10,39	48,37	2	57	<0,0001
<b>PST</b>	1,66	1,56	93,69	0,04	7,92	<0,0001

**Tabla 5.** Media de cada carácter estudiado en cada una de las 30 FMH de *Festuca arundinacea*.

FMH	PFA	PSA	LR	PSR	NMAC1	ALT1	NMAC2	ALT2	PST
1	8,37	1,52	23,87	0,29	7,71	18,81	9,71	24,57	1,82
2	7,58	1,4	23,95	0,34	6,58	21,31	8,78	26,47	1,74
3	6,81	1,23	22,19	0,31	7,18	18,37	9,22	21,27	1,54
4	6,11	1,05	23,69	0,25	5,67	17,17	7,73	20,04	1,29
5	7,32	1,36	23,85	0,32	6,51	18,28	7,98	21,7	1,68
6	6,41	1,2	21,79	0,37	6,16	18,82	7,56	21,6	1,56
7	9,62	1,83	23,76	0,38	8,56	22,26	10,47	24,5	2,21
8	5,77	1,05	22,66	0,24	4,58	21,31	6,67	23,83	1,3
9	7,39	1,31	23,99	0,32	7,69	16,47	10,11	17,28	1,62
10	7,07	1,31	25,53	0,35	6,93	20,11	8,36	22,71	1,66
11	5,14	0,9	22,84	0,26	6,05	15,67	7,64	19,7	1,16
12	5,13	1,03	22,48	0,29	8,4	15,5	10,2	17,42	1,32
13	9,26	1,58	21,18	0,38	10,27	18,04	13,31	19,52	1,96
14	6,01	1,13	21,36	0,34	6,6	18,23	8,34	21,3	1,47
15	6,57	1,32	24,2	0,33	7,62	18,6	9,09	20,39	1,65
16	6,76	1,21	21,91	0,43	8,71	19,41	10,53	21,34	1,64
17	6,92	1,25	23,61	0,29	7,18	17,31	9,04	19,75	1,53
18	6,65	1,21	24,99	0,28	7,58	17,07	8,44	18,75	1,49
19	6,06	1,14	23,66	0,28	7,44	16,68	10,78	22,63	1,42
20	5,79	1,16	25,27	0,31	6,42	20,21	9,73	21,84	1,47
21	8,29	1,44	23,99	0,35	8,22	17,05	10,02	19,6	1,79
22	8,23	1,39	25,33	0,27	7,82	19,24	9,58	22,3	1,66
23	9,49	1,73	21,5	0,41	9,87	19,28	13,02	21,52	2,13
24	8,64	1,54	23,15	0,34	9,4	18,01	12,58	18,16	1,88
25	8,59	1,47	20,81	0,37	6,02	20,56	8,2	22,31	1,84
26	8,46	1,58	23,3	0,34	7,71	17,9	9,96	19,71	1,92
27	7,52	1,41	20,94	0,32	5,8	20,19	7,48	22,32	1,74
28	8,94	1,74	21,79	0,37	9,22	19,58	11,11	21,56	2,11
29	6,5	1,25	22,46	0,29	7,56	20,58	8,71	23,97	1,54
30	6,92	1,32	22,03	0,42	8,96	20,34	11,29	22,71	1,73

## 6.2. Efecto de los tratamientos

A continuación se presentan las medias y desvíos del efecto de los tratamientos: control (C), salino 1 (S1) y salino 2 (S2) para cada FMH y por carácter estudiado (Tabla 6, Tabla 7 y Tabla 8).

**Tabla 6.** Medias y desvíos de los caracteres PFA, PSA, PSR y PST, para las 30 FMH en los diferentes tratamientos realizados (C, S1, S2).

FMH	PFA			PSA			PSR			PST		
	C	S1	S2	C	S1	S2	C	S1	S2	C	S1	S2
1	19,98±5,47	4,02±1,47	1,09±0,32	3,36±1	0,87±0,31	0,34±0,09	0,62±0,17	0,17±0,07	0,09±0,03	3,98±1,12	1,04±0,38	0,43±0,11
2	17,06±6,07	4,65±1,16	1,03±0,47	2,89±1,01	0,96±0,32	0,33±0,13	0,61±0,19	0,29±0,13	0,13±0,05	3,5±1,17	1,25±0,39	0,47±0,14
3	16,45±8,31	2,85±1,01	1,15±0,39	2,69±1,38	0,62±0,18	0,37±0,14	0,56±0,3	0,19±0,06	0,19±0,12	3,25±1,61	0,82±0,21	0,56±0,22
4	14,8±3,4	2,41±0,89	1,12±1,57	2,39±0,57	0,51±0,19	0,23±0,12	0,47±0,1	0,13±0,04	0,13±0,07	2,86±0,62	0,65±0,22	0,37±0,16
5	17,86±7,44	3,04±1,43	1,06±0,49	3±1,26	0,71±0,31	0,35±0,17	0,61±0,21	0,2±0,07	0,17±0,08	3,61±1,45	0,91±0,35	0,52±0,21
6	14,46±5,84	3,56±1,84	1,22±0,5	2,4±0,96	0,81±0,4	0,36±0,14	0,61±0,24	0,23±0,11	0,26±0,19	3,01±1,16	1,05±0,48	0,63±0,28
7	23,63±6,68	3,82±1,25	1,42±0,72	4,1±1,21	0,95±0,34	0,44±0,2	0,78±0,3	0,22±0,1	0,13±0,06	4,88±1,4	1,18±0,43	0,58±0,24
8	13,83±9,8	2,72±1,16	0,75±0,47	2,27±1,39	0,61±0,23	0,27±0,15	0,49±0,26	0,15±0,05	0,1±0,04	2,76±1,64	0,76±0,28	0,37±0,18
9	13,55±4,36	2,75±1,7	5,88±7,86	2,24±0,78	0,6±0,33	1,07±1,19	0,57±0,18	0,18±0,11	0,21±0,1	2,8±0,9	0,78±0,37	1,29±1,15
10	15,8±5,56	4,23±1,63	1,17±0,4	2,61±0,9	0,93±0,32	0,38±0,12	0,62±0,16	0,23±0,07	0,2±0,07	3,23±1,04	1,16±0,36	0,58±0,17
11	12,69±7,64	2,01±1,25	0,73±0,42	1,99±1,26	0,46±0,29	0,25±0,14	0,5±0,27	0,13±0,06	0,14±0,13	2,49±1,5	0,6±0,34	0,39±0,26
12	11,34±5,05	3,19±1,61	0,86±0,4	2,02±0,89	0,75±0,36	0,3±0,12	0,48±0,21	0,24±0,11	0,16±0,09	2,5±1,04	1±0,44	0,47±0,21
13	21,36±7,44	5,43±3,32	0,99±0,53	3,37±1,14	0,96±0,45	0,4±0,22	0,71±0,24	0,22±0,09	0,21±0,14	4,08±1,35	1,19±0,54	0,6±0,3
14	13,7±3,51	3,37±1,51	0,96±0,48	2,38±0,65	0,67±0,27	0,34±0,14	0,52±0,17	0,25±0,11	0,23±0,09	2,9±0,77	0,93±0,36	0,58±0,21
15	15,24±8,67	3,39±1,8	1,090,27	2,59±1,55	0,92±0,46	0,43±0,11	0,55±0,23	0,22±0,09	0,22±0,18	3,14±1,74	1,15±0,48	0,66±0,23
16	16,21±5,74	2,93±1,25	1,15±0,39	2,59±0,84	0,64±0,23	0,39±0,16	0,86±0,24	0,23±0,08	0,19±0,09	3,44±0,98	0,88±0,22	0,59±0,25
17	17,09±5,81	2,7±1,35	0,98±0,51	2,79±1,02	0,62±0,26	0,32±0,13	0,55±0,23	0,17±0,11	0,14±0,08	3,35±1,18	0,79±0,31	0,46±0,16
18	16,45±5,49	2,67±1,23	0,82±0,38	2,71±0,93	0,62±0,28	0,29±0,11	0,57±0,14	0,17±0,08	0,09±0,04	3,28±1,04	0,8±0,36	0,38±0,15
19	14,57±8,78	2,62±1,45	0,98±0,59	2,5±1,56	0,59±0,3	0,33±0,17	0,51±0,26	0,2±0,07	0,13±0,07	3,01±1,64	0,79±0,35	0,47±0,22
20	13,22±4,68	2,97±1,66	1,19±0,63	2,39±1,21	0,67±0,3	0,39±0,18	0,62±0,28	0,17±0,07	0,15±0,11	3,01±1,41	0,84±0,35	0,55±0,29
21	20,47±6,59	3,42±0,96	0,97±0,49	3,24±1,05	0,73±0,23	0,35±0,18	0,71±0,23	0,2±0,07	0,14±0,1	3,95±1,13	0,93±0,26	0,49±0,23
22	19,56±7,25	3,73±1,45	1,41±0,58	2,99±1,24	0,74±0,32	0,45±0,16	0,52±0,26	0,16±0,06	0,12±0,06	3,51±1,41	0,91±0,37	0,57±0,22
23	22,26±10,69	4,56±1,39	1,65±0,76	3,58±1,61	1,02±0,31	0,51±0,3	0,75±0,28	0,25±0,09	0,22±0,13	4,33±1,79	1,28±0,33	0,78±0,37
24	20,92±9,55	3,79±1,26	1,2±0,31	3,35±1,44	0,86±0,26	0,41±0,08	0,59±0,36	0,24±0,07	0,18±0,07	3,95±1,46	1,1±0,29	0,6±0,13
25	20,9±11,06	3,37±1,33	1,49±0,78	3,24±1,86	0,71±0,29	0,45±0,2	0,65±0,3	0,25±0,06	0,21±0,08	3,89±2,12	0,97±0,34	0,67±0,23
26	21,19±8,55	3,17±1,31	1,01±0,41	3,7±1,46	0,7±0,26	0,32±0,13	0,62±0,22	0,23±0,08	0,18±0,1	4,33±1,65	0,94±0,33	0,51±0,21
27	18,83±5,92	2,71±1,13	1,03±0,34	3,23±1,02	0,65±0,27	0,34±0,12	0,61±0,24	0,2±0,08	0,16±0,06	3,84±1,24	0,86±0,33	0,51±0,17
28	20,57±8,31	4,7±1,45	1,55±0,8	3,6±1,47	1,05±0,31	0,55±0,23	0,7±0,26	0,24±0,12	0,17±0,07	4,31±1,72	1,3±0,39	0,72±0,29
29	13,11±4,05	5,02±2,66	1,37±0,41	2,26±0,65	1,02±0,56	0,45±0,12	0,41±0,16	0,23±0,13	0,23±0,07	2,67±0,79	1,26±0,67	0,68±0,16
30	15,02±12,31	4,34±1,95	1,4±0,48	2,56±1,98	0,95±0,41	0,43±0,14	0,79±0,32	0,26±0,08	0,19±0,07	3,35±2,18	1,22±0,46	0,63±0,16

**Tabla 7.** Medias y desvíos de los caracteres ALT y NMAC para las 30 FMH en los diferentes tratamientos realizados (C, S1, S2) y distintos tiempos.

