RAPA Revista Argentina de Producción Animal

REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA

AVANCES Y NUEVAS HERRAMIENTAS EN EL MEJORAMIENTO GENÉTICO DE FESTUCA ALTA

Advances and new tools in the genetic improvement of tall fescue

Umbriago L[1*], Ramírez C[1], Lifschitz M[1], Acuña M[2], Bruno C[3y4], Tomás MA[1y5]

[1]Instituto de Investigación de la Cadena Láctea IDICAL (INTA-CONICET).[2] EEA INTA Pergamino. [3]Grupo de Estadística vinculado a la Unidad de Fitopatología y Modelización Agrícola (UFyMA-INTA-CONICET,). [4]Cátedra de Estadística y Biometría. Facultad de Ciencias Agropecuarias. Universidad Nacional de Córdoba, [5]Facultad de Tecnologías e Innovación para el Desarrollo, Universidad Nacional de Rafaela

*E-mail:Umbriago.luciana@inta.gob.ar

Índice

1-Introducción 7
2-Taxonomía y morfología 7
3-Diversidad ecotípica 7
4-Citología y reproducción 8
5-Historia del mejoramiento de la especie 8
6-Objetivos de mejoramiento 9
7-Mejoramiento genético tradicional 9
8- Situación actual del mejoramiento en Argentina 10
9-Aportes de la biotecnología al mejoramiento genético 11
10-Evolución del rol de los marcadores en la selección 12
11-Fenotipado indirecto mediante sensores 12
12-Perspectivas futuras para el mejoramiento de la especie 12
13-Conclusiones 13
14-Contribución de los autores 13
15-Bibliografía 13

RESUMEN

Festuca arundinacea Schreb. es una gramínea perenne de amplia distribución y gran relevancia en la producción forrajera a nivel mundial. En Argentina constituye una de las especies fundamentales de los sistemas ganaderos de carne y leche. Su rusticidad, plasticidad fenotípica y capacidad de adaptación a ambientes contrastantes la posicionan como un recurso estratégico frente a los escenarios de cambio climático. Como especie alógama y hexaploide (2n=6x=42), presenta una notable diversidad genética que ha sido aprovechada en programas de mejoramiento orientados a incrementar la persistencia, la calidad forrajera y la tolerancia a estreses bióticos y abióticos. El mejoramiento de festuca alta comenzó en la década de 1940 en EE.UU. y en 1953 en Argentina, inicialmente enfocado en su adaptación regional y persistencia. Con el tiempo, los objetivos se ampliaron hacia la calidad nutricional, la resistencia a plagas y enfermedades, la tolerancia a sequías e inundaciones y al manejo de endófitos no tóxicos. Actualmente, la incorporación de herramientas genómicas, fenómicas y de espectroscopía de infrarrojo cercano (NIRS) abre nuevas posibilidades para acelerar la selección y desarrollar cultivares adaptados a distintos sistemas de producción. En este contexto, la presente revisión sintetiza los aspectos taxonómicos, morfológicos y genéticos de la especie, resume los principales avances en su mejoramiento y aborda la integración de la selección genómica, la fenómica y la inteligencia artificial a las perspectivas futuras.

Palabras claves. *Festuca arundinacea*, marcadores moleculares, fenotipado, selección fenómica, cultivares.

Recibido: diciembre 2025
Aceptado: mayo 2026

ABSTRACT

Festuca arundinacea Schreb. is a perennial grass with wide distribution and high relevance in global forage production. In Argentina, it represents one of the key species in beef and dairy production systems. Its hardiness, phenotypic plasticity, and ability to adapt to contrasting environments highlights this species as a strategic resource in the context of climate change. As an allogamous and hexaploid species (2n=6x=42), it exhibits remarkable genetic diversity that has been exploited in breeding programs aimed at improving persistence, forage quality, and tolerance to biotic and abiotic stresses. Breeding of tall fescue began in the 1940s in the United States and in 1953 in Argentina, initially focused on regional adaptation and persistence. Over time, breeding goals expanded to include nutritional quality, resistance to pests and diseases, tolerance to drought and flooding, and the management of non-toxic endophytes. Currently, the incorporation of genomic, phenomic, and near-infrared spectroscopy (NIRS) tools opens new opportunities to accelerate selection and develop cultivars adapted to diverse production systems. In this context, the present review synthesizes the taxonomic, morphological, and genetic aspects of the species, summarizes major advances in its breeding, and discusses the integration of genomic selection, phenomics, and artificial intelligence, as well as future perspectives.

Key words. *Festuca arundinacea*, molecular markers, phenotyping, phenomic selection, cultivars.

1- Introducción

Festuca arundinacea Schreb. (syn. *Lolium arundinaceum*), comúnmente conocida como festuca alta, es una especie alógama, hexaploide (2n=6x=42) (Humphreys *et al.* 1995; Hand *et al.* 2010). Es una de las gramíneas perennes templadas más cultivadas a nivel mundial, destacándose como base forrajera en los sistemas de producción ganadera extensiva de regiones frías y templadas (Fribourg *et al.* 2009).

La festuca alta presenta una notable tolerancia a condiciones ambientales adversas, lo que permite su establecimiento en una amplia variedad de ambientes. Presenta capacidad para desarrollarse en suelos livianos y pesados (Ruiz 2011), salinos o salino-sódicos y tolera tanto encharcamientos temporales como períodos prolongados de sequía (Maddaloni y Ferrari 2005; Ruiz 2011; Menon-Martínez *et al.* 2021). Su elevada plasticidad fenotípica, le permite adaptarse a condiciones contrastantes (Mazzanti *et al.* 1992), mientras que su sistema radicular profundo contribuye a mejorar la estructura y la retención hídrica del suelo, especialmente en suelos degradados (Pagano y Rimieri 2001).

En Argentina, es la gramínea perenne de clima templado más difundida en las regiones centro y sur (Maddaloni y Ferrari 2005), utilizada como pastura base en sistemas ganaderos de carne y leche. Frecuentemente se cultiva consociada con leguminosas como alfalfa, tréboles y lotus (Scheneiter 2004). A pesar de su crecimiento inicial lento, la especie muestra una elevada productividad y persistencia a largo plazo en suelos fértiles y con un adecuado manejo (Ruiz 2011).

Su adaptabilidad, productividad y continuo proceso de mejoramiento genético, la posicionan como una de las especies forrajeras más relevantes a nivel global. Esta trayectoria destaca la necesidad de profundizar en el conocimiento de los aspectos fundamentales que sustentan su potencial productivo, adaptativo y de calidad forrajera. En este contexto, se describen a continuación aspectos de la citología y la biología reproductiva de la especie continuando con la historia de su mejoramiento y los avances de las nuevas tecnologías. Finalmente, se presentan las perspectivas futuras, centradas en el aprovechamiento de herramientas como la edición génica, la selección genómica y fenómica y la inteligencia artificial.