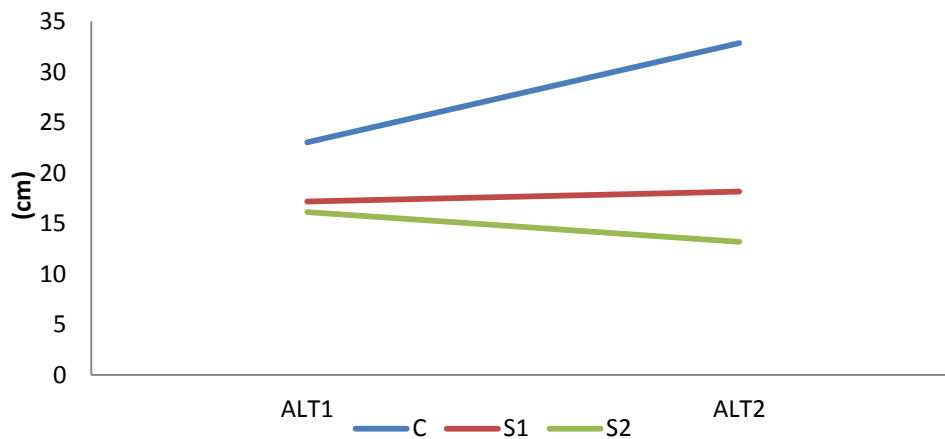
FMH	ALT						NMAC					
	C		S1		S2		C		S1		S2	
	T1	T2	T1	T2	T1	T2	T1	T2	T1	T2	T1	T2
1	23,7±5,84	35,19±8,75	19,2±3,41	23,98±4,28	16,53±2,61	14,52±3,8	13,6±4,12	18,27±5,7	5,2±1,93	6,6±2,61	4,33±1,58	4,26±1,57
2	24,5±4	37,33±5,46	21,43±3,91	25,31±3,9	18±2,52	16,75±3,08	10,13±2,27	14,2±4,11	5,8±1,65	8,06±2,63	3,8±1,52	4,06±1,16
3	21,3±5,17	31,94±6,96	16,33±3,29	17,68±4,99	17,46±4,9	14,18±3,46	10,8±4,23	15,8±6,45	5,5±2,13	6,8±3	5,2±1,82	5,06±2,25
4	22,67±4,89	31,65±8,21	15,2±2,46	14,53±2,83	13,63±3,2	13,5±3,04	9,27±2,99	14,2±5	4,46±1,45	5,26±1,57	3,26±1,09	3,42±1,22
5	22,2±4,57	34,63±5,42	16,86±3,78	17,26±4,15	15,76±2,43	13,22±4,29	10,73±3,17	14,2±4,49	4,8±2,17	5,8±2,83	4±2,2	3,93±2,31
6	21,83±4,28	32,1±5,85	17,3±3,94	17,74±5,85	17,33±3,51	14,94±2,75	9,4±3,4	12,33±4,81	5,33±2,46	6,2±2,51	3,73±1,98	4,13±1,8
7	28,93±3,62	39,82±5,14	19,4±3,07	19,94±6,71	18,44±2,7	13,75±3,63	13,4±3,66	18,6±6,68	7,33±2,79	8,06±2,63	4,93±1,57	4,73±1,53
8	25,1±4,79	34,94±5,32	21,16±5,17	22,32±7,08	17,66±3,16	14,23±4,9	7,27±5,3	12,67±11,03	4±1,25	4,53±1,4	2,46±1,55	14,23±1,52
9	18,53±4,12	28,18±5,73	16,23±2,74	15,69±1,92	14,63±3,17	7,97±4,21	12,47±4,24	17,87±4,98	5,93±2,49	7,53±3,66	4,66±1,63	4,57±1,45
10	24,77±4	33,31±5	20,06±4,61	21,51±4,95	15,5±3,64	13,31±3,85	10,07±3,9	13,27±5,26	6,2±1,74	6,93±2,05	4,53±1,95	4,86±1,92
11	20,27±2,97	29,79±5,81	13,9±2,78	16,71±4,23	12,42±1,73	10,58±3,56	9,6±4,79	13,33±7,22	4,33±2,09	4,8±2,48	4,07±1,85	4,08±2,39
12	18,33±3,19	25,83±4,12	14,06±3,41	14,86±4,27	14,1±2,86	11,14±2,81	12,53±5,13	16,73±6,4	7,6±3,79	9,06±4,89	5,06±1,38	4,8±1,52
13	23,83±5,12	29,5±6,55	16,23±3,01	17,93±7,2	14,06±1,97	11,13±3,45	17,13±9,21	24,73±11,85	7,93±2,12	9,66±3,3	5,73±2,15	5,53±2,38
14	23,2±3,6	31,77±6,04	15,83±2,88	19,96±5,94	15,66±3,12	11,32±4,97	10,53±3,95	13,8±4,66	4,8±1,26	6,33±2,12	4,46±1,59	4,64±1,54
15	22,97±3,64	32,37±6,05	17,86±2,03	17,8±3,44	14,96±2,28	10,33±5,86	9,93±3,47	15,13±7,88	6,8±2,85	6,93±2,78	6,13±1,84	5,2±1,26
16	23,57±4,88	34,83±9,22	16,8±2,85	18,76±4,59	17,86±4,59	10,43±4,97	14±5,24	19,07±6,05	5,6±2,41	6±2,53	6,53±2,58	6,53±3,2
17	20,3±3,9	29,2±4,04	15,93±3,32	17,73±5,42	15,7±2,43	11,78±4,11	12,33±5,74	17±8,29	5,06±2,49	6±2,75	4,13±1,12	4,131,5
18	23±5,75	31,97±8,15	14,3±4,8	14,53±4,12	13,9±1,78	9,1±4,15	11,47±4,44	15,07±5,61	5,86±2,23	6,2±2,75	5,4±1,76	4,06±2,05
19	21,1±4,57	32,7±5,59	14,76±2,85	15,21±4,47	14,16±2,49	19,25±13,46	11,73±4,5	15,6±6,57	5,66±2,41	5,93±2,40	4,93±2,12	10,8±9,81
20	24,23±6,26	36,63±10,53	19,2±3,11	16,2±7,19	17,2±3,52	21,7±9,03	8,73±2,99	13,27±4,28	5,66±2,19	5,2±1,85	4,86±2,03	10,73±7,31
21	21,54±4,79	33,27±6,9	14,26±2,17	15,56±3,17	15,33±1,44	9,96±3,51	13,73±5,18	19,2±6,98	6±2,72	6,4±3,08	4,93±1,9	4,46±2,06
22	23,43±4,54	32,93±6,38	16,8±3,28	18,43±3,98	17,5±3,98	15,53±3,79	12,8±4,33	17,2±6,47	6,06±2,21	7±2,43	4,6±1,63	4,46±1,55
23	22,33±4,72	31,33±7,66	18,23±3,91	19,1±5,98	17,26±3,83	14,1±6,23	16,2±6	22,73±8,66	7,26±2,6	9,6±3,31	6,13±2,89	6,73±3,01
24	20,1±6,22	28,57±5,74	16,53±2,48	13,6±2,99	17,4±3,24	12,3±4,38	15,13±6,22	21,93±7,79	8,26±2,08	10,6±3,33	4,8±1,65	5,2±2,24
25	26,13±4,85	35±7,37	17,86±3,94	18,73±5,3	17,66±2,41	13,2±4,41	9,27±5,16	14,53±8,5	4,53±1,72	5,93±2,21	4,26±2,01	4,13±1,72
26	25,27±5,71	33,17±8,2	14,73±2,45	15,2±3,58	13,7±2,41	10,76±3,08	13±5,49	17,87±8,25	5,66±2,49	7,53±3,5	4,46±1,95	4,46±2,03
27	25,3±6,61	36,63±9,28	18,06±3,09	16,93±3,33	17,2±3,13	13,4±4,06	9,67±2,79	13,13±4,36	4,2±1,47	5,71±1,48	3,53±0,99	3,56±0,99
28	24,2±5,01	34,7±6,65	17,53±3,22	17,76±4,91	17±3,05	12,2±4,68	13,73±3,28	18±4,74	8,06±1,9	9,53±2,26	5,86±2,58	5,8±2,88
29	23,93±5,75	33,43±8,37	19,96±4,26	23,23±4,74	17,83±2,48	14,6±3,07	10,33±2,58	12,87±4,09	6,86±3,52	7,73±4,26	5,46±2,53	5,53±2,3
30	24,53±5,67	32,4±7,03	18,56±3,48	20,06±4,94	17,93±2,41	15,13±4,22	14,13±6,46	19,47±9,83	7,06±2,63	8,26±2,91	5,66±2,38	6,13±2,5

**Tabla 8.** Medias y desvíos del carácter LR para las 30 FMH en los diferentes tratamientos realizados (C, S1, S2).

FMH	LR		
	C	S1	S2
1	35,35±4,67	19,76±1,97	16,51±2,29
2	33,79±6,73	22,79±3,95	15,27±2,04
3	30,17±7,13	21,13±4,4	15,26±2,62
4	34,41±6,46	19,47±3,92	17,18±2,8
5	34,65±9,77	18,85±2,84	18,06±3,33
6	28,89±7,88	18,17±2,78	18,31±3,37
7	32,15±6,35	19,67±2,7	19,45±4,15
8	30,43±8,76	22±4,3	21,61±2,36
9	34,23±6,18	20,56±3,54	17,17±3,79
10	32,96±7,7	22,01±4,67	21,61±4,83
11	33,04±8,06	19,45±4,06	16,02±4,32
12	28,09±4,08	22,28±3,98	17,06±3,5
13	25,04±3,36	20,29±4,61	17,99±5,84
14	25,95±7,29	21,93±4,76	16,19±3,26
15	31,2±8,04	20,32±2,28	21,07±3,77
16	26,96±5,97	19,83±4,4	18,93±4,23
17	29,19±6,6	22,78±5,03	18,87±4,85
18	37,47±7,7	20,39±2,53	17,12±2,55
19	33,78±7,01	20,01±3,32	17,17±4,94
20	34,89±8,02	20,87±3,54	20,06±7,11
21	31,28±4,96	22,06±3,77	18,64±4,74
22	34,38±8,29	21,68±2,86	19,92±3,56
23	28,14±5,03	18,66±2,59	17,44±3,72
24	31,35±5,82	21,83±6,09	16,25±2,18
25	27,27±7,23	18,49±3,45	16,66±3,9
26	33,08±6,38	20,73±5,43	16,08±2,97
27	27,65±5,53	18,81±9,19	16,37±4,28
28	27,51±6	20,57±3,99	17,31±4,74
29	27,9±6,33	20,72±4	18,76±4,5
30	28,13±8,84	21,36±6,65	16,6±3,4

### 6.2.1. Altura

La figura 5 muestra la evolución de la altura en el tiempo para los diferentes tratamientos. El crecimiento fue mayor en el control, se mantuvo y creció muy poco en el tratamiento S1, y fue negativo en el tratamiento S2.

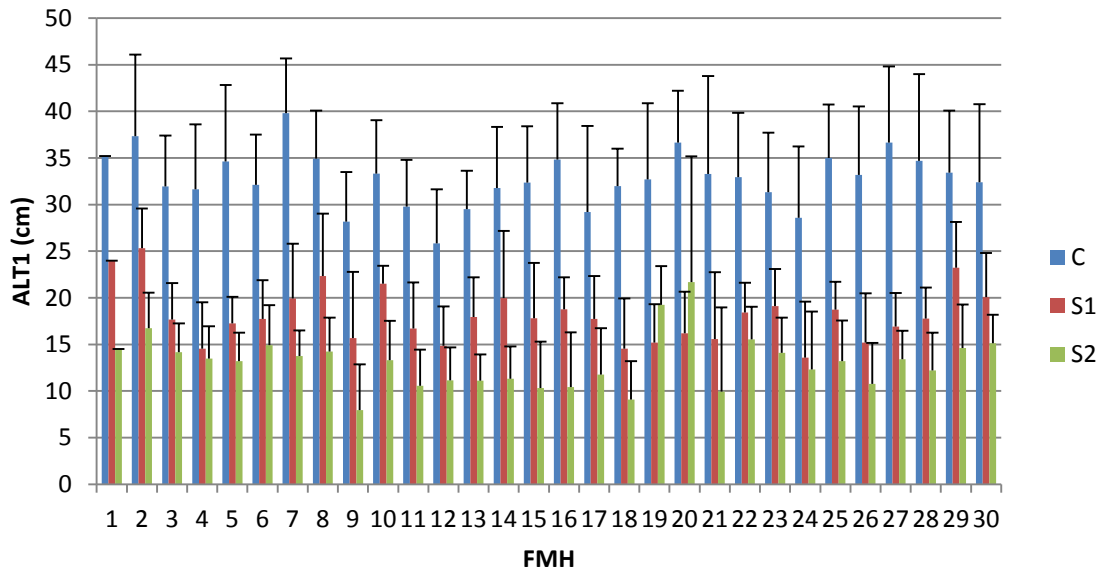


**Figura 5.** Evolución de la ALT (cm) promedio en el tiempo para los distintos tratamientos evaluados.

En las figuras 6 y 7 se muestra el comportamiento promedio de cada FMH para la ALT en los distintos tratamientos y durante los dos momentos que fueron evaluados.

### Altura tiempo 1

La media por planta fue de 18,8 considerando todas las familias, con un rango de 8 a 40 (Tabla 5). La FMH 7 logró la mayor ALT1 promedio. Mientras que la FMH 12 tuvo el menor valor (Tabla 4). Se detectaron diferencias significativas ( $p \leq 0,05$ ) para la interacción familia por tratamiento (Tabla 5). Para el tratamiento control la FMH 7 logró la mayor ALT1, mientras que la FMH 12 tuvo el valor mínimo. La FMH 2 tuvo la mayor ALT1 promedio con el tratamiento S1, mientras la menor fue la FMH 24. Con el tratamiento S2 la FMH 20 obtuvo la mayor ALT1 promedio, y la mínima fue la de la FMH 9 (Figura 6).

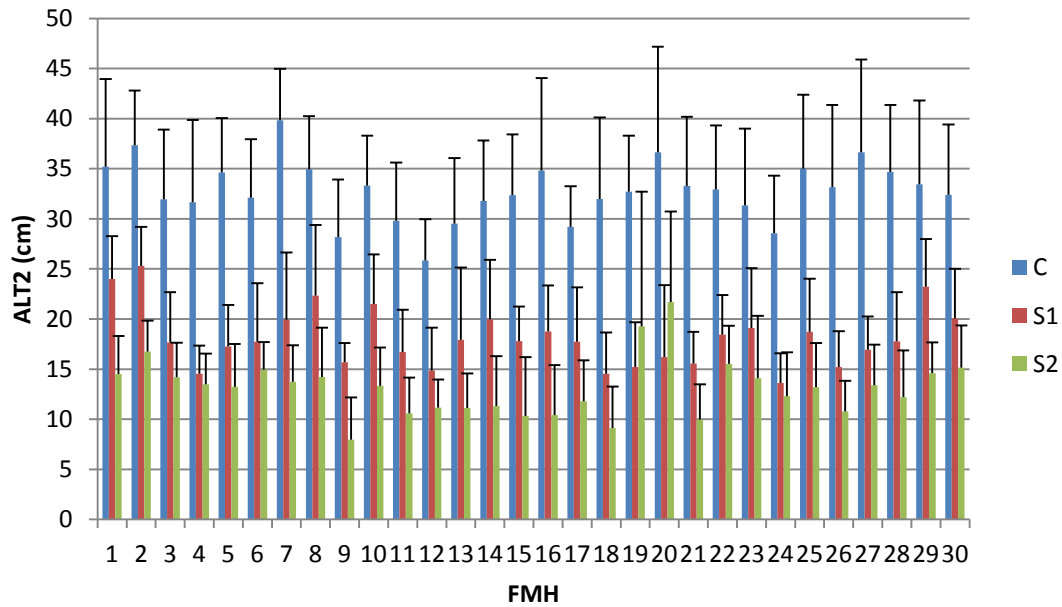


**Figura 6.** Comportamiento promedio y desvío estándar de cada FMH para ALT1 (cm) en los distintos tratamientos.

## Altura tiempo 2

La media por planta fue 21,5 considerando todas las familias, con un rango de 2 a 57 (Tabla 5). La FMH 2 logró la mayor ALT2 promedio a través de los tratamientos. Mientras que la FMH 9 tuvo el mínimo valor (Tabla 4). Se detectaron diferencias significativas ( $p \leq 0,05$ ) para la interacción familia por tratamiento (Tabla 5). En el tratamiento control la FMH 7 logró la mayor ALT 2, mientras que la FMH 12 tuvo el menor valor. En el tratamiento S1 la FMH 2 tuvo la mayor ALT2 promedio, y la mínima la FMH 24. En el tratamiento S2 el máximo valor de altura fue para la familia 20 y el mínimo para la 9 (Figura 7).

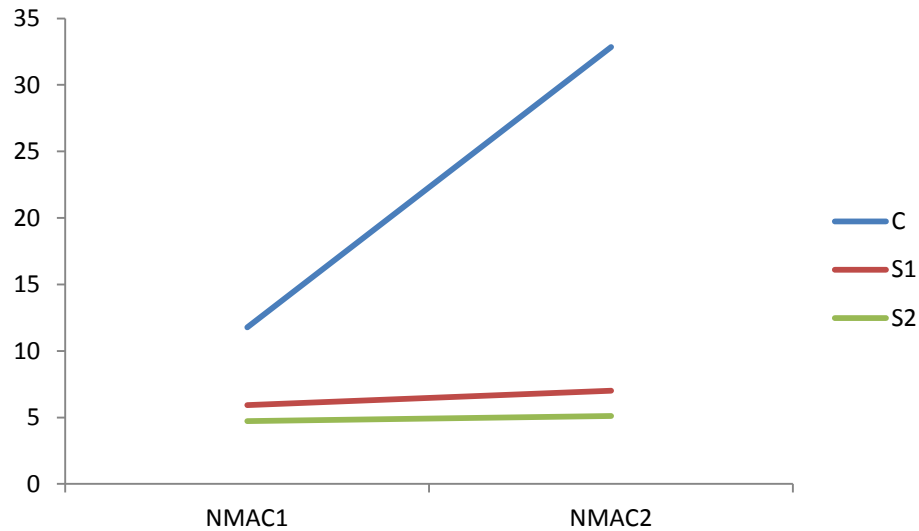




**Figura 7.** Comportamiento promedio y desvío estándar de cada FMH para ALT2 (cm) en los distintos tratamientos.

### 6.2.2. Número de macollos

La Figura 8 representa la evolución del número de macollos en el tiempo para los diferentes tratamientos. El número de macollos fue mayor en control, y más bajo para los tratamientos S1 y S2. A su vez se observó una diferencia entre estos, siendo más alto en el tratamiento de menor concentración salina (S1).

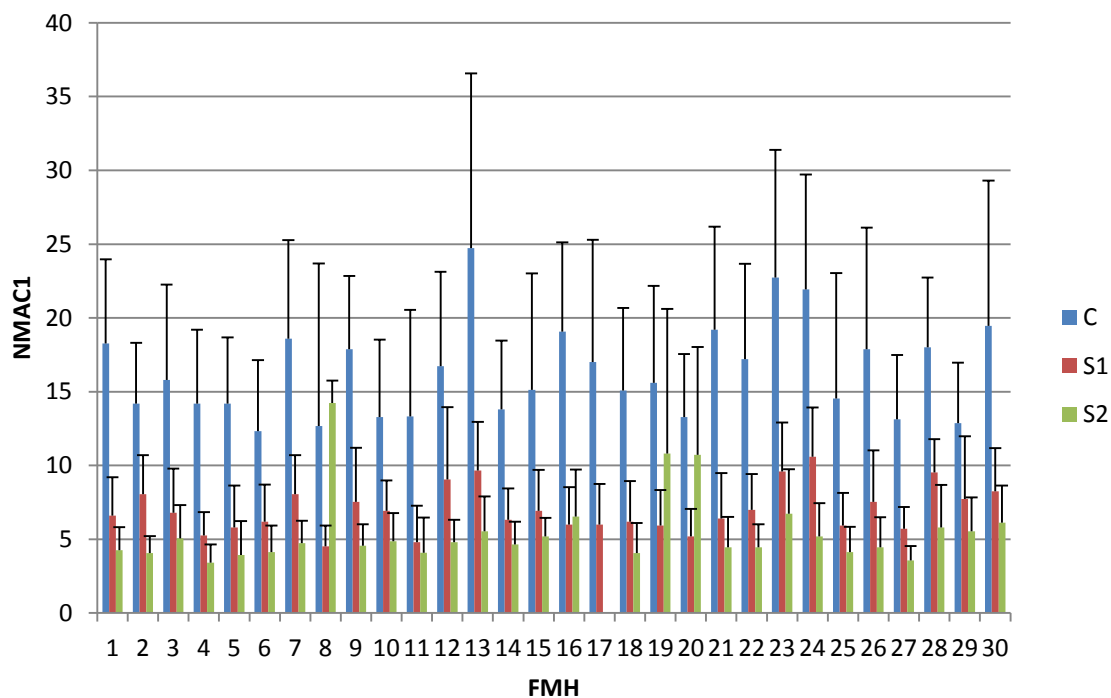


**Figura 8.** Evolución de NMAC promedio en el tiempo para los distintos tratamientos evaluados.

En las figuras 9 y 10 se muestra el comportamiento promedio de cada FMH para NMAC en los distintos tratamientos y durante los dos momentos que fueron evaluados.

### Número de macollos vegetativos tiempo 1

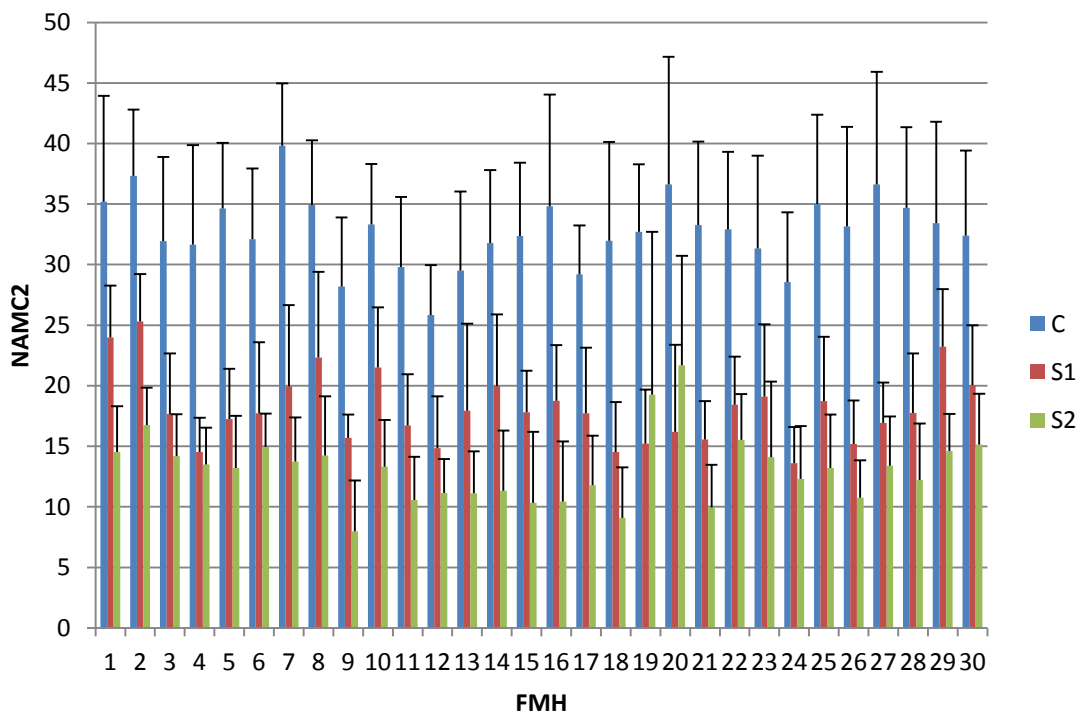
La media por planta fue 7,5 considerando todas las familias, con un rango de 1 a 36 (Tabla 5). La FMH 13 logró el mayor NMAC1 promedio a través de los tratamientos. Mientras que la FMH 8 obtuvo el mínimo valor (Tabla 4). Se detectaron diferencias significativas ( $p \leq 0,05$ ) para la interacción familia por tratamiento (Tabla 5). En el tratamiento control La FMH 13 logró el mayor NAMC 1, mientras que la FMH 8 tuvo el menor valor. EnS1 la FMH 24 tuvo el máximo NMAC 1 promedio, mientras la FMH 11 el valor mínimo. En S2 el NAMC1 fue mayor para la familia 8 y menor para la familia 4 (Figura 9).



**Figura 9.** Comportamiento promedio y desvío estándar de cada FMH para NMAC1 en los distintos tratamientos.

### Número de macollos vegetativos tiempo 2

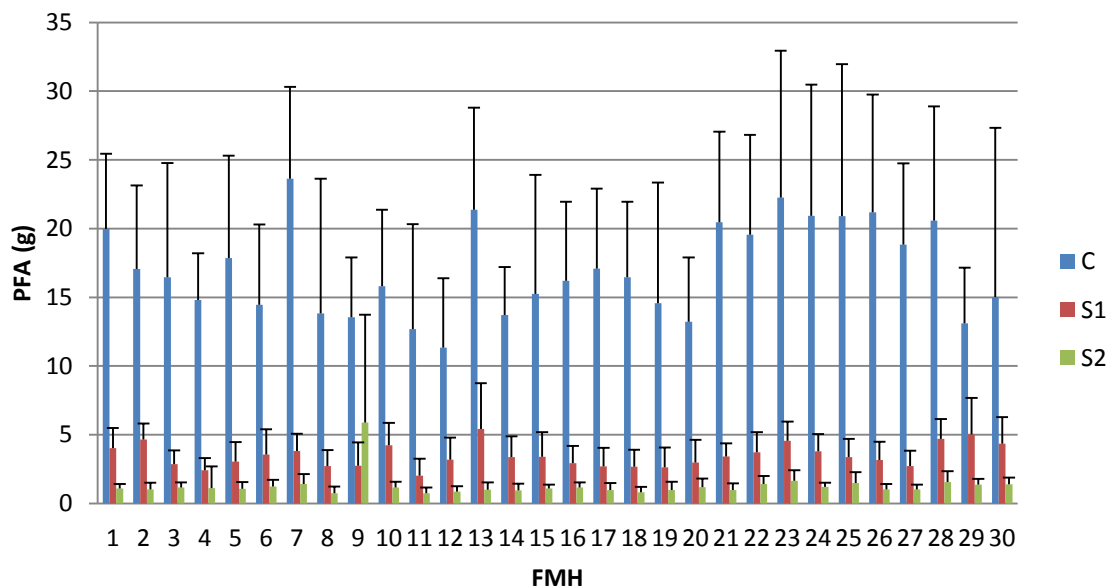
La media por planta fue de 9,5 considerando todas las familias, con un rango de 1 a 46 (Tabla 5). La FMH 13 logró el mayor NMAC 2 promedio a través de los tratamientos, mientras que la FMH 8 tuvo el menor (Tabla 4). Se detectaron diferencias significativas ( $p \leq 0,05$ ) para la interacción familia por tratamiento (Tabla 5). En el tratamiento control la FMH 7 logró el mayor NMAC2 y la FMH 12 el mínimo. En S1 NAMC2 fue máximo para la familia 2 y mínimo para la FMH 24. En S2 la FMH 20 obtuvo el mayor valor, y la FMH 9 obtuvo el menor NMAC2 promedio (Figura 10).



**Figura 10.** Comportamiento promedio y desvío estándar de cada FMH para NAMC2 en los distintos tratamientos.

### 6.2.3. Peso fresco aéreo

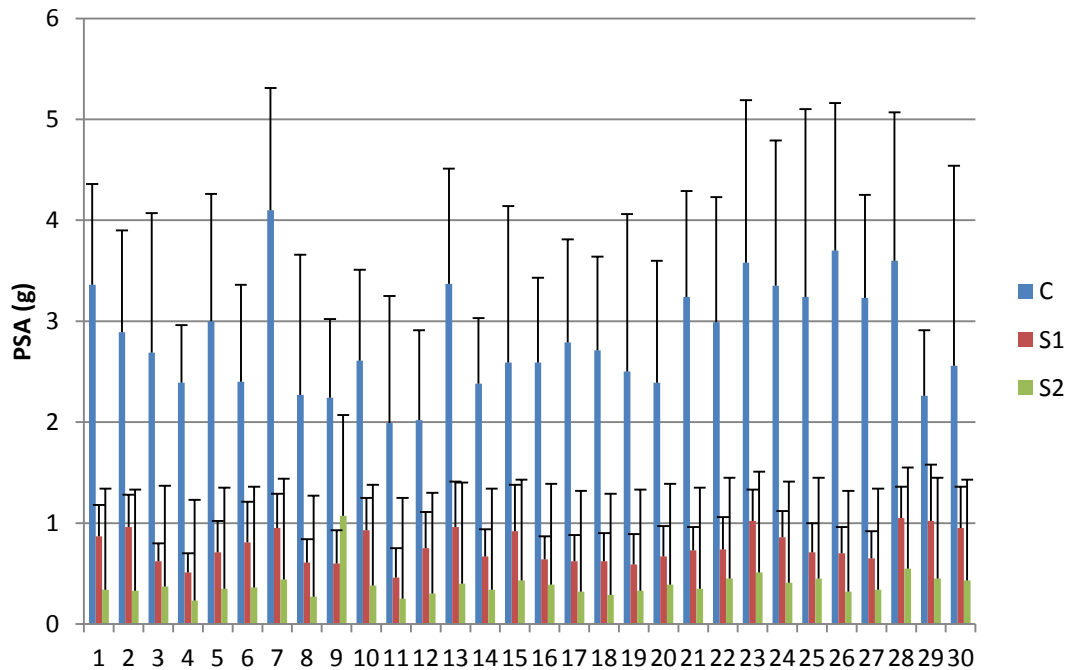
En la figura 12 se presentan los valores promedio de PFA de cada FMH, para los tratamientos control, S1 y S2. La media del PFA fue de 7,3 considerando todas las familias, con un rango de 0,05 a 47,44 (Tabla 5). La FMH 7 logró el mayor PFA promedio considerando todos los tratamientos. Mientras que la FMH 12 tuvo el menor valor (Tabla 4). Se detectaron diferencias significativas ( $p \leq 0,05$ ) para la interacción familia por tratamiento (Tabla 5). En el tratamiento control el mayor PFA fue para la FMH 7, mientras que la FMH 12 tuvo el menor valor de PFA. En S1 la FMH 13 fue la familia de mayor PFA, mientras la FMH 11 tuvo el mínimo valor. En S2 la FMH 9 obtuvo el mayor peso fresco, y la FMH 8 el menor (Figura 12).



**Figura 12.** Comportamiento promedio y desvío estándar de cada FMH para PFA (g) en los distintos tratamientos.

#### 6.2.4. Peso seco aéreo

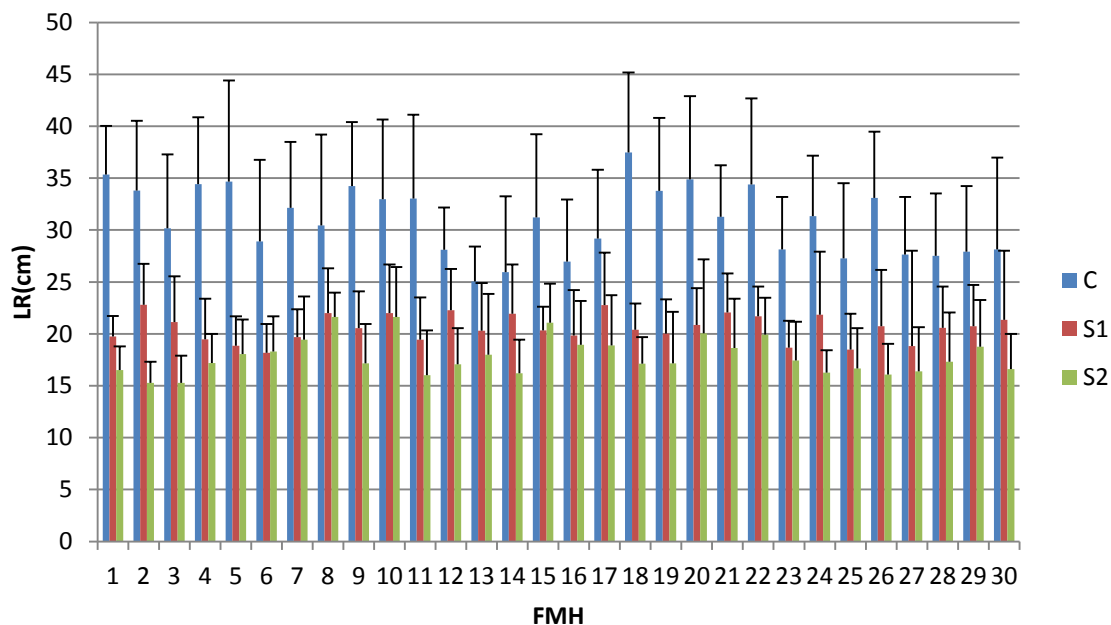
En la figura 11 se observan los valores de PSA promedio y los correspondientes desvíos de cada familia, para el control y los tratamientos S1 y S2. La media del PSA fue de 1,3 considerando todas las familias, con un rango de 0,02 a 7,08 (Tabla 5). La FMH 7 logró el mayor PSA promedio considerando los tres tratamientos, mientras que la FMH 11 tuvo el menor (Tabla 4). Se detectaron diferencias significativas ( $p \leq 0,05$ ) para la interacción familia por tratamiento (Tabla 5). En el tratamiento control la FMH 7 logró el mayor valor de PSA, mientras que el menor lo tuvo la FMH 11. En S1 la FMH 28 tuvo el máximo PSA promedio, mientras la FMH 11 obtuvo el valor mínimo. En S2, el mayor PSA promedio fue para la FMH 9, y el menor para la FMH 11 (Figura 11).