2- Taxonomía y morfología

Dentro de la familia de las *Poaceae*, subfamilia *Pooideae*, el género *Festuca* es uno de los nueve que integran la subtribu *Loliinae* (Soreng *et al.* 2015) y comprende cerca de 500 especies de gramíneas templadas (Inda *et al.* 2008). La taxonomía sistemática de la especie ha generado controversias ya que ha sido incluida en diferentes géneros como *Schedonorus* (Darbyshire 1993) y *Festuca* (Catalán y Müller 2012). A su vez, la especie se encuentra estrechamente relacionada con el género *Lolium*, por lo que se han propuesto cambios para reubicarla en ese género debido a sus afinidades morfológicas y genéticas, por lo que también se consideró como sinónimo de *Lolium arundinaceum* (Hand *et al.* 2012).

Es una planta perenne con hábito de crecimiento cespitoso desarrollando rizomas cortos. Las hojas son de color verde intenso con un leve brillo en el envés, con vainas abiertas, glabras, aurículas falcadas y abrazadoras; lígulas de 1-1,5 mm de largo, membranáceas. Presenta cañas florales que van desde los 50 a 150 cm de alto con una inflorescencia en panoja laxa, multiflora con panículas de 10-30 cm de largo, oblongas y abiertas. Las espiguillas son de 10-16 mm de largo, 3-10-floras, verdes o variegado-violáceas y el fruto es un cariopse envuelto por lemma y palea (Nicora 1978; Ospina *et al*. 2015). Presenta un sistema radicular homorrizo que puede explorar hasta 1.80 m de profundidad, aunque la mayor densidad de las raíces se encuentra en los primeros 35 cm del suelo (Maddaloni y Ferrari 2005).

3- Diversidad ecotípica

Esta especie presenta una amplia distribución geográfica, dando lugar a tres morfotipos principales (también llamados ecotipos) con características distintivas: continental, mediterráneo y rizomatoso (Tabla 1). Los morfotipos se diferencian principalmente por su periodo de máximo crecimiento, así como por algunas características morfológicas.

Tabla 1. Principales características de los 3 morfotipos de festuca alta.
Table 1. *Main characteristics of the three tall fescue morphotypes*

	Continental	Mediterráneo	Rizomatoso
Origen	Norte de Europa	Norte de Africa	Portugal y España
Tolerancia al frio	Alta[1]	Media [2,3,6]	Baja[4]
Características morfológicas	Hojas anchas- Crecimiento vigoroso Rizomas cortos En áreas adaptadas crecen durante todo el año[1]	Dormancia estival Alta senescencia foliar en verano [2,3]	Hojas angostas y sistema radicular rizomatoso extenso[5]
Crecimiento	Primavera – estival[1]	Otoño-invierno[1]	
Usos	Forraje	Forraje	Forraje y césped

Datos adaptados de [1] Burner *et al.* 1988, [2] Maddaloni y Ferrari 2005,[3] Hand *et a*l. 2010,[4] Diesburg 1980,[5] Jernstedt y Bouton 1985, [6] Hand *et a*l. 2012

4- Citología y reproducción

Festuca alta, es una especie alógama, controlada por un sistema de autoincompatibilidad gametofítica (Lundqvist 1962). Dentro de la especie festuca alta existe una amplia variabilidad en el nivel de ploidía. El subtipo más difundido corresponde al hexaploide (*F. arundinacea*, 2n = 6x = 42). Sin embargo, se han identificado otros niveles de ploidía como tetraploides (*F. arundinacea* var. *glaucescens*; 2n=4x=28), octoploides (*F. arundinacea* subsp. *atlantigena* (St. Yves) Auquier; 2n=8x=56), y decaploides (*F. arundinacea* var. *letoumeauxiana*; 2n=10x=70) (Hand *et al.* 2012). Esta combinación de reproducción cruzada y poliploidía contribuye a una notable variabilidad genética dentro de las poblaciones, lo que representa un recurso clave para la selección de caracteres agronómicos de interés (Majidi *et al*. 2009).

Estudios filogenéticos indican el origen híbrido de festuca alta continental, producto del cruzamiento entre la especie diploide *F. pratensis* (Huds.) Darbysh. (PP, 2n=2x=14) de donde deriva el genoma P y la tetraploide *F. glaucescens* Boiss. (G1G1G2G2, 2n=4x=28) donante del genoma G1G2 (Humphreys *et al.* 1995; Hand *et al.* 2012). El cruzamiento habría dado como resultado la constitución genética PPG1G1G2G2 de festuca alta (Hand *et al*. 2010). El morfotipo rizomatoso presenta una relación genéticamente estrecha con el morfotipo continental y habrían surgido diferencias en su posterior evolución (Hand *et al.* 2010, 2012). La constitución genética del morfotipo mediterráneo aún no ha sido completamente dilucidada, aunque hay evidencias que indican que habría evolucionado de manera independiente. Se ha propuesto que el morfotipo mediterráneo sería más antiguo que los continentales y que *F. mairei* St.-Yves, una especie tetraploide (M1M1M2M2, 2n = 4x = 28), podría ser un probable progenitor (Hand *et al.* 2010; Talukder *et al*. 2018).

La hibridación entre morfotipos de festuca alta originarios de diferentes regiones geográficas se ve limitada por incompatibilidades genéticas. Los cruzamientos entre los tipos mediterráneo y continental (Hunt y Sleper 1981; Drummond *et al*. 2006), así como entre germoplasma mediterráneo y rizomatoso, suelen generar descendencia con alta esterilidad y alteraciones meióticas (De Bruijn 2004). Así, los morfotipos habrían acumulado diferencias genéticas relevantes, probablemente como resultado de trayectorias evolutivas independientes a partir de distintos ancestros (Soltis y Soltis 2000) que explicarían irregularidades en la meiosis tales como los errores de apareamiento cromosómico (Jauhar 1975, 1991). Si bien factores genéticos o esporofíticos también podrían influir en la esterilidad de ciertos híbridos (Beuselinck *et al*. 1983), la incompatibilidad genómica se considera el principal obstáculo para lograr cruzamientos exitosos entre morfotipos (Fribourg *et al*. 2009). No obstante, la eficiencia del cruzamiento mejora cuando el morfotipo continental se utiliza como progenitor femenino (Kopecký *et al*. 2019). Los híbridos F1 resultantes exhiben vigor híbrido, superando a ambos progenitores en caracteres como altura, peso fresco y rendimiento de materia seca, aunque de fertilidad reducida, limitando la producción de semillas viables (Kopecký *et al*. 2019). La utilización de los híbridos en programas de mejoramiento de forrajes y céspedes, sería posible si se restaura el apareamiento cromosómico. Incorporar la latencia estival, característica del morfotipo mediterráneo, a los cultivares continentales representa una estrategia prometedora para enfrentar los efectos del cambio climático, como los períodos prolongados de calor y sequía, y mejorar así la persistencia del cultivo (Kopecký *et al*. 2019).