**Figura 11.** Comportamiento promedio y desvío estándar de cada FMH para PSA (g) en los distintos tratamientos.

### 6.2.5. Largo de raíz

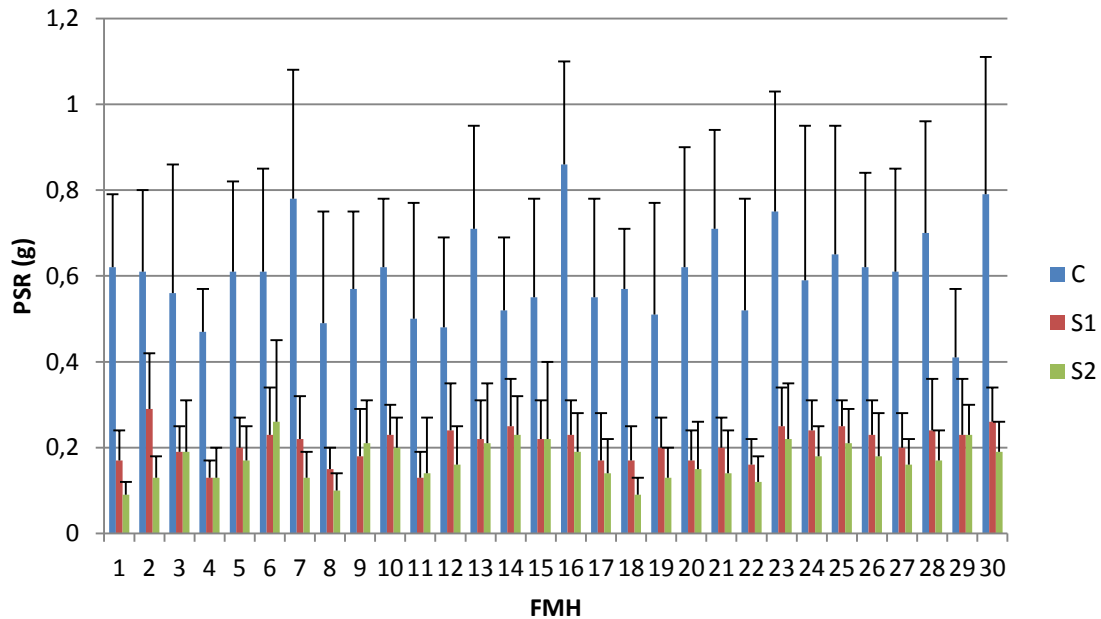
En la figura 13 se presentan los valores promedio de LR de cada FMH, para los tratamientos control, S1 y S2. La media de LR fue de 23,1 considerando todas las familias, con un rango de 7,4 a 52,4 (Tabla 5). La FMH 10 obtuvo el mayor LR promedio considerando todos los tratamientos. Mientras que la FMH 25 tuvo el valor mínimo (Tabla 4). Se detectaron diferencias significativas ( $p \leq 0,05$ ) para la interacción familia por tratamiento (Tabla 5). En el tratamiento control la FMH 18 logró el mayor LR promedio, y el menor la FMH 13. En el tratamiento S1 el máximo valor de LR fue para la FMH 2, mientras el mínimo fue para FMH 6. En el tratamiento S2 las FMH 8 y 10 obtuvieron el mayor LR promedio, y la FMH 3 obtuvo el menor (Figura 13).



**Figura 13.** Comportamiento promedio y desvío estándar de cada FMH para LR (cm) en los distintos tratamientos.

### 6.2.6. Peso seco de raíz

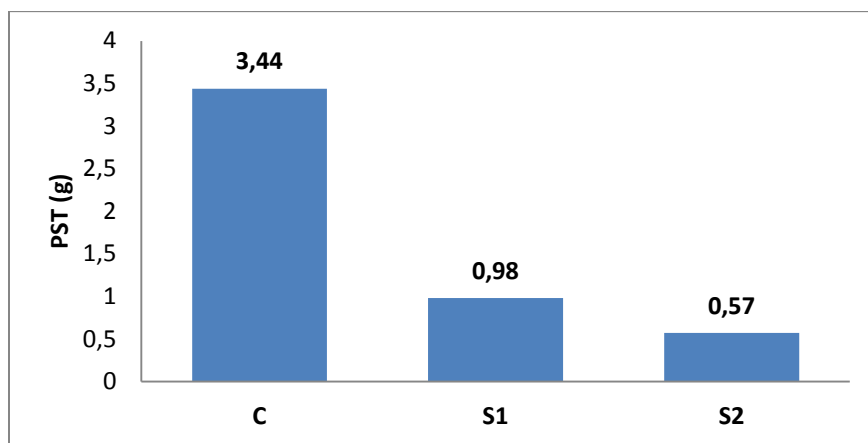
En la figura 14 se presentan los valores promedio de PSR de cada FMH, para los tratamientos control, S1 y S2. La media del peso seco de raíz fue de 0,3 considerando todas las familias, con un rango de 0,02 a 1,5 (Tabla 5). La FMH 16 logró el mayor PSR promedio general. Mientras que la FMH 8 tuvo el menor valor de PSR promedio (Tabla 4). Se detectaron diferencias significativas ( $p \leq 0,05$ ) para la interacción familia por tratamiento (Tabla 5). En el tratamiento control la FMH 16 logró el mayor PSR promedio, y fue mínimo para la FMH 29. En el tratamiento S1 la FMH 2 tuvo el mayor PSR promedio, mientras las FMH 4 y 11 obtuvieron el menor valor para ese carácter. En el tratamiento S2 la FMH 6 obtuvo el mayor PSR, y la FMH 18 obtuvo el mínimo (Figura 14).



**Figura 14.** Comportamiento promedio y desvío estándar de cada FMH para PSR (g) en los distintos tratamientos.

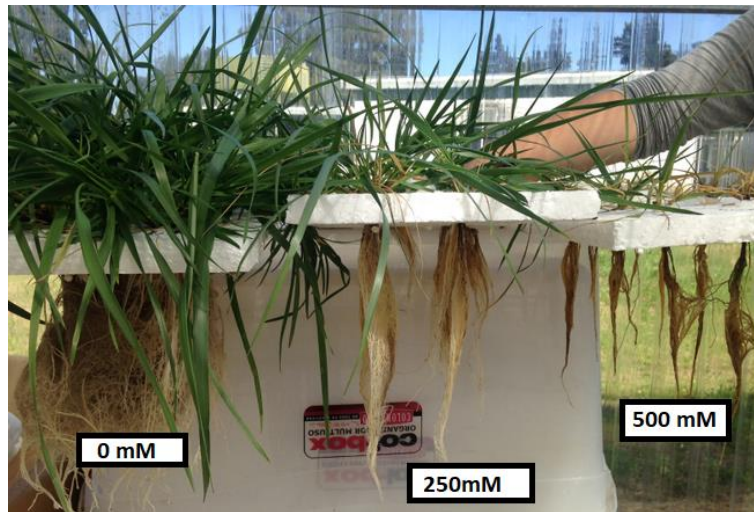
### 6.2.7. Peso seco total

En la figura 15 se presentan los promedios del PST de todas las familias para los tratamientos C, S1 y S2. Se observa que a medida que la salinidad aumenta, hay una evidente disminución en el PST.



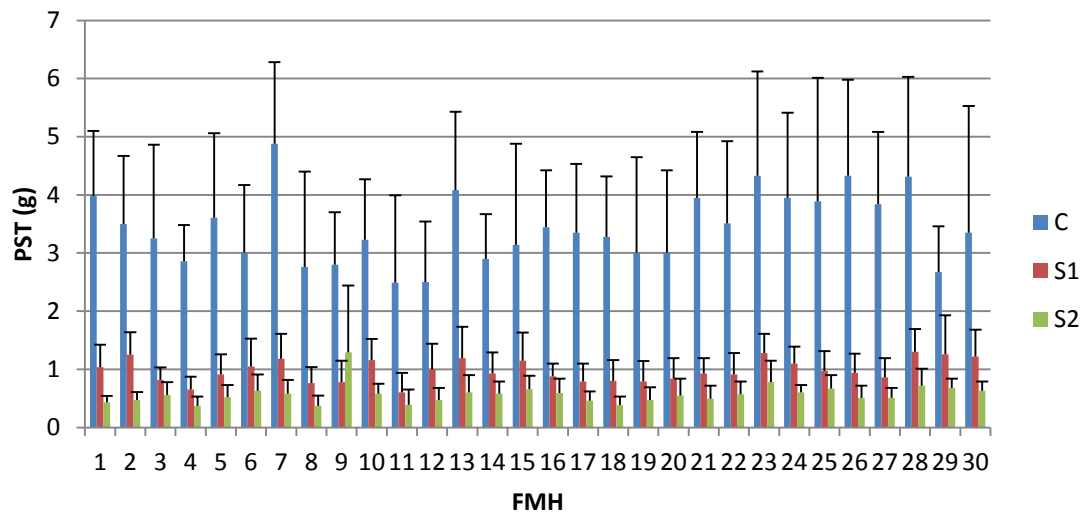
**Figura 15.** Promedio de PST (g) para los diferentes tratamientos (C, S1, S2).





**Figura 16.** Efecto de los tratamientos salinos.

En la figura 17 se observan los promedios de PST de cada FMH para los tratamientos C, S1 Y S2. PST surge de la suma del peso seco de la parte aérea (PSA) y el peso seco radicular (PSR). La media del PST fue de 1,7 considerando todas las familias, con un rango de 0,04 a 7,92 (Tabla 5). La FMH 7 logró el mayor PST promedio considerando todos los tratamientos. Mientras que la FMH 11 tuvo el menor valor para el promedio de este carácter (Tabla 4). Se detectaron diferencias significativas ( $p \leq 0,05$ ) para la interacción familia por tratamiento (Tabla 5). En el tratamiento control la FMH 7 logró el mayor PST, mientras que la FMH 12 tuvo menor valor. En el tratamiento S1 el PST fue máximo para la FMH 28, mientras la FMH 11 obtuvo el valor mínimo. En el tratamiento S2 la FMH 9 obtuvo el mayor PST promedio, y la FMH 8 obtuvo el menor valor de PST (Figura 17).



**Figura 17.** Comportamiento promedio y desvío estándar de cada FMH para PST (g) en los distintos tratamientos.

### 6.3. Índice de tolerancia

Se calcularon los índices de tolerancia para todas los caracteres, promediando los valores de los tratamientos S1 y S2. En la Tabla 9 se muestran las medias de cada índice para las 30 FMH, y la media del IT de cada caracter.

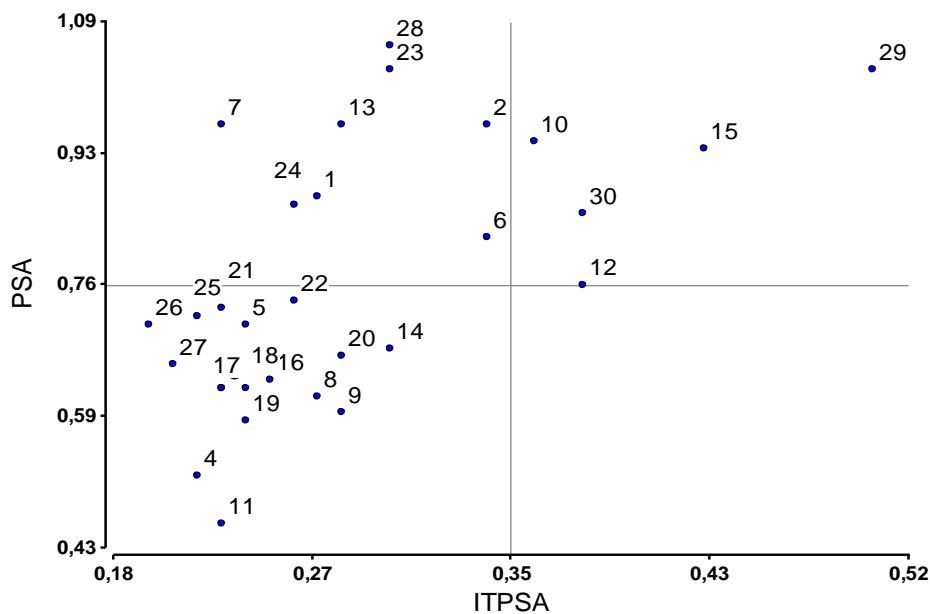
**Tabla 9.** Valores de medias para cada índice calculado y media por caracter para las 30 FMH de *Festuca arundinacea* creciendo en S1 y S2.