5- Historia del mejoramiento de la especie

Festuca alta fue introducida en EE.UU. entre inicios y mediados del siglo XIX (Kasperbauer 1990). El mejoramiento genético de festuca alta comenzó en la década de 1940, enfocado principalmente en lograr su adaptación regional, y consistió primariamente en la selección fenotípica de ecotipos regionalmente adaptados (Burton y Devane 1953). Entre los cultivares más antiguos se citan “Alta”, liberado en 1940, seleccionado por su resistencia a bajas temperaturas,

persistencia y producción de forraje durante la estación seca de Oregón (Fribourg *et al.* 2009) y "Kentucky 31", liberado 3 años después, con alta producción de forraje en invierno en Kentucky, cuando otras gramíneas estaban dormantes. Este último se convirtió en un referente temprano tanto en el mejoramiento de pasturas templadas como en la producción de forraje (Cowan 1956).

En Argentina, los estudios en festuca alta se iniciaron en 1951 en la Chacra Experimental Pergamino, a partir de la introducción de cultivares desde EE.UU. (Rimieri 2021). En 1953 se obtuvo el primer cultivar nacional, Pergamino El Palenque MAG, con gran uniformidad fenotípica, floración temprana, adaptación a diversos ambientes, tolerancia a pastoreos intensos y buena persistencia (Mazzanti *et al*. 1992). En 1956 con la creación del INTA (Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria), se inició formalmente el programa de mejoramiento en la especie con sede en la EEA Pergamino. A partir de 1995, se obtuvieron El Palenque PLUS (1995), Brava INTA (2009), Baguala INTA (2009) y Luján INTA (2013), destacados por su calidad forrajera y adaptación a ambientes con limitaciones edáficas (Rimieri 2021).

6- Objetivos de mejoramiento

Hacia la década de 1960, los principales objetivos a nivel mundial se centraron en mejorar la calidad del forraje. Uno de los primeros cultivares liberados por mejoras en esta característica fue Fawn (Frakes y Cowan 1974). En las décadas siguientes se continuó el estudio de la calidad forrajera a través de la digestibilidad, contenido de fibra (FDA, FDN), proteína y características físicas de las hojas (Soh *et al*. 1984). A su vez, se estudió el crecimiento vegetativo, principalmente a través del análisis de la tasa de aparición foliar y el macollaje, como indicadores del potencial de producción de biomasa (Zarrough *et al*. 1984).

Mientras tanto, en la década de 1940 se registraron en EE.UU. y Nueva Zelanda numerosos casos de intoxicación en ganado asociados al consumo de festuca alta (Stuedemann y Hoveland 1988). Posteriormente se determinó que el problema era causado por el hongo endófito *Epichloë typhina*, actualmente *E. coenophiala* (Bacon *et al*. 1977; Leuchtmann *et al*. 2014). A partir de 1970, comenzaron a registrarse también casos en Argentina (De Battista *et al*. 1991). El endófito produce ergovalina, un alcaloide que provoca festucosis (toxicidad por consumo de festuca infectada) por vasoconstricción crónica, alterando la termorregulación, la circulación y funciones hormonales, generando pérdidas productivas e incluso muerte animal (Cantón *et al*. 2016; Borrajo 2024). Sin embargo, la simbiosis con el hongo aporta beneficios agronómicos, principalmente mayor tolerancia a estreses bióticos y abióticos (Arachevaleta *et al*. 1989; Bacon 1993; Malinowski y Belesky 2000). Ante esta problemática, a partir de 1988 los programas de mejoramiento se orientaron a seleccionar cultivares libres de endófitos tóxicos, aunque estos mostraron menor persistencia y tolerancia a estreses (Pedersen y Sleper 1988; Ferguson *et al*. 2021). Posteriormente, se desarrollaron cultivares inoculados con endófitos no tóxicos o seguros, mediante la eliminación del endófito tóxico en cultivares élite y su reinfección con cepas naturales no productoras de alcaloides, lo que permitió mantener los beneficios agronómicos sin afectar la salud animal (Hill *et al*. 2002; Ferguson *et al*. 2021). Por ejemplo, cultivares como Texoma MaxQ, se desarrollaron a partir de materiales tradicionales como Kentucky 31 en el centro-este de EE.UU., combinando ausencia de toxicidad, alta persistencia (5–6 años) y adaptación a estrés (Hopkins *et al*. 2011). Actualmente, se comercializan cultivares con endófitos seguros (*e.g*. AR542 y AR584) en EE.UU., España, Holanda, Australia, Nueva Zelanda y Uruguay (Ferguson *et al*. 2021; Petigrosso y Cantón 2022; Gundel *et al*. 2025). En Argentina, hay materiales en evaluación (Petigrosso *et al*. 2019), aunque su adopción es limitada debido a restricciones regulatorias sobre el uso de endófitos, a diferencia de otros países de la región como Uruguay y Brasil.

En Argentina, se estima que las pérdidas económicas ocasionadas por festucosis alcanzan USD 54 millones por año (De Battista *et al.* 1995). En este contexto, el Instituto Nacional de Semillas (INASE), estableció bajo la Resolución N° 67/95, umbrales de tolerancia de endófitos en semillas fiscalizadas del 1%, para "semilla original" y del 3% para las primeras tres generaciones de multiplicación (INASE 1995).

7- Mejoramiento genético tradicional

Las especies sexuales de reproducción alógama expresan frecuentemente un alto grado de autoincompatibilidad que restringe el uso de métodos que utilizan la autopolinización. Así los métodos de mejoramiento más efectivos no requieren emasculación manual y aprovechan el crecimiento perenne y la posibilidad de generar clones vegetativamente. La selección fenotípica recurrente es un proceso cíclico que consiste en aumentar la frecuencia de alelos superiores y así obtener cambios en las medias poblacionales (Vogel y Burson 2004). Esta metodología, que hace uso de la varianza genética aditiva, ha sido utilizada en la obtención de cultivares de festuca en forma de variedades sintéticas como los cultivares liberados en la década del 90 (*e.g*. Palenque Plus, Brava INTA, entre otros) (Rimieri 2021). Otra forma de selección es la familiar por prueba de progenie, en la que el valor genético de los genotipos a cruzar es evaluado a través de su progenie. Si bien esta metodología permite hacer estimaciones de heredabilidad en sentido estricto, y por ende cuantificar más certeramente los posibles avances por selección, son necesarios más ciclos de crecimiento por cada ciclo de selección (Majidi *et al.* 2017). Más recientemente, con el fin de incrementar la tolerancia a diferentes tipos de estrés, los estudios de asociación entre caracteres permitieron el desarrollo de metodologías que utilizan selección indirecta o eventualmente índices de selección (Céron-Rojas y Crossa 2018). Las ventajas de la selección fenotípica se ven opacadas por diversas dificultades como largos ciclos de crecimiento, efectos ambientales que afectan la expresión del carácter y caracteres poligénicos.