FMH	ITPSA	ITPFA	ITLR	ITPSR	ITPST	ITNMAC1	ITALT1	ITNMAC2	ITALT2
1	0,19	0,13	0,52	0,21	0,19	0,35	0,79	0,3	0,57
2	0,23	0,17	0,56	0,35	0,25	0,47	0,81	0,43	0,56
3	0,18	0,12	0,6	0,33	0,21	0,5	0,8	0,38	0,5
4	0,16	0,12	0,54	0,28	0,18	0,43	0,64	0,31	0,44
5	0,18	0,11	0,55	0,3	0,2	0,41	0,74	0,34	0,44
6	0,25	0,17	0,65	0,41	0,28	0,48	0,79	0,43	0,51
7	0,17	0,11	0,62	0,23	0,18	0,47	0,66	0,35	0,42
8	0,2	0,13	0,66	0,26	0,21	0,45	0,77	0,3	0,52
9	0,42	0,35	0,55	0,34	0,39	0,43	0,85	0,33	0,4
10	0,25	0,17	0,67	0,35	0,27	0,54	0,72	0,46	0,53
11	0,18	0,11	0,56	0,26	0,19	0,42	0,62	0,3	0,4
12	0,27	0,18	0,7	0,41	0,3	0,5	0,77	0,42	0,49
13	0,2	0,15	0,74	0,29	0,22	0,41	0,64	0,31	0,5
14	0,22	0,16	0,77	0,47	0,27	0,46	0,68	0,4	0,43
15	0,32	0,17	0,67	0,43	0,34	0,68	0,72	0,47	0,42
16	0,2	0,13	0,73	0,25	0,21	0,43	0,74	0,33	0,44
17	0,17	0,11	0,73	0,27	0,19	0,4	0,78	0,31	0,5
18	0,18	0,11	0,51	0,23	0,18	0,51	0,61	0,36	0,36
19	0,19	0,12	0,56	0,33	0,21	0,45	0,7	0,53	0,53
20	0,23	0,16	0,59	0,26	0,24	0,61	0,76	0,59	0,53
21	0,17	0,11	0,65	0,23	0,18	0,4	0,69	0,29	0,39
22	0,21	0,14	0,62	0,27	0,22	0,42	0,74	0,34	0,52
23	0,23	0,14	0,63	0,31	0,24	0,44	0,8	0,38	0,53
24	0,19	0,12	0,61	0,37	0,22	0,46	0,85	0,37	0,45
25	0,18	0,12	0,65	0,39	0,22	0,47	0,68	0,35	0,45
26	0,15	0,1	0,57	0,33	0,17	0,43	0,57	0,34	0,4
27	0,16	0,11	0,65	0,32	0,19	0,42	0,73	0,35	0,44
28	0,23	0,15	0,69	0,3	0,24	0,51	0,72	0,43	0,43
29	0,35	0,26	0,72	0,59	0,39	0,6	0,81	0,51	0,57
30	0,84	0,97	0,71	0,29	0,42	0,46	0,75	0,37	0,55
<b>MEDIA GENERAL</b>	0,24	0,17	0,63	0,32	0,24	0,47	0,73	0,38	0,47

### 6.3.1. Relación entre productividad y tolerancia a la salinidad

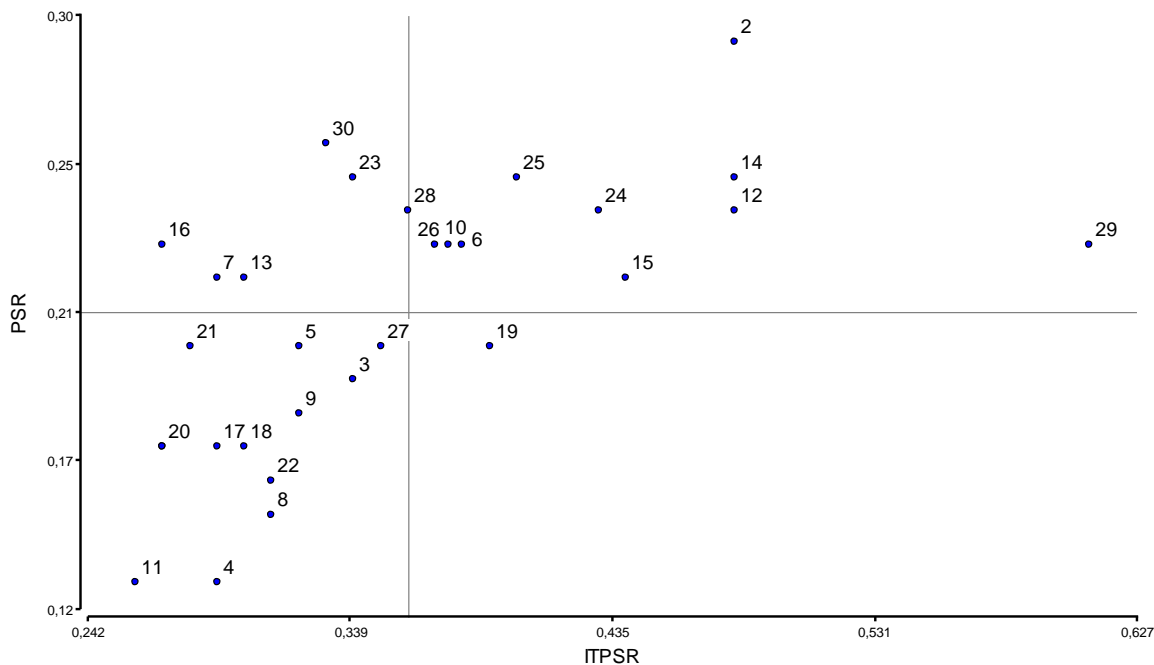
Se realizaron tres gráficos de dispersión con el fin de observar las familias que lograron buen comportamiento productivo y a su vez elevada tolerancia a la salinidad, considerando el peso seco total, el peso seco aéreo, y el peso seco de raíz, obtenido en el tratamiento S1. En el eje de las ordenadas se representa el promedio de PS considerado y en el de las abscisas el promedio del índice de tolerancia correspondiente.

En el caso del índice para peso seco aéreo (PSA) (Figura 18), las líneas de corte en el eje x e y representan las medias del ITPSA y PSA, respectivamente, y permiten identificar las FMH que se destacan por su alta productividad y alta tolerancia (29, 15, 10, 30, 12); las FMH de baja productividad y baja tolerancia (26, 25, 21, 5, 22, 27, 17, 18, 16, 20, 14, 8, 9, 19, 4, 11), y las FMH de alta productividad y baja tolerancia (28, 23, 2, 13, 7, 24, 1, 6).



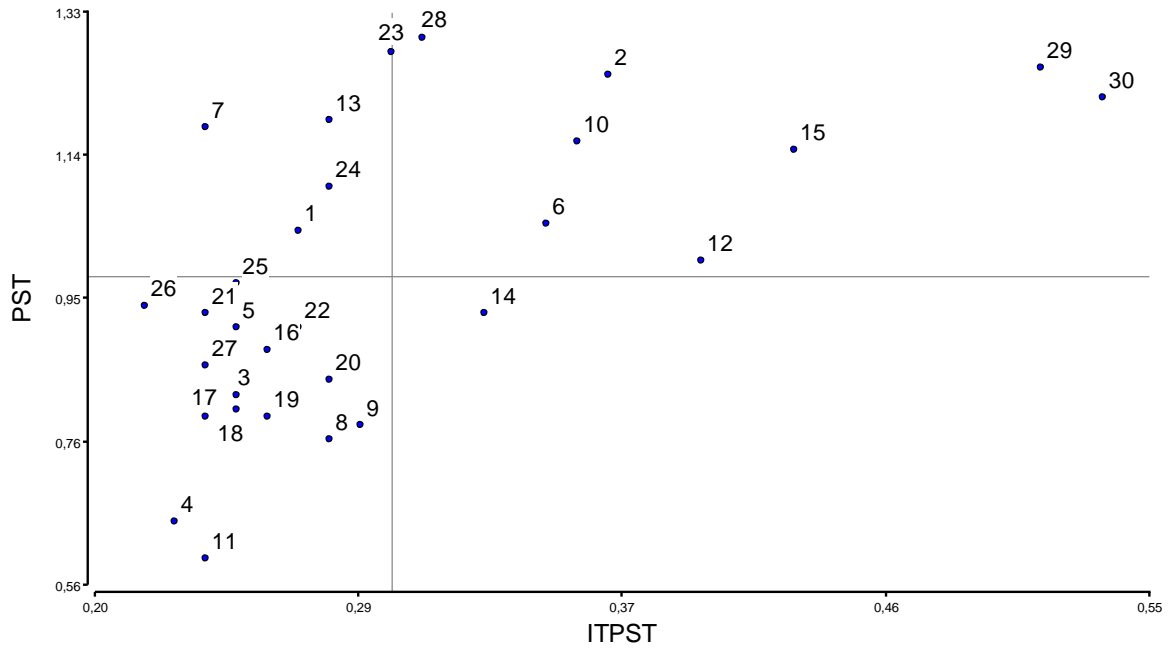
**Figura 18.** Productividad y tolerancia de las FMH en base al peso seco aéreo.

En el caso del índice para peso seco de raíz (PSR) (Figura 19), las líneas de corte en el eje x e y representan las medias del ITPSR y PSR, respectivamente, y permiten identificar las FMH que se destacan por su alta productividad y alta tolerancia (29, 2, 14, 12, 25, 24, 15, 26, 6, 10, 28); las FMH de baja productividad y baja tolerancia (11, 4, 8, 22, 18, 17, 20, 9, 3, 5, 27, 21), y las FMH de alta productividad y baja tolerancia (30, 23, 16, 7, 13).



**Figura 19.** Productividad y tolerancia de las FMH en base al peso seco de raíz.

En el caso del índice para peso seco total (ITPST) (Fig. 20), las líneas de corte en el eje x e y representan las medias del ITPST y PST, respectivamente, y permiten identificar las FMH que se destacan por su alta productividad y alta tolerancia (29, 15, 10, 30, 12, 6, 2, 23, 28); las FMH de baja productividad y baja tolerancia (4, 11, 17, 18, 3, 19, 20, 27, 16, 22, 8, 9, 26, 21, 5, 25), y las FMH de alta productividad y baja tolerancia (7, 13, 24, 1).



**Figura 20.** Productividad y tolerancia de las FMH en base al peso seco total

#### 6.4. Estimación de parámetros genéticos

En la tabla 10 se detallan los componentes de la variancia (variancia genética familiar, variancia ambiental y variancia fenotípica) y los valores estimados de heredabilidades en sentido estricto ( $h^2$ ) para cada una de los caracteres estudiados y para cada tratamiento.

**Tabla 10.** Componentes de la variancia: variancia familiar ( $\sigma^2_{FMH}$ ), variancia ambiental ( $\sigma^2_E$ ) variancia fenotípica ( $\sigma^2_{PMF}$ ), y heredabilidad en sentido estricto ( $h^2$ ) para cada carácter en los tratamientos salinos.

Caracter	V familiar( $\sigma^2_{FMH}$ )			V ambiental ( $\sigma^2_E$ )			V fenotípica ( $\sigma^2_{PMF}$ )			$h^2$		
	C	S1	S2	C	S1	S2	C	S1	S2	C	S1	S2
<b>NMAC</b>	34,92	9,1	12,84	46,59	7,99	8,51	50,45	11,76	15,68	0,69	0,77	0,81
<b>ALT</b>	27,07	35,41	32,15	42,32	21,25	23,93	41,18	42,49	40,13	0,66	0,83	0,8
<b>PFA</b>	5,33	0,36	-0,043	17,4	1,03	2,54	11,13	0,70	0,80	0,48	0,51	0
<b>PSA</b>	0,09	0,013	0,003	0,58	0,04	0,06	0,28	0,03	0,02	0,32	0,51	0,07
<b>PSR</b>	0,876	-0,806	0,253	29,44	7,54	7,41	10,69	1,71	2,72	0,7	0,25	0,2
<b>LR</b>	0,06	0,00	0	0,01	0,00	0,01	0,06	0,001	0,00	0,08	0	0,09
<b>PST</b>	0,16	0,02	0,006	0,62	0,05	0,07	0,37	0,04	0,03	0,44	0,54	0

Las estimaciones de  $h^2$  oscilaron entre 0 y 0,83. En el tratamiento control las heredabilidades más altas fueron para NMAC, ALT y PSR (0,69; 0,66 y 0,7 respectivamente); PFA y PST presentaron valores medios (0,48 y 0,44), y fue baja para PSA y LR (0,32 y 0,08). En el tratamiento S1 (250 mM), los caracteres ALT y NMAC presentaron las heredabilidades más altas (0,77 y 0,83 respectivamente), PSA, PFA y PST una heredabilidad media (0,51, 0,51 y 0,54), fue baja para PSR (0,25) y nula para LR. Finalmente en el tratamiento S2 (500 mM), se observan heredabilidades altas para NMAC y ALT (0,81 y 0,8), bajas para PSR, PSA y LR (0,2; 0,07 y 0,09), y nulas para PFA y PST (Cuadro 6).

## 6.5. Correlaciones fenotípicas

En la tabla 11 se presentan las correlaciones fenotípicas entre caracteres registrados en el tratamiento S1 (250 mMNaCl). Se observa que las correlaciones fueron significativas ( $p < 0,05$ ) en la mayoría, excepto entre ALT1 y LR, y entre NAMC Y ALT (1 y 2). Existe una alta correlación y significativa entre PSA y PFA ( $r=0,9164$ ;  $p < 0,001$ ), entre NMAC1 y NMAC2 ( $r=0,8479$ ;  $p < 0,001$ ), y entre PST con ALT2 ( $r=0,8706$ ;  $p < 0,001$ ). Hay una correlación media y significativa entre ALT1 y ALT2 ( $r=0,6412$ ;  $p < 0,001$ ), y PST con PSA ( $r=0,6163$ ;  $p < 0,001$ ) y PFA ( $r=0,6425$ ;  $p < 0,001$ ).

**Tabla 11.** Coeficiente de correlación de Pearson y nivel de significancia entre caracteres registrados en el tratamiento S1. Por encima de la diagonal se encuentran las significaciones estadísticas y bajo la diagonal se encuentran los valores de correlación entre las caracteres.

	PFA	PSA	LR	PSR	NMAC1	ALT1	NMAC2	ALT2	PST
PFA	1	***	***	***	***	***	***	***	***
PSA	0,92	1	***	***	***	***	***	***	***
LR	0,22	0,21	1	**	***	NS	***	*	***
PSR	0,53	0,54	0,14	1	***	***	***	***	***
NMAC1	0,58	0,59	0,20	0,47	1	NS	***	NS	***
ALT1	0,35	0,39	0,09	0,24	-0,07	1	NS	***	***
NMAC2	0,58	0,58	0,16	0,49	0,85	-0,03	1	NS	***
ALT2	0,40	0,37	0,13	0,25	-0,04	0,64	0,01	1	***
PST	0,64	0,62	0,20	0,47	0,39	0,54	0,50	0,87	1

**Nota:** valores de significancia \*\*\*  $< 0,001$ , \*\*  $< 0,005$ , \*  $< 0,05$ , NS: valores no significativos

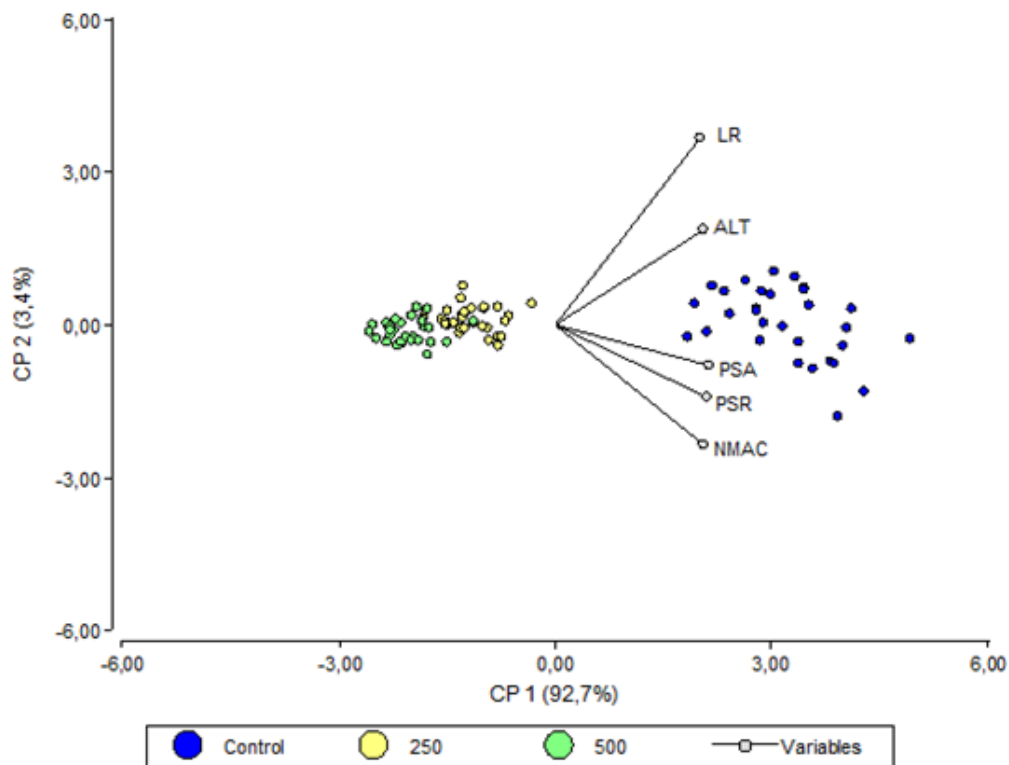
## 6.6. Análisis multivariados

### 6.6.1. Análisis de componentes principales

Se realizó análisis de componentes principales con el objetivo de resumir y agrupar toda la información previamente analizada. Se consideraron 5 caracteres: LR, ALT, PSA, PSR y NMAC. La figura 19 muestra la distribución de las familias y tratamientos (control, salino 1 y salino 2) a través de las componentes 1 y 2. La



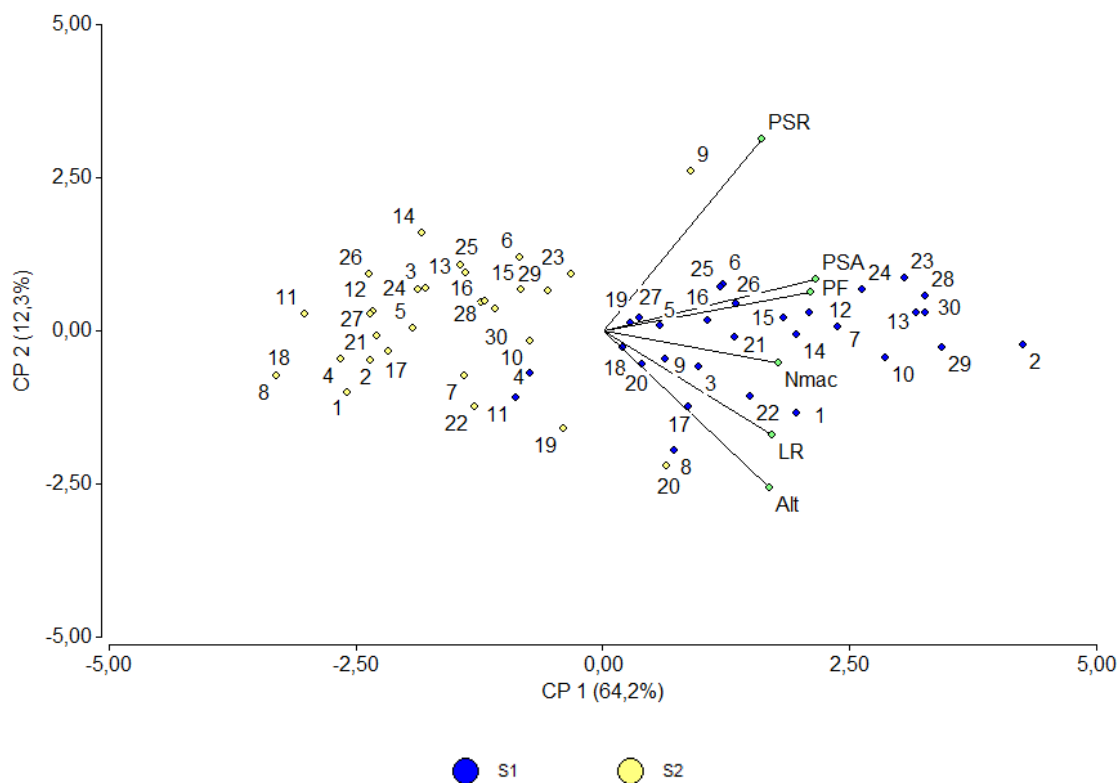
componente principal 1 (figura 17) explica el 92,7% de la variación y la segunda componente explica el 3,4% de la variación. Se observa un agrupamiento de las FMH por tratamiento. Los genotipos evaluados en condición control se asocian a valores positivos en cuanto a los 5 caracteres evaluados, mientras los genotipos sometidos a los tratamientos S1 y S2 se asocian a valores negativos. Respecto a la componente principal 1, los caracteres que explicaron mayoritariamente su variabilidad fueron PSA y PSR. Mientras la variabilidad de la componente principal 2, fue explicada mayormente por LR.



**Figura 19.** Análisis de componentes principales de los caracteres NMAC, ALT, LR, PSR y PSA, utilizando como criterios de clasificación los FMH y los tratamientos (C, S1 y S2).

Se realizó además análisis de componentes principales considerando solo los tratamientos salinos (S1 y S2), y los caracteres PSR, PSA, PFA, NAMC, LR y ALT. La Figura 20 muestra la distribución de las familias y tratamientos (S1 y S2) a

través de las componentes 1 y 2. La componente principal 1 explica el 64,2% de la variación y la segunda componente explica el 12,3% de la variación. Se observa un agrupamiento de las familias por tratamiento. El 76% de la variabilidad entre FMH está explicado por las dos primeras componentes. Respecto a la componente principal 1, los caracteres que explicaron mayoritariamente su variabilidad fueron PSA y PFA, y la variación de la componente principal 2 fue explicada principalmente por PSR.



**Figura 20.** Análisis de componentes principales de los caracteres NMAC, ALT, LR, PSR, PSA y PFA, utilizando como criterios de clasificación las FMH y los tratamientos salinos (S1 y S2).

### 6.6.2. Análisis de clúster jerárquico

A continuación se muestran los resultados del análisis de clúster, para los tres tratamientos por separado (Figuras 21, 22 y 23). Se observa que según el

nivel de salinidad impuesto las familias se agrupan de diferentes formas, y que a medida que el nivel salino aumenta, la variabilidad disminuye.

Los coeficientes de correlación cofenética para estos agrupamientos fueron las siguientes: C: 0,66; S1: 0,69; S2: 0,92.

En el tratamiento control se observa que si realizamos un corte en 3,06, se forman 5 grupos de FMH:

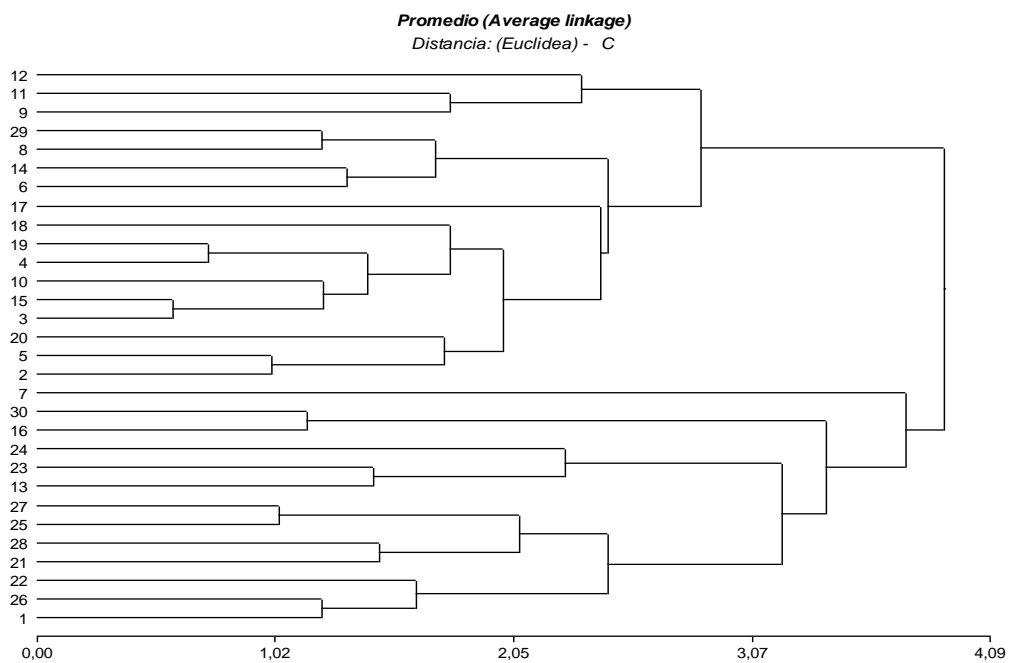
Grupo 1: 1 26 22 21 28 25 y 27

Grupo 2: 13 23 24

Grupo 3: 16 y 30

Grupo 4: 7

Grupo 5: 2 5 20 3 15 10 4 19 18 17 6 14 8 29 9 11 12



**Figura 21.** Análisis de Clúster jerárquico para el tratamiento control.

En el análisis del tratamiento salino 1, se observa que si realizamos un corte en 3,12 se forman 5 grupos de FMH diferentes:

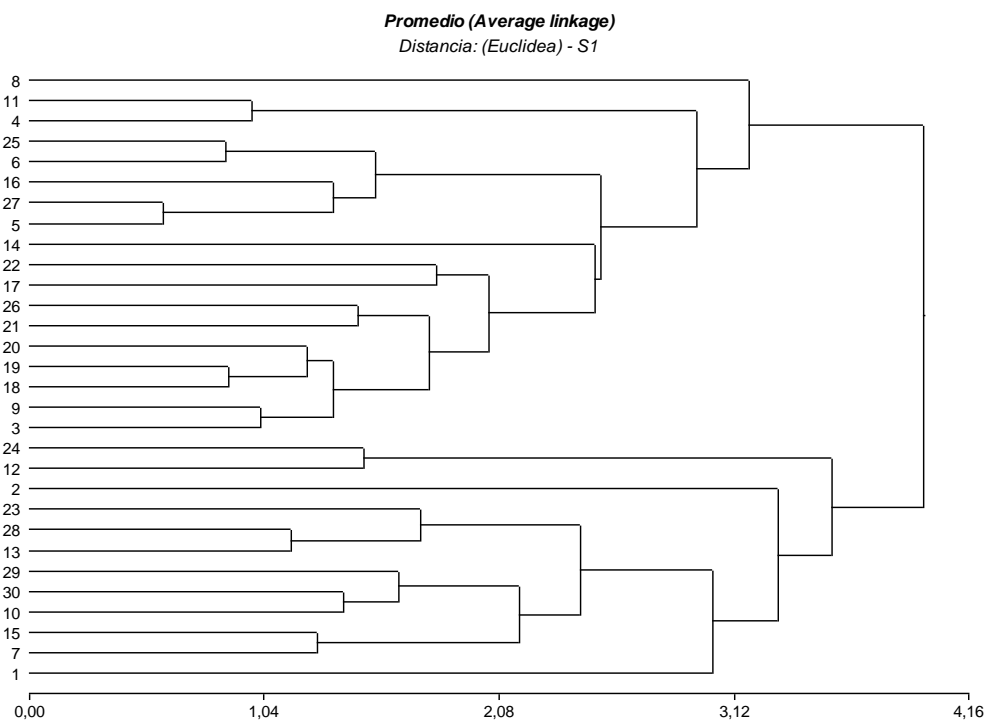
Grupo 1: 1 7 15 10 30 29 13 28 23

Grupo 2: 2

Grupo 3: 12 24

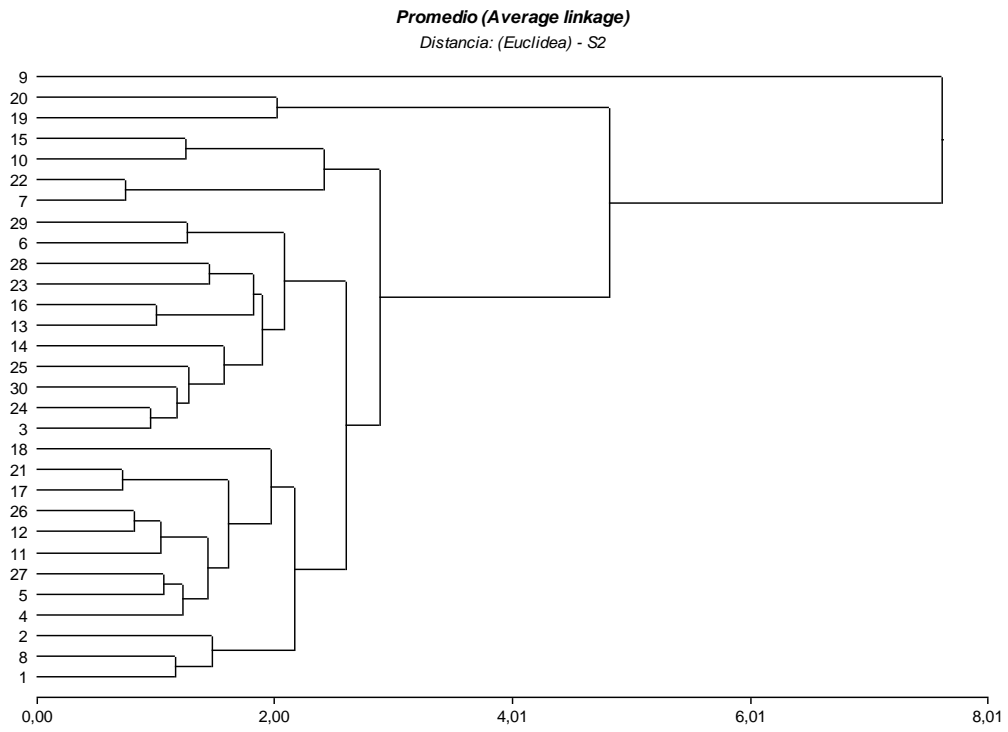
Grupo 4: 3 9 18 19 20 21 26 17 22 14 5 27 16 6 25 4 11

Grupo 5: 8



**Figura 22.** Análisis de clúster jerárquico para el tratamiento S1.

En el Clúster para el S2, realizando un corte en 6,01 se forman 2 grupos, uno formado por la FMH 9 y el resto de las familias agrupadas en otro.



**Figura 23.** Análisis de Clúster jerárquico para el tratamiento S2.

## 7. DISCUSIÓN

En términos generales, *Festuca alta* es considerada una especie medianamente tolerante a salinidad respecto de otras poáceas y de otras especies del mismo género. En el presente trabajo, los resultados indicaron una reducción significativa del crecimiento inicial de las plántulas de las 30 FMH de *festuca alta* en condiciones de salinidad en hidroponía, respecto de la condición control.