8- Situación actual del mejoramiento en Argentina

Entre 1981 y 2025 se inscribieron 146 cultivares de festuca alta en el Registro Nacional de Cultivares (RNC) del INASE, predominantemente de Argentina, EE.UU. y Francia (Figura 1). Entre los cultivares de RNC, el 83% fue registrado por empresas privadas y el 17% por instituciones públicas. Sin embargo, de los inscriptos en el Registro Nacional de la Propiedad de Cultivares (RNPC), el 76% corresponde a empresas privadas y el 24% a instituciones públicas (Figura 2).

En el RNC, solo el 28% de los cultivares de festuca alta son de origen nacional, marcando una fuerte presencia de materiales importados y un claro predominio del sector privado tanto en el registro como en la propiedad de los cultivares. Este escenario sugiere limitada capacidad local de generación y sostenimiento de programas de mejoramiento, que podría explicarse por un lado, por la reducida cantidad de programas de mejoramiento activos en el país y, por otro, por las dificultades agronómicas asociadas a la producción de semillas. Los materiales de ciclo largo demandados presentan problemas en la producción de semillas ya que su floración se ve afectada por condiciones ambientales. Estas limitaciones restringen la producción local de semillas y favorecen la dependencia de germoplasma desarrollado en el exterior (Cullen T, comunicación personal).

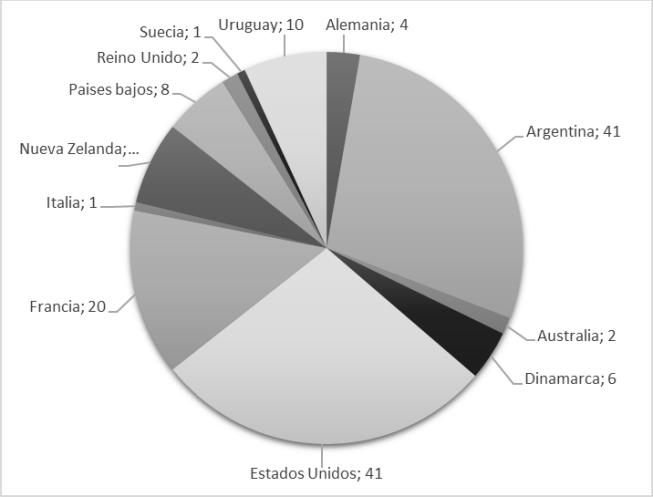

Figura 1. Origen de los cultivares de festuca alta inscriptos en el Registro Nacional de Cultivares (RNC)
Figure 1*. Origin of tall fescue cultivars registered in the National Cultivar Register (RNC).*

Los programas de mejoramiento genético de festuca alta en empresas privadas se enfocan principalmente en persistencia, producción y calidad de forraje, capacidad de rebrote primaveral, homogeneidad de la floración y sanidad. En programas orientados a aumentar la persistencia en ambientes subtropicales se priorizan tres estrategias principales: (i) el uso de cultivares con endófitos no tóxicos o "amigables", que mejoran la tolerancia a estreses y la supervivencia, aunque su adopción en Argentina está limitada por restricciones regulatorias; (ii) la selección de festucas de morfotipo mediterráneo, caracterizadas por crecimiento invierno-primaveral y dormancia estival, lo que les permite evitar el estrés térmico y alcanzar la persistencia de hasta 10 años en zonas templadas; y (iii) el desarrollo de festucas continentales con mayor tolerancia al calor, a partir de la selección de germoplasma adaptado a condiciones subtropicales (Miri S, comunicación personal).

El mejoramiento de festuca alta orientado a la calidad de forraje se ha centrado en la obtención de cultivares de floración tardía, que permiten extender el período de pastoreo hacia el verano sin comprometer la calidad, contribuyendo a sostener la producción animal en una época crítica de escasez de forraje, a partir de germoplasma proveniente de regiones con largos fotoperíodos, como Francia y España. En este contexto, también se destacan las denominadas "festucas flexibles", caracterizadas por hojas más blandas y menor resistencia al corte, con mejor calidad y aceptación animal (*e.g*. Royal Q200 y Palenque PLUS) (Miri, comunicación personal). La selección, principalmente en morfotipos continentales, se basa en caracteres como calidad, vigor inicial, actividad invernal, producción temprana a la salida del invierno, así como floración concentrada y ciclo largo. Como resultado, los cultivares recientes muestran avances en actividad invernal, manteniendo altos niveles de tolerancia a roya, mejorando la calidad de las festucas flexibles respecto de materiales más antiguos y aumentando el potencial de producción de forraje (Ducos I, comunicación personal).

En relación con la comercialización de cultivares, no es sencillo identificar con precisión cuáles son los más difundidos, ya que coexisten circuitos formales (semilla certificada bajo INASE) e informales ("bolsa blanca"). Los datos oficiales pueden obtenerse a partir de los registros de rotulado y comercialización del INASE, aunque su acceso es arancelado, por lo que frecuentemente se recurre a estimaciones de cámaras del sector. Según información del mercado, los cultivares más difundidos en la actualidad incluyen Fawn, seguido por Royal Q200 y materiales como Barverde o Bar2025. Aunque el cultivar Palenque dominó el mercado durante más de dos décadas, en los últimos años ha sido desplazado por nuevos cultivares con mayor productividad y calidad comparable, sumado a dificultades en la disponibilidad de semilla básica que asegure alta pureza varietal (Miri S, comunicación personal)

En el ámbito público, particularmente a través del INTA, los objetivos continúan siendo producción y calidad de forraje, persistencia bajo pastoreo y tolerancia a estreses abióticos (sequía, salinidad y altas temperaturas). Asimismo, se exploran estrategias complementarias, como la evaluación de consociaciones con especies leguminosas. No obstante, persisten desafíos relevantes, entre los que se destacan la herencia compleja de caracteres de interés, la interacción genotipo por ambiente y la limitada inversión en investigación y desarrollo (Acuña M, comunicación personal).

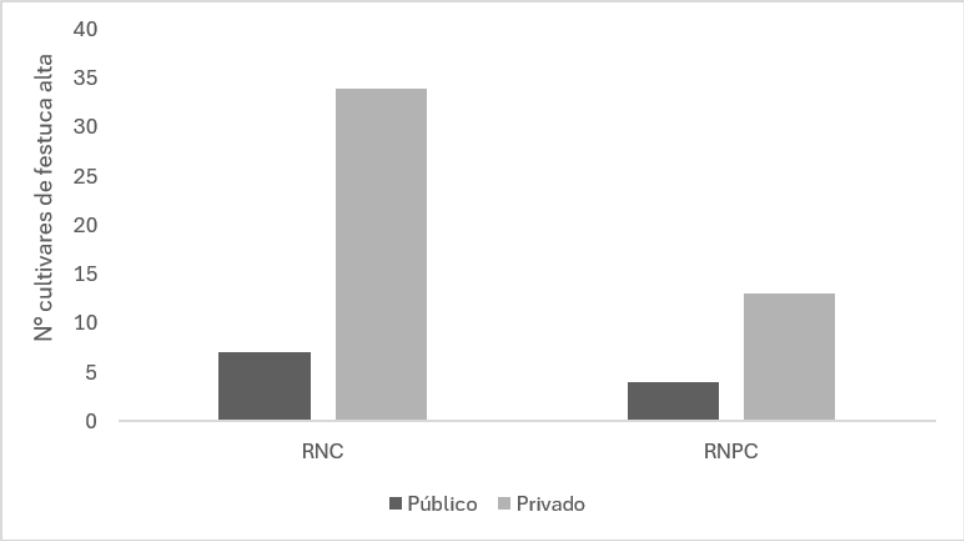

Figura 2. Número de cultivares de festuca alta registrados por los sectores público y privado en el Registro Nacional de Cultivares (RNC) y Registro Nacional de la Propiedad de Cultivares (RNPC) de Argentina.
Figure 2. *Number of tall fescue cultivars registered by the public and private sectors in the National Cultivar Register (RNC) and the National Register of Cultivar Property (RNPC) in Argentina.*