Los resultados obtenidos en el presente estudio indicaron que la salinidad produjo una reducción significativa en el peso seco total de las plantas, con una reducción del 71,5% en el tratamiento S1 y del 83,4% en el tratamiento S2, respecto del peso logrado en el control; sin embargo durante el período que duró el estudio no existió mortandad de plantas. Esta sobrevivencia en 500 mM NaCl podría indicar un comportamiento medianamente halofítico de la especie.

El crecimiento de las FMH en salinidad dependió del genotipo y de la concentración salina considerada. Si bien ambas concentraciones salinas afectaron la altura de planta, el número de macollos y los pesos fresco y seco de biomasa aérea y raíz, la mayor reducción del crecimiento ocurrió en S2 (500 mM NaCl) y con mayor tiempo de exposición de las familias a la salinidad. Estudios similares en agropiro alargado (Borrajo y Reigosa Roger, 2008; Maciel, 2019) en estado vegetativo temprano de poblaciones naturalizadas y de FMH, observaron mayores reducciones del crecimiento con el incremento de la concentración salina y el tiempo de exposición a las sales. Estos resultados respaldan la hipótesis de que la respuesta a la salinidad también varía con la duración del estrés impuesto (Shannon, 1997; Munns, 2002; Pompeiano *et al.*, 2014).

La respuesta de las FMH, para el total de caracteres analizados, dependió del tratamiento impuesto, o sea existió una Interacción FMH\*TRAT significativa. Esta interacción expresó respuestas genéticas diferenciales de las familias en cada concentración salina. En particular la varianza genética aditiva se redujo drásticamente en ambas concentraciones salinas, respecto del control, y en algunos caracteres como el peso seco de raíz y el largo de raíz fue 0. Sin embargo para otros, como peso seco total y peso seco aéreo existió varianza genética aditiva importante en la concentración salina moderada (S1), y se expresó en una

heredabilidad elevada. Similarmente en clones de *Panicum coloratum* creciendo en diferentes concentraciones salinas (0, 200 y 400 mM NaCl) se logró identificar variabilidad genética elevada en 200mM (Pittaro, 2014). Otros estudios realizados en FMH de agropiro alargado (Acuña *et al.*, 2017; Maciel, 2019) y en FMH de *Lotus tenuis* (Franco Elisei, 2018) mostraron un comportamiento diferencial para los caracteres analizados dependiendo del tratamiento salino impuesto.

De acuerdo a la frecuencia con que ocurre el cambio ambiental y la extensión que abarca, las plantas responden genéticamente o a través de modificaciones morfofisiológicas que no implican alteraciones genéticas. Una de las respuestas adaptativas a la variación ambiental más común, a pequeña escala es la plasticidad fenotípica (Bradshaw, 1965). Si bien en el presente estudio no se calcularon valores de plasticidad, las interacción FMH\*TRAT significativas observadas para la mayoría de los caracteres, indicaron modificaciones de la morfología y estado fisiológico de las plantas en respuestas a cambios producidos en las condiciones ambientales, permitiendo sostener el crecimiento y la sobrevivencia de las plantas en 500 mM NaCl.

En el presente trabajo la concentración salina moderada (S1) fue una condición ambiental que expresó variabilidad en la respuesta a la tolerancia, y la correlación entre los valores de los caracteres registrados en esta concentración mostraron una elevada asociación, en particular entre los caracteres estructurales como número de macollos en dos momentos y los pesos frescos y secos de la parte aérea y de raíz con el peso seco total por planta. Resultados similares fueron detectados en concentraciones salinas moderadas en *Lotus tenuis* (Affinito, 2020), y en agropiro alargado (Maciel, 2019).

El nivel o grado de tolerancia a la salinidad, difiere acorde a cada especie y a cada grupo de genotipos. Al calcular el índice de tolerancia promedio de todas los caracteres y para cada FMH, se detectaron diferentes valores. La altura de planta y el largo de raíz alcanzaron los valores más elevados, mientras que el peso fresco el más bajo. Sin embargo, al analizar los valores logrados por cada FMH, se detectó amplia variabilidad entre las mismas; por ejemplo, el peso seco aéreo (ITPSA) tuvo un rango que osciló entre 0,84 y un mínimo de 0,15. Estos

datos son coincidentes con estudios en especies forrajeras que muestran la posibilidad de detectar genotipos con mayor nivel de tolerancia al estrés (Francois, 1988; Láuchi, 1984; Smith *et al.*, 1981), expresado en caracteres asociados a la producción de biomasa aérea (materia seca) (Ixtáina y Mujica, 2004; Pesqueira, 2008).

Las FMH 29, 12 y 15 conformaron el grupo de las más productivas y más tolerantes, indistintamente del carácter considerado (ITPSA, ITPSR, ITPST); similarmente las FMH 11 y 4 fueron las menos productivas y menos tolerantes a la salinidad. Sin embargo los agrupamientos fueron coincidentes al establecer los IT en base al peso seco aéreo y al peso seco total (alta productividad y alta tolerancia: FMH 29, 15, 10, 30 y 12) y dispares al considerar las relaciones en base al peso seco de raíz (alta productividad y alta tolerancia: FMH 29, 2, 14, 12, 25, 24, 15). Estos resultados podrían explicarse por la elevada correlación positiva entre el peso seco aéreo y el peso seco total.

Desde el punto de vista fisiológico, la partición de los fotoasimilados en biomasa aérea y radicular está fuertemente afectada en gramíneas por las condiciones ambientales y en general se reduce ante condiciones de estrés, ya sea provocado por factores bióticos (defoliación animal) o por factores abióticos (sequía, salinidad). En el presente estudio existieron grupos de familias tolerantes que priorizaron la asignación de recursos fotosintéticos a la biomasa aérea y otras a la biomasa radicular, probablemente debido a una composición genética diferente y a la estrategia de cada FMH ante el estrés salino moderado. Existen estudios en *Cenchrus ciliaris* (Griffa, 2010), *Elimus scabrifolius* (Zabala, 2016) y en *Panicum coloratum* (Cardamone *et al.*, 2018) que indican un aumento en el crecimiento radicular ante la presencia de estrés por salinidad. Contrariamente en agropiro alargado (Maciel, 2019) se produjo una disminución del crecimiento de raíz en condiciones de estrés por halomorfismo. Los resultados obtenidos permitirían seleccionar grupos de genotipos con diferente estrategia de tolerancia ante el estrés salino, para ser incorporados a programas de mejoramiento genético de festuca alta tolerante a salinidad.



El análisis de Clúster en S1 permitió observar un agrupamiento de las FMH más tolerantes y productivas coincidentemente con el análisis de productividad y tolerancia de los ITPSA.

La heredabilidad en sentido estricto (variancia genética aditiva) tendió a ser más elevada en S1 comparativamente con otra condición ambiental. La variabilidad expresada en condiciones de estrés salino, es de gran utilidad cuando el componente genético heredable, es factible de ser transmitido a la siguiente generación (Shannon, 1997) y por lo tanto la heredabilidad del carácter en cuestión resulta importante en la selección (Falconer, 1986). En el presente estudio, los resultados indicarían que los caracteres número de macollos, altura de planta, peso fresco y seco aéreo y peso seco total podrían ser indicadores útiles de la tolerancia a la salinidad de las FMH en estadio de crecimiento inicial. La mayor expresión de la variancia aditiva en S1 podría explicarse por el proceso de adaptación de las poblaciones a ambientes salinos, considerándose como el “ambiente ideal” que permite la expresión máxima de la variabilidad genética aditiva. En este sentido, Hannon y Bradshaw (1968) estudiando la tolerancia a la salinidad de poblaciones de *Festuca rubra* provenientes de diferentes hábitats, observaron que la elevada variabilidad genética en la tolerancia a la salinidad se correlacionó con el hábitat, y aquellas poblaciones cercanas al mar exhibieron mayor variabilidad genética que aquellas provenientes de tierras altas no salinas.

## **COSIDERACIONES FINALES**

Los resultados obtenidos aportan información necesaria que permitirá iniciar un plan de mejora en la especie de acuerdo al criterio de selección a priorizar. En el caso de un programa que persiga la obtención de un cultivar con tolerancia a salinidad y elevada productividad, las FMH 29, 30, 15, 10 y 12, serían las indicadas para incorporar, dado que exhibieron los mejores índices (ITPSA, ITPSR, ITPST).

En el caso de un programa de mejoramiento por tolerancia intermedia y productividad intermedia a elevada, las FMH 2, 6, 14 y 24 serían las indicadas para incorporar dado que tuvieron índices intermedios (ITPSA, ITPR, ITPST)

## **8. CONCLUSIONES**

- Se detectó variabilidad fenotípica y genética en la tolerancia a salinidad entre las 30 FMH de festuca alta creciendo en condiciones de salinidad en hidroponía.
- La variabilidad genética y la heredabilidad en sentido estricto detectada en el material en estudio permitirían realizar selección en programas de mejoramiento genético de la especie.

## 9. BIBLIOGRAFÍA

Acuña, M; Andrés, A; Varea, I; Lavandera, J. 2009. Vigor de plántula en poblaciones naturalizadas de agropiro alargado. Primer Congreso de la Red Argentina de Salinidad. 40 p.

Acuña, M; Gandolfi Donadío, E; Lavandera, J; Fioravanti, N; Novarese, C; Andrés, A. 2015. Rendimiento de semilla de *Thinopyrum ponticum* en dos ambientes: suelo sódico y suelo no sódico. 38º Congreso Argentino de Producción Animal. Revista Argentina de Producción Animal. 35 (1):168.

Acuña, M; Veliz, S; Lavandera, J; Grunberg, K; Andrés, A. 2017. Parámetros genéticos y respuesta a la selección en caracteres vegetativos en *Thinopyrum ponticum*. 40º Congreso Argentino de Producción Animal. Revista Argentina de Producción Animal. 37 (1): 79.

Affinito, M.A., 2020. Participación del antiporter vacuolar NHX1 de *Lotus tenuis* en la tolerancia a salinidad. Tesis doctoral Universidad Nacional de Rosario.

Affinito, M.A., Franco, M; Andrés, A. 2015. Desarrollo de germoplasma de *Lotus tenuis* tolerante a salinidad. Revista de Tecnología Agropecuaria. INTA 29(10): 51 – 55.

Agnusdei, MG; Castaño, C. 2012. Manejo de pasturas templadas para suelos no agrícolas. En 7ma Jornada demostrativa para productores y profesionales. Laprida, 27 de Octubre. 11 p.

Agnusdei, MG; Di Marco, ON; Insúa, J. 2014. Calidad nutritiva de festuca alta. INTA, EEA Balcarce.

Agüero, JNG; Garay, DD 2016. El avance de la agriculturización en la periferia de la Ciudad de La Rioja entre los años 1985 y 2015. INTA, EEA La Rioja.

Andrés, A. 1987. Variabilidad genética en poblaciones naturales de *Agropyron scabrifolium* (Doell.) Parodi. Tesis de Master of Science. Pergamino INTA-UNR. 93 p.

Andrés, A. 2001. Posibilidades de mejoramiento en agropiro alargado: avances en la generación de nuevos cultivares. Reunión anual sobre forrajeras: "Una mirada hacia los suelos ganaderos". INTA Pergamino. 15 - 24.

Andrés, A. 2014. El mejoramiento de especies forrajeras. Núcleos revista científica-CEDI-UNNOBA. 50 p.

Andrés, A; Cordero, J. 1995. Aspectos genéticos-ecológicos de *Bothriochloa laguroides* (DC). Pilg I. Variabilidad genética. Informe técnico N° 301, INTA. Centro Regional Buenos Aires Norte. EEA Pergamino.

Andrés, A; Rosso, B. 2007. Characterization of *Lotus glaber* germoplasm from Buenos Aires province – Argentina. Lotus Newsletter. 37(1): 24 p.

Ashraf, M. 2004. Some important physiological selection criteria for salt tolerance in plants. Flora, 199: 361-376.

Barufaldi, M. 1999. Variabilidad genética en poblaciones adaptadas de *Dactylis glomerata* L. Tesis de Maestría. Curso de posgrado de mejoramiento genético vegetal. INTA-UNR. 87 p.

Bernstein, L; Hayward, HE. 1958. Physiology of salt tolerance. Annual Review of Plant Physiology.9: 25-46.

Bertín, O. 2010. Adaptación de festuca alta para forraje al ambiente edafoclimático. XII Reunión anual sobre Forrajeras. Pasturas base festuca: Producción y Manejo. INTA. EEA Pergamino. 50-58.

Bertín, O. 2019. Festucosis: estado actual del conocimiento de la enfermedad en animales pastoreando festuca alta. Inforrajes n.18.

Bertín, OD. 1988. Características agronómicas de los principales grupos de cultivares de festuca alta. Carpeta sobre forrajeras y producción bovina. EEA Pergamino. Inf. General n 145. 3.

Bertín, OD; Borrás, F; Carrete, JR. 1990. Digestibilidad in vitro, pared celular y nitrógeno en cultivares de *Festuca arundinacea* Shreb, *Medicago sativa* L. y *Dactylis glomerata* L. Revista Argentina de Producción Animal. 10 (5): 317-329.

Borrajó, CI; Reigosa Roger, R. 2008. Efecto de la salinidad en poblaciones de agropiro alargado. In Congreso Argentino de Producción Animal. 31° Congreso Argentino de Producción Animal. Revista Argentina de Producción Animal, 28 (1): 456.

Borsani, O; Valpuesta, V; Botella, MA. 2003. Developing salt tolerant plants in a new century: a molecular biology approach. Plant Cell, Tissue and Organ Culture. 73(2): 101-115.

Bradshaw, A. 1984. Ecological significance of genetic variation between populations. In: Perspectives on plant population ecology. Sunderland, USA, Sinauer Associates Inc. 213-228.

Briggs, D; Walters, S. 1984. Plant variation and evolution. 2 Ed. Cambridge, UK, Cambridge University Press. 412 p.

Cardamone, L., Cuatrín, A., Grunberg, K., Tomás, M.A., 2018. Variability for salt tolerance in a collection of *Panicum coloratum* var. *makarikariense* during early growth stages. Tropical Grasslands-Forrajes Tropicales. Vol. 6(3): 134–147.

Carrete, JR. 1999. Calidad de forraje en gramíneas perennes templadas. En: Jornada a campo, novedades en forrajeras. Producción, calidad y mejoramiento. INTA EEA Pergamino. 1-10.

Carrow, RN 1996. Drought Avoidance Characteristics of Diverse Tall Fescue Cultivars. Crop Science. 36(2).

Cerono, J 1993. Variabilidad genética e identificación varietal en *Festuca arundinacea* Schreb. cultivar “El Palenque MAG”. Tesis de Maestría. Curso de posgrado en mejoramiento genético vegetal. INTA-UNR, 78 p.

Cuyeu R; Rosso, B; Pagano, E; Soto, G; Fox, R; Ayub, ND. 2013. Genetic diversity in a world germplasm collection of tall fescue. *Genet Mol Biol.* 36(2): 237-42.