9- Aportes de la biotecnología al mejoramiento genético

Algunas características comunes en las especies forrajeras tales como la reproducción vegetativa, la apomixis, el alto nivel de heterocigosidad y la poliploidía suponen desafíos para el mejoramiento genético tradicional. El avance de la biotecnología permitió el desarrollo de marcadores genéticos, mayormente basados en ADN. Los marcadores moleculares han sido utilizados en festuca alta para estudiar la estructura genética de las poblaciones, estimar la variabilidad genética, así como en el análisis de parentesco y pureza genética en bancos de germoplasma. Por ejemplo, Mian *et al*. 2002 y Majidi y Mirlohi 2010, estudiaron la diversidad genética en poblaciones de festuca utilizando polimorfismos de longitud de fragmentos amplificados (AFLP, *Amplified Fragment Length Polymorphism*). Tanto los polimorfismos de longitud de fragmentos de restricción (RFLP, *Restriction Fragment Length Polymorphism*) como los polimorfismos de ADN amplificados al azar (RAPD, *Random Amplified Polymorphic DNA*) (Li *et al*. 2010) y los microsatélites (SSR, *Simple Sequence Repeat*) permitieron el análisis de la diversidad genética (Cuyeu *et al*. 2013; Palacios 2023) y la identificación de cultivares (Busti *et al.* 2004; Fu *et al.* 2016). Diversos marcadores se utilizaron para estudiar la estructura genética en poblaciones de festuca, tales como AFLP (Majidi y Mirlohi 2010), SSR y EST-SSR (microsatélites derivados de secuencias expresadas) (Tehrani *et al.* 2009) e inter-microsatélites (ISSR*, Inter-Simple Sequence Repeat*) y EST-SSR (Shahabzadeh *et al.* 2020). Asimismo, se han identificado alelos y marcadores asociados con caracteres agronómicos (Lou *et al.* 2015), características fisiológicas vinculadas al estrés térmico (Sun *et al.* 2015) y rasgos agro-morfológicos (Shahabzadeh *et al.* 2023) que han facilitado la implementación de la selección asistida por marcadores en los programas de mejoramiento.

Otras técnicas de ingeniería genética profundizaron en la transformación genética a través de protoplastos (Wang *et al*. 1992; Ha *et al*. 1992; Dalton *et al*. 1995), bombardeo con microproyectiles (Spangenberg *et al*. 1995; Kuai *et al*. 1999; Cho *et al*. 2000; Wang *et al*. 2001) o transformación con *Agrobacterium tumefaciens* (Bettany *et al*. 2003; Gao *et al*. 2008; Hosseini *et al*. 2023). Algunas estrategias de transformación genética con genes específicos se ensayaron para aumentar la tolerancia a la salinidad (Ma *et al.* 2014) y al estrés térmico (Wang *et al.* 2017). Una forma de manipulación genética surgida más recientemente es la tecnología CRISPR/Cas9, una herramienta que permite la edición precisa de genes asociados con características agronómicas deseables. Hasta la actualidad, más de 11 especies forrajeras han sido editadas mediante CRISPR/Cas9 (Bilal *et al.* 2025); aunque en forrajeras aún se presentan limitaciones para inducir mutaciones de manera sistemática (Haq *et al.* 2022). En alfalfa se utilizó CRISPR/Cas9 para reducir el contenido de lignina mejorando así la digestibilidad del forraje (Wolabu *et al.* 2024). En festuca alta, el CRISPR/Cas9 *es* una herramienta prometedora para la regulación de la senescencia de órganos y del carácter stay-green (Khoshhal 2019), biosíntesis de carotenoides y respuesta al estrés por calor (Bi *et al.* 2021; Zhang *et al.* 2021). A pesar de sus ventajas, su uso enfrenta desafíos como la complejidad genética de especies poliploides y la baja eficiencia en los métodos de transformación (Takamizo y Sato 2020). Posteriormente la integración con datos ómicos, como la transcritómica o metabolómica, buscaron combinar información para obtener una visión más completa de la base genética de los caracteres de interés (Zhu *et al.* 2020; Chen *et al.* 2022; Islam *et al.* 2022; Li *et al.* 2024).

10- Evolución del rol de los marcadores en la selección

La implementación de varios sistemas de marcadores moleculares permitió la confección de mapas de ligamiento que consisten en una representación lineal del orden y la distancia relativa entre los marcadores genéticos (como SNPs, SSRs o RFLPs) a lo largo de los cromosomas, basada en la frecuencia de recombinación. Estos mapas permitieron identificar caracteres como rendimiento y calidad de forraje (Zhang *et al.* 2019; Daduwal *et al.* 2025). También se elaboraron mapas que asocian marcadores a caracteres controlados por muchos genes, también llamados *Quantitative Trait Loci* (QTLs). El primer mapa de ligamiento en festuca alta fue obtenido utilizando RFLP (Xu *et al.* 1995); posteriormente se desarrollaron mapas con marcadores basados en PCR (AFLP y SSR) (Saha *et al.* 2005). En especies como alfalfa y gramíneas tropicales como *Brachiaria spp.*, los mapas de ligamiento han permitido identificar regiones genómicas asociadas con tolerancia a sequía, resistencia a enfermedades y digestibilidad, facilitando la selección genética. Contar con mapas genéticos permitió la implementación de la selección asistida por marcadores (*Molecular Assisted Selection,* MAS) en la que el mejorador utiliza los marcadores ligados a genes mayores o a QTLs como señales para distinguir y seleccionar los mejores alelos en la progenie segregante. La selección por marcadores permite reducir el tiempo requerido por ciclo y minimizar la variación debida a la influencia ambiental (Bernardo 2008). Sin embargo, la precisión está limitada en caracteres complejos ya que considera solo una pequeña parte de la variación, restringida a los marcadores significativos (Jannink *et al.* 2010). En contraposición, la selección genómica (SG) propuesta por Meuwissen *et al.* (2001) utiliza en forma conjunta marcadores distribuidos en todo el genoma asumiendo que podrían estar potencialmente ligados al carácter de interés. La SG desarrolla un modelo a partir de una población de entrenamiento compuesta por individuos que han sido tanto genotipados como fenotipados. El modelo permite predecir el valor de cría (*genomic predicted breeding value*, GEBV) de genotipos no testeados. Los modelos estadísticos permiten predecir el valor genético de individuos no evaluados fenotípicamente, siendo especialmente útil para rasgos complejos controlados por múltiples genes de efecto pequeño (Meuwissen *et al.* 2001; Crossa *et al.* 2017). Esta estrategia, ampliamente adoptada en cultivos y especies animales, requiere grandes volúmenes de datos genotípicos y fenotípicos para construir modelos robustos (Meuwissen *et al.* 2001). Aunque las tecnologías de secuenciación de próxima generación hacen la obtención de marcadores más accesible y precisa, los costos de genotipado siguen siendo altos por el gran número de individuos necesario (Yang *et al.* 2020). Sin embargo, en forrajeras como festuca alta, la implementación de la SG enfrenta desafíos adicionales dados por la poliploidía, la reproducción alógama con autoincompatibilidad, el conocimiento limitado del desequilibrio de ligamiento y las dificultades técnicas para descubrir y validar SNPs (Hayes *et al.* 2013).

En Argentina, el mejoramiento genético en festuca presenta un bajo nivel de incorporación de tecnologías avanzadas; herramientas como la introgresión asistida por marcadores moleculares o la edición génica tiene aplicación limitada ya que el mercado de semillas no lo justifica económicamente. No obstante, estas tecnologías podrían permitir la incorporación de caracteres de interés como resistencia a herbicidas (por ejemplo, para el control de raigrás resistente), tolerancia a salinidad o a anegamiento (Miri, comunicación personal).

11- Fenotipado indirecto mediante sensores

En especies forrajeras, las evaluaciones de rendimiento de materia seca son a menudo costosas en tiempo y dinero. Las nuevas plataformas terrestres y aéreas equipadas con sensores avanzados ofrecen oportunidades para el fenotipado rápido, no destructivo y de bajo costo para la evaluación de plantas en el campo (Gebremedhin *et al*. 2019).

El fenotipado de alto rendimiento (HTP-*High-throughput phenotyping***)** permite evaluar grandes poblaciones de forma rápida, no destructiva y automatizada, mejorando así la eficiencia de los programas de mejoramiento (Xiao *et al.* 2021) mediante el uso de sensores montados en plataformas terrestres, satelitales y UAV (vehículos aéreos no tripulados). Estas plataformas integran tecnologías como imágenes en color (RGB), multiespectrales, hiperespectrales, térmicas, detección por luz y distancia (LiDAR) y fluorescencia de clorofila para estimar características como biomasa, altura de planta, índice de área foliar, calidad nutricional y estrés abiótico (Cheng *et al.* 2025). El avance del HTP ha generado volúmenes masivos de datos multidimensionales, lo que ha impulsado el uso de inteligencia artificial (IA), en particular el aprendizaje automático y el aprendizaje profundo para su análisis e interpretación (Van Dijk *et al*. 2021).

En festuca alta, se han identificado genotipos tolerantes a la sequía mediante el uso de índices de vegetación derivados de imágenes RGB y térmicas (De Swaef *et al.* 2021) y se han aplicado modelos de *Random Forest* y redes neuronales convolucionales para predecir el rendimiento de materia seca a partir de imágenes RGB (Ghysels *et al.* 2025). Estas experiencias demuestran el potencial del HTP combinado con aprendizaje automático para optimizar la selección en programas de mejoramiento.

12- Perspectivas futuras para el mejoramiento de la especie

El HTP ha revolucionado la capacidad de recolectar datos masivos y no destructivos sobre cultivos, aunque cada plataforma presenta limitaciones específicas: los sensores aéreos pueden verse afectados por condiciones climáticas o resolución limitada, mientras que las plataformas terrestres suelen tener costos operativos elevados y menor escalabilidad (Cheng *et al.* 2025) dificultando su aplicación directa en mejoramiento.

La selección fenómica (SF) ha sido propuesta como una alternativa de bajo costo y alta eficiencia frente a la SG, utilizando espectros de infrarrojo cercano (NIR) para predecir rasgos complejos. Este enfoque reciente postula que los espectros NIR pueden capturar similitudes genéticas entre individuos, funcionando como análogos a los marcadores moleculares en SG (Rincent *et al.* 2018). Diversos estudios en trigo, maíz, triticale, vid, centeno, soja y colza han demostrado su utilidad para predecir rendimiento, modelar interacciones genotipo×ambiente, e incluso predecir el comportamiento en ambientes no evaluados (Cuevas *et al.* 2019; Lane *et al.* 2020; Robert *et al.* 2022a; Robert *et al.* 2022b; Zhu *et al.* 2022; Brault *et al.* 2022; Roscher-Ehrig *et al.* 2024). Inclusive, ha permitido predecir el rendimiento de híbridos a partir de los espectros de sus líneas parentales (Rincent *et al.* 2025). Aumentar la precisión en la predicción permitirá obtener mayor ganancia genética como resultado de la selección; así la SF sería una alternativa de bajo costo para evaluar gran cantidad de genotipos. En un contexto de cambio climático y creciente presión sobre los sistemas de producción, la incorporación de SF en festuca alta permitiría acelerar los ciclos de mejoramiento. Además, los espectros NIR podrían ser utilizados para discriminar cultivares libres de endófitos, un aspecto crítico en la producción forrajera por su impacto en la salud animal. Potenciada por inteligencia artificial y modelos de aprendizaje automático, la SF se perfila como una herramienta clave del mejoramiento genético moderno, especialmente en especies forrajeras con escasos recursos genómicos.

13- Conclusiones

Festuca alta es una gramínea forrajera ampliamente utilizada, con amplia diversidad genética y una considerable historia de mejoramiento. Aunque la mayoría de los cultivares se han obtenido por mejoramiento convencional, los marcadores moleculares se utilizaron para estudios de variabilidad, estructura genética, identificación de cultivares y también para la confección de mapas de ligamiento. Los estudios de asociación de marcadores con caracteres fenotípicos de importancia agronómica y la utilización de modelos predictivos para el fenotipado sugieren avances importantes en el aumento de la ganancia genética con el uso de las nuevas tecnologías.

14- Contribución de los autores

Umbriago L: formulación de las preguntas/ideas centrales de la revisión, escritura protagónica del artículo, diseño de la estructura general de la revisión, responsabilidad por la integridad y coherencia del artículo completo. *Ramírez C, Lifschitz M, Acuña M, y Bruno C:* diseño de la estructura general de la revisión, responsabilidad por la integridad y coherencia del artículo completo. *Tomás MA:* formulación de las preguntas/ideas centrales de la revisión, escritura protagónica del artículo, diseño de la estructura general de la revisión, responsabilidad por la integridad y coherencia del artículo completo.