Cuyeu, AR. 2008. Aplicación de marcadores moleculares a estudios de variabilidad genética en poáceas forrajeras templadas. Tesis Dr. Universidad Nacional de Lujan, Buenos Aires, Argentina. 138 p.

Di Santo, H; Vega, D; Grassi, E; Ferreira, A; Castillo, E; Ferreira, V. 2014. Vº Congreso de la Asociación Uruguaya de Producción Animal 2014. Genética, Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto, Córdoba, Argentina. Disponible en: [www.produccion-animal.com.ar](http://www.produccion-animal.com.ar)

Dodd, G; Donovan, L. 1999. Water potential and ionic effects on germination and seedling growth of cold desert shrubs. *American Journal of Botany.* 86(8): 1146-1153.

Epstein, E. 1979. Responses of plants to saline environments. *Basic Life Sci.* 14: 7-21.

Ernst, Who. 1987. Population differentiation in grassland vegetation. In: *Disturbance in grasslands.* Dordrecht, NL, Dr. W. Junk Publishers. 214-228.

Falconer, DS. 1986. *Introducción a la genética cuantitativa.* Ed. Continental S. A. de C.V. Mexico.

FAO, 2019. Origin, classification and distribution of salt-affected soils. <http://www.fao.org/docrep/x5871e/x5871e03.htm#2.4%20Distribution>

Fleury, D; Jefferies, S; Kuchel, H; Langridge, P. 2010. Genetic and genomic tools to improve drought tolerance in wheat. *Journal of experimental botany,* 61(12), 3211-3222.

Flowers, TJ. 2004. Improving crop salt tolerance. *Journal of Experimental Botany,* 55 (396): 307-319.

Franco Elisei D, 2018. Estudio de la tolerancia a salinidad en etapas vegetativas tempranas de germoplasma de *Lotus tenuis*. Trabajo final de grado. Pergamino, AR, UNNOBA. 60 p.

Franco, M. 2014. Estudio de la variabilidad genética en familias de medios hermanos de *Lotus tenuis* sometido a estrés salino. Tesis Mag. Sc. Rosario, AR, UNR.

Francois, LE. 1988. Salinity effects on three turf bermuda grasses. Hort science. 23: 706-708

Griffa, S., Ribotta, A., López Colomba, E., Tommasino, E., Carloni, E., Luna, C., and Grunberg, K. 2010. Evaluation seedling biomass and its components as selection criteria for improving salt tolerance in Buffel grass genotypes. Grass and Forage Science, 65(3), 358-361.

Guercio, A; Nazar, A; Maciel, M; Pistorale, S; Andrés, A. 2015. Genetic Variability of *Melilotus albus* Half-sib Families in Seed Production Characters. 5 th International Symposium of Forage Breeding. Buenos Aires, Argentina.

Hamrick, J. 1979. Genetic variation and longevity. Topics in plant population biology. New York, USA, Columbia University Press. 84-113.

Hand, ML; Cogan, NO; Forster, JW. 2012. Molecular characterisation and interpretation of genetic diversity within globally distributed germplasm collections of tall fescue (*Festuca arundinacea* Scherb.) and meadow fescue (*F. pratensis* Huds.). Theor Appl Genet 124 (6): 1127 – 1137.

Hannaway, D; Fransen, S; Cropper, J; Teel, M; Chaney, M; Griggs, T; Halse, R; Hart, J; Cheeke, P; Hansen, D; Klinger, R; Lane, W. 1999. Tall fescue (*Festuca arundinacea* Schreb.). Oregon State University. PNW 504.

Hannon, N; Bradshaw, AD. 1968. Evolution of salt tolerance in two coexisting species of grass. Nature, 220(5174), 1342.



Hasegawa, PM; Bressan, RA; Zhu, JK y Bohnert, HJ. 2000. Plant cellular and molecular responses to high salinity. Annual Review Plant Physiology Plan Molecular Biology. 51:453-499.

Heslop-Harrison, J. 1959. Variability and Environment. Evolution. 13(1): 145-147.

Hoagland, DR; Arnon, DI. 1950. The water-culture method for growing plants without soil. California Agricultural Experiment Station Circular. 347:1-32

Huang, B; Fry JD. 1998. Root Anatomical, Physiological, and Morphological Responses to Drought Stress for Tall Fescue Cultivars. Crop Science. 38 (4): 1017-1022.

Hunt, OJ. 1965. Salt Tolerance in Intermediate Wheatgrass. Crop Science. 5 (5).

Ixtaína, VY; Mujica, MM. 2004. Variability in the salt tolerance in *Lotus glaber* Mill. genotypes selected in situ in a saline basin of the Flooding Pampas (Province of Buenos Aires, Argentina). Revista Pastos. 34.

Ixtaína, VY; Mujica, MM. 2010. Variabilidad en los componentes del vigor de plántulas de *Lotus tenuis* según las épocas y densidades de siembra. Phytón. 79 (1): 95-100.

Láuchi, A. 1984. Mechanisms of salt tolerance in plants. California Agriculture. 38(10): 1820.

Leidi, EO y Pardo, JM. 2002. Tolerancia de los cultivos al estrés salino, que hay de nuevo. Revista de Investigaciones de la Facultad de Ciencias Agrarias. UNR. N°2. 069-090.

Lopes da Silva Santos Simões, NM. 2015. Eficiencia del uso del agua y persistencia de gramíneas perennes en las condiciones de secano en el Mediterráneo. Revista Pastos 45(1): 59-62.

Maciel, MA 2019. Análisis fenotípico y genético del crecimiento inicial de familias de medio-hermanos de agropiro alargado (*Thinopyrum ponticum* (Podp.) Barkworth et Dewey) en condiciones de salinidad y sequía. Tesis para optar al título de Doctor en Ciencias Agrarias, FCA-UNR. 229 p.

Maddaloni, J; Ferrari, L. 2001. Forrajeras y pasturas del ecosistema templado húmedo de la Argentina. Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria – Universidad Nacional de Lomas de Zamora, Facultad de Ciencias Agrarias. 165-182.

Martín, B; Sosa, O; Magra, G; Zerpa, G y Besson, P. 2012. Emergencia de forrajeras en un suelo salino-alcalino tratado con yeso. Revista Argentina de producción animal 32(2): 157-164

Miñón, DP. 2013. Festuca alta. Producción de Forraje y Carne en los Valles Regados Patagónicos. EEA Valle Inferior-Convenio Provincia de Río Negro-INTA.

Muhammad, A; Nudrat, AA. 2009. Improving salinity tolerance of plants through conventional breeding and genetic engineering: An analytical comparison. Biotechnology Advances. 27. 744–752.

Munns, R. 2002. Comparative physiology of salt and water stress. Plant, Cell and Environment, 25 (2): 239-250.

Munns, R. 2005. Genes and salt tolerance: bringing them together. New Phytologist, 167(3), 645-663.

Munns, R. 2010. Approaches to identifying genes for salinity tolerance and the importance of time scale. En: Plant stress tolerance. Methods and protocols. Ramanjulu S. (ed). Oklahoma- EEUU. 25-38.

Munns, R; Tester, M. 2008. Mechanisms of Salinity Tolerance. Annual Review of Plant Biology. 59: 651-681.

Nguyen, HT; Sleper, DA. 1983. Theory and application of half-sib matings in forage grass breeding. Theoretical and applied genetics. 64(3): 187-196.

Oliveira MM; Carmona MA; Santos MJ. 2008. Saline effects on forage growth and quality. Sustainable Mediterranean grasslands and their multifunctions. Options Méditerranéens: serie A. Séminaires Méditerranéens n. 79.89-92.

Orcutt, DM; Nilsen, ET. 1996. The physiology of plants under stress: abiotic factors. John Wiley y Sons Inc. New York.

Pagano, E. 1993. Variabilidad genética de la población de trébol blanco (*Trifolium repens* L.) —El Lucero MAGII. Tesis de Maestría. Curso de Posgrado en Mejoramiento Genético Vegetal. INTA-UNR. 90 p.

Palacios, N. 2015. Estudios genéticos de genotipos de *Lolium multiflorum* creciendo en suelo halomórfico y no halomórfico. Trabajo final de grado. Pergamino, AR, UNNOBA. 93 p.

Palacios, N; Díaz Paleo, A; Lavandera, J; Andrés, AN. 2018. Colecta y caracterización molecular de poblaciones de festuca alta (*Schedonorus phoenix* (Scop.) Holub). Revista de tecnología agropecuaria. 39 (10): 66-68.

Parodi, LR. 1958. Descripción de las plantas cultivadas. Enciclopedia Argentina de agricultura y jardinería. 1. 116.

Pesqueira, J. 2008. Cambios bioquímicos, morfológicos y ecofisiológicos en plantas del género *Lotus* bajo estrés salino. Tesis PhD. Valencia, SPA, UPV.

Pistorale, S; Bazzigalupi, O; Andrés, A. 2009. Germinación de agropiro alargado en condiciones de salinidad: estimación de parámetros genéticos. In: Actas 1º Congreso de la Red Argentina de Salinidad. Córdoba. 11.

Pittaro, G. 2014. Caracterización fenotípica y genotípica de germoplasma de *Panicum coloratum* L var. *coloratum* para la tolerancia a la salinidad. Tesis Para optar al Grado Académico Magister en Ciencias Agropecuarias. Mención en Producción Vegetal. 90 p.

Pompeiano, A; Giannini, V; Gaetani, M; Vita, F; Guglielminetti, L; Bonari, E; Volterrani, M. 2014. Response of warm-season grasses to N fertilization and salinity. *Scientia Horticulturae*. 177: 92-98.

Priano, LJ; Pilatti, MA. 1989. Tolerancia a la salinidad de forrajeras cultivadas. *Ciencia del suelo* vol. 7. N° 1-2.

Primack, RB; Kang, H. 1989. Measuring fitness and natural selection in plant populations. *Annual Review of Ecological Systematics*. 20: 367-396.

Rajendran, K; Tester, M; Roy, SJ; 2009. Quantifying the three main components of salinity tolerance in cereals. *Plant, Cell and Environment*. 32 (3): 237-249.

Ramírez-Suárez, WM; Hernández-Olivera, LA. 2016. Tolerancia a la salinidad en especies cespitosas. *Pastos y Forrajes*. 39 (4). 235-245.

Rearte, D. 2011. Situación actual y prospectiva de la ganadería argentina, un enfoque regional. *Asociación Latinoamericana de Producción Animal*. Vol. 19, número 3-4: 46-49.

Rimieri, P; Scheneiter, OJ; Carrete, JR. 2002. Pasturas cultivadas en la Región Pampeana húmeda. *IDIA XXI* N° 2: 19-22.

Rosso, B y Andrés, A. 2009. Caracterización preliminar de germoplasma de agropiro alargado para el mejoramiento genético. *Revista Argentina de Producción Animal*. 29 (1): 468.

Rosso, BS; Rimieri, P; Carrete J; Cattoni, MI; Biagoli, C; Cuyeu, AR; Pagano, EM; Ríos, RD 2007. Caracterización agronómica, molecular y de la calidad nutricional, de una colección de festuca alta (*Festuca arundinacea* Schreb.) del banco de germoplasma de Pergamino, Argentina. *Avances de investigación en recursos genéticos en el Cono Sur II / PROCISUR*, IICA. 204.

Rowell, DL. 1992. Acidez y alcalinidad del suelo. In: Wild, A. ed. *Condiciones del suelo y desarrollo de las plantas según Russell*. Traducción de la 11a. ed.

inglesa por Urbano Terrón, P. y Rojo Hernández, C. Mundi-Prensa, Madrid, 1045. 885-940.

Ruiz, SC. 2011. Recomendación de Praderas para Sistemas Silvopastorales en la Zona Centro Sur de Chile. Instituto de Investigaciones Agropecuarias, Centro Regional de Investigación Quilamapu, Chillán, Chile. Serie Actas N° 46. 59.

Scheneiter, JO. 2002. Producción de forraje y de carne en pasturas de Festuca alta fertilizadas con nitrógeno o asociadas con trébol blanco. Reunión Anual de forrajeras.

Scheneiter, JO; Kaufmann, LL; Ferreyra, AR y Llorente, T. 2015. The herbage productivity of tall fescue in the Pampas region of Argentina is correlated to its ecological niche. Grass and Forage Science. 71. 403–412

Sevilla, G; Spada, MDC. 2014. Avances en festuca alta. Red de ensayos comparativos de producción de materia seca bajo corte de cultivares de festuca alta. INTA, EEA Pergamino.

Shannon, MC. 1985. Principles and strategies in breeding for higher salt tolerance. Plant and Soil. 89, 227-241.

Shannon, MC. 1997. Adaptation of plants to salinity. Advances in Agronomy, 60: 75-120.

Smith, D; Dobrenz, AK; Schonhorst, MH. 1981. Response of alfalfa seedling plants to high levels of chloride - salts. Journal of Plant Nutrition. 4: 143-174.

Soulé, M. 1973. The Epistasis cycle: a theory of marginal populations. Annual review of ecology and systematics. 4: 165-187.

Sreenivasulu, N; Sopory, SK; Kavikishor, PB. 2007. Deciphering the regulatory mechanisms of abiotic stress tolerance in plants by genomic approaches. Gene. 388: 113.

Tester, M; Davenport, R. 2003. Na<sup>+</sup> tolerance and Na<sup>+</sup> transport in higher plants. *Annals of botany*. 91(5): 503-527.

Traverso, JE; Von Der Pahlen, A. 1982. Variabilidad en *Bromus auleticus* (Trin. ex – Nees). INTA. EEA Pergamino. Publicación Técnica 41. 12 p.

Van Valen, L. 1965. Morphological variation and the width of the ecological niche. *American Society of Naturalists*.99 (908): 377-390.

Vázquez De Aldana, BR; Álvarez Martín A; García Ciudad, A; Zabalgogeoazcoa I; García Criado, B. 2011. El hongo endofítico *Epichloë festucae* y la tolerancia al estrés salino en *Festuca rubra*. Pastos, paisajes culturales entre tradición y nuevos paradigmas del siglo XXI. 183-188.

Wang, W; Vinocur, B; Altman, A. 2003. Plant responses to drought, salinity and extreme temperatures: towards genetic engineering for stress tolerance. *Planta*. 218(1): 1-14.

Wright, S. 1949. The genetical structure of populations. *Annals of human genetics*. 15(1): 323-354.

Yamaguchi, T; Blumwald, E. 2005. Developing salt-tolerant crop plants: Challenges and opportunities. *Trends in Plant Science*. 10(12): 615-620.

Zabala, J.M., 2016. Recursos fitogenéticos forrajeros nativos y naturalizados para los Bajos Submeridionales. Cómo mejorar la producción forrajera en suelos afectados por sales. RAS/FAUBA. Páginas 21 -28

Zhang, Y; Mian, MAR; Bouton, JH. 2006. Recent molecular and genomic studies on stress tolerance of forage and turf grasses. *Crop Science*, 46(2), 497-511.