15- Bibliografía

Arachevaleta M, Bacon CW, Hoveland CS, Radcliffe DE (1989) Effect of the tall fescue endophyte on plant responses to environmental stress. *Agronomy Journal* **81**, 83-90.

Bacon CW, Porter JK, Robbins JD, Luttrell ES (1977) *Epichloë typhina* from toxic tall fescue grasses. *Applied and Environmental Microbiology* **35**, 576-581.

Bacon CW (1993) Abiotic stress tolerances (moisture, nutrients) and photosynthesis in endophyte infected tall fescue. *Agriculture, Ecosystems & Environment* **44**, 123-141.

Bernardo R (2008) Molecular markers and selection for complex traits in plants: learning from the last 20 years. *Crop Science* **48**, 1649-1664.

Bettany AJE, Dalton SJ, Timms E, Manderyck B, Dhanoa MS, Morris P (2003) *Agrobacterium tumefaciens*-mediated transformation of *Festuca arundinacea* (Schreb.) and *Lolium multiflorum* (Lam.). *Plant Cell Reports* **21**, 437-444.

Beuselinck PR, Vasquez RM, Frakes RV, Chilcote DO (1983) Cytological examinations of two tall fescue genotypes and their sterile hybrids. *Crop Science* **23**, 485-487.

Bi A, Wang T, Wang G, Zhang L, Wassie M, Amee M, Xu H, Hu Z, Liu A, Fu J, Chen L, Hu T (2021) Stress memory gene FaHSP17.8-CII controls thermotolerance via remodeling PSII and ROS signaling in tall fescue. *Plant Physiology* **187,** 1163-1176.

Bilal M, Geng J, Chen L, García-Caparros P, Hu T (2025) Genome editing for grass improvement and future agriculture. *Horticulture Research* **12,** 293.

Borrajo CI (2024) Festuca alta y festucosis en la Cuenca del Salado: alternativas de manejo*. Revista Argentina de Producción Animal* **44**, 69-83.

Brault C, Lazerges J, Doligez A, Thomas M, Ecarnot M, Roumet P, Bertrand Y, Berger G, Pons T, François P, Le Cunff L, This P, Segura V (2022) Interest of phenomic prediction as an alternative to genomic prediction in grapevine. *Plant Methods* **18**, 108.

Burner DM, Balasko JA, O'Brien PM (1988) Attributes of tall fescue germplasm of diverse geographic origin. *Crop Science* **28**, 459-462.

Burton GW, Devane EH (1953) Estimating heritability in tall fescue (*Festuca arundinacea*) from replicated clonal material. *Agronomy Journal* **45**, 478-481.

Busti A, Caceres M, Calderini O, Arcioni S, Pupilli F (2004) RFLP markers for cultivar identification in tall fescue (*Festuca arundinacea* Schreb.). *Genetic Resources and Crop Evolution* **51,** 443-448.

Cantón GJ, Bence AR, Olmos L, Llada I, Mazzanti M, Migliavacca JI, Armendano JI, Odriozola ER (2016) Porcentaje de infestación con endófito en festucas (*Lolium arundinaceum*) analizadas en INTA EEA Balcarce. *Revista Argentina de Producción Animal* **36**, 34.

Catalán P, Müller J (2012) Festuca. En 'Flora Argentina'. (Eds Anton AM, Zuloaga FO) pp. 219-250. (Gráficamente Ediciones: Córdoba, Argentina).

Céron-Rojas JJ, Crossa J (2018) 'Linear selection indices in modern plant breeding'. (Springer: Cham, Switzerland).

Chen Y, Xiang Y, Hu Z, Gao Y, Zhang Y, Chen M, Khaldun ABM, Yan X, Fan J (2022) Transcriptomic profiling revealed the role of 24-epibrassinolide in alleviating salt stress damage in tall fescue (*Festuca arundinacea*). *Frontiers in Plant Science* **13**, 976341.

Cheng T, Zhang D, Zhang G, Wang T, Ren W, Yuan F, Liu Y, Wang Z, Zhao C (2025) High-throughput phenotyping techniques for forage: status, bottleneck, and challenges. *Artificial Intelligence in Agriculture* **15**, 98-115.

Cho MJ, Ha CD, Lemaux PG (2000) Production of transgenic tall fescue and red fescue plants by particle bombardment of mature seed-derived highly regenerative tissues. *Plant Cell Reports* **19**, 1084-1089.

Cowan JR (1956) Tall fescue. En 'Advances in Agronomy'. (Ed. Norman AG) pp. 283-320. (Academic Press: Ann Arbor, Michigan).

Crossa J, Pérez-Rodríguez P, Cuevas J, Montesinos-López O, Jarquín D, de Los Campos G, Burgueño J, González-Camacho JM, Pérez-Elizalde S, Beyene Y, Dreisigacker S, Singh R, Zhang X, Gowda M, Roorkiwal M, Rutkoski J, Varshney RK (2017) Genomic selection in plant breeding: methods, models, and perspectives. *Trends in Plant Science* **22**, 961-975.

Cuevas J, Montesinos-López O, Philomin J, Guzmán C, Pérez-Rodríguez P, González-Bucio J, Burgueño J, Montesinos-López A, Crossa J (2019) Deep kernel for genomic and near infrared predictions in multi-environment breeding trials. *G3: Genes, Genomes, Genetics* **9**, 2913-2924.

Cuyeu R, Rosso B, Pagano E, Soto G, Fox R, Ayub ND (2013) Genetic diversity in a world germplasm collection of tall fescue. *Genetics and Molecular Biology* **36**, 237-242.

Daduwal HS, Bhardwaj R, Lamba JS, Vikal Y, Srivastava RK (2025) QTL mapping and candidate gene identification for fodder quality traits in Pearl millet. *BMC Plant Biology* ***25***, 404.

Dalton SJ, Bettany AJE, Timms E, Morris P (1995) The effect of selection pressure on transformation frequency and copy number in transgenic plants of tall fescue (*Festuca arundinacea* Schreb.). *Plant Science* **108**, 63-70.

Darbyshire SJ (1993) Realignment of *Festuca* subgenus *Schedonorus* with the genus *Lolium* (Poaceae). *Novon* **3**, 239-243.

De Battista JP, Costa MC, Hofer CC, Medus PD, Pirovani A (1991) Efecto del consumo de festuca infectada con Acremonium coenophialum. I. Perfomance animal en el periodo sobre festuca. *Producción Animal* **3**, 76-80.

De Battista J, Peretti A, Carletti S, Ramírez A, Costa M, Schultz L (1995) Evolución de la incidencia de la infección de *Acremonium coenophialum* en la oferta de semilla de festuca alta en Argentina. Período 1987-1994. *Revista Argentina de Producción Animal* **15**, 300-302.

De Bruijn J (2004) Tall fescue variety having rhizomes. Barenbrug USA, Inc., Tangent, OR, USA, Patent No. 6677507.

De Swaef T, Maes WH, Aper J, Baert J, Cougnon M, Reheul D, Steppe K, Roldán-Ruiz I, Lootens P (2021) Applying RGB and thermal-based vegetation indices from UAVs for high-throughput field phenotyping of drought tolerance in forage grasses. *Remote Sensing* **13**, 147.

Diesburg KL (1980) 'Rhizomatous spreading ability and seed set in wide crosses of tall fescue *(Festuca arundinacea* Schreb.)'. MSc thesis, Iowa State University, USA.

Drummond JB (2006) 'The effect of hybridisation on seed vigour of continental and mediterranean tall fescue (*Festuca arundinacea* Schreb.)'. BSc (Hons) thesis, Lincoln University, New Zealand.

Ferguson TD, Vanzant ES, McLeod KR (2021) Endophyte infected tall fescue: plant symbiosis to animal toxicosis. *Frontiers in Veterinary Science* **8**, 774287.

Frakes RV, Cowan JR (1974) Registration of Fawn tall fescue. *Crop Science* **14**, 338.

Fribourg HA, Hannaway DB, West CP (2009) 'Tall fescue for the twenty-first century'. Agronomy monograph 53. (ASA, CSSA, SSSA: Madison, WI)

Fu K, Guo Z, Zhang X, Fan Y, Wu W, Li D, Peng Y, Huang L, Sun M, Bai S, Ma X (2016) Insight into the genetic variability analysis and cultivar identification of tall fescue by using SSR markers. *Hereditas* **153**, 9.

Gao C, Long D, Lenk I, Nielsen KK (2008) Comparative analysis of transgenic tall fescue (*Festuca arundinacea* Schreb.) plants obtained by *Agrobacterium*-mediated transformation and particle bombardment. *Plant Cell Reports* **27**, 1601-1609.

Gebremedhin A, Badenhorst PE, Wang J, Spangenberg GC, Smith KF (2019) Prospects for measurement of dry matter yield in forage breeding programs using sensor technologies. *Agronomy* **9**, 65.

Ghysels S, De Baets B, Reheul D, Maenhout S (2025) Image-based yield prediction for tall fescue using random forests and convolutional neural networks. *Frontiers in Plant Science* **16**, 1549099.

Gundel P, Miri S, Petigrosso L (2025) Festuca alta y sus hongos endófitos en la región pampeana: aliados invisibles. *Revista MDA* **6**, 39-42.

Ha SB, Wu FS, Thome TK (1992) Transgenic turf-type tall fescue (*Festuca arundinacea* Schreb.) plants regenerated from protoplasts. *Plant Cell Reports* **11,** 601-604.

Hand ML, Cogan NOI, Stewart AV, Foster JW (2010) Evolutionary history of tall fescue morphotypes inferred from molecular phylogenetics of the *Lolium-Festuca* species complex. *BMC Evolutionary Biology* **10,** 303.

Hand ML, Cogan NO, Forster JW (2012) Molecular characterization and interpretation of genetic diversity within globally distributed germplasm collections of tall fescue (*Festuca arundinacea* Schreb.) and meadow fescue (*F. pratensis* Huds.). *Theoretical and Applied Genetics* **124,** 1127-1137.

Haq S, Zheng DF, Feng NJ, Jiang XY, Qiao F, He JS, Qiu Q (2022) Progresses of CRISPR/Cas9 genome editing in forage crops. *Journal of Plant Physiology* **279**, 153860.

Hayes BJ, Cogan NOI, Pembleton LW, Goddard ME, Wang J, Spangenberg GC, Forster JW (2013) Prospects for genomic selection in forage plant species. *Plant Breeding* **132**, 133-143.

Hill NS, Bouton JH, Thompson FN, Hawkins L, Hoveland CS, McCann MA (2002) Performance of tall fescue germplasms bred for high- and low-ergot alkaloids. *Crop Science* **42**, 518-523.

Humphreys MW, Thomas HM, Morgan WG, Meredith MR, Harper JA, Thomas HZ, Zwierzykowsky Z, Ghesquiere M (1995) Discriminating the ancestral progenitors of hexaploid *Festuca arundinacea* using genomic in situ hybridization. *Heredity* **75**, 171-174.

Hunt KL, Sleper D (1981) Fertility of hybrids between two geographic races of tall fescue. *Crop Science* 21, 400-404.

Hopkins AA, Young CA, Butler TJ, Bouton JH (2011) Registration of 'Texoma' MaxQ II tall fescue. *Journal of Plant Registrations* **5**, 14-18.

Hosseini HR, Salehi H, Khosh-Khui M, Chehrazi M (2023) An efficient and optimized protocol for tall fescue tissue culture and *Agrobacterium*-mediated genetic transformation. *Journal of the Saudi Society of Agricultural Sciences* **22**, 261-272.

Inda LA, Segarra-Moragues JG, Müller J, Peterson PM, Catalán P (2008) Dated historical biogeography of the temperate Loliinae (Poaceae, Pooideae) grasses in the northern and southern hemispheres. *Molecular Phylogenetics and Evolution* **46**, 932-957.

Instituto Nacional de Semillas (INASE) (1995) Resolución 067/95. Ministerio de Economía, Secretaría de Agricultura, Ganadería, Pesca y Alimentación, Argentina.

Islam MS, Krom N, Kwon T, Li G, Saha MC (2022) Transcriptome of endophyte-positive and endophyte-free tall fescue under field stresses. *Frontiers in Plant Science* **13**, 803400.

Jannink JL, Lorenz AJ, Iwata H (2010) Genomic selection in plant breeding: from theory to practice. *Briefings in Functional Genomics* **9**, 166-177.

Jauhar PP (1975) Genetic control of diploid-like meiosis in hexaploid tall fescue. *Nature* **254**, 595-597.

Jauhar PP (1991) Recent cytogenetic studies of the *Festuca–Lolium* complex*. Developments in Plant Genetics and Breeding **2**, 325-362.*

Jernstedt JA, Bouton JH (1985) Anatomy, morphology, and growth of tall fescue rhizomes. *Crop Science* **25**, 539-542.

Kasperbauer MJ (1990) 'Biotechnology in tall fescue improvement'. (CRC Press: Boca Raton, FL).

Khoshhal M (2019) Transient expression-based CRISPR/Cas9 system for manipulation of tall fescue SGR gene. *Journal of Plant Production Research* **26**, 35-43.

Kopecký D, Talukder SK, Zwyrtková J, Trammell M, Doležel J, Saha MC (2019) Inter-morphotype hybridization in tall fescue (*Festuca arundinacea* Schreb.): exploration of meiotic irregularities and potential for breeding. *Euphytica* **215**, 97.

Kuai BK, Dalton SJ, Bettany AJE, Morris P (1999) Regeneration of fertile transgenic tall fescue plants with a stable highly expressed foreign gene. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture* **58**, 149-154.

Lane HM, Murray SC, Montesinos-López OA, Montesinos-López A, Crossa J, Rooney DK, Barrero-Farfan ID, De La Fuente GN, Morgan CLS (2020) Phenomic selection and prediction of maize grain yield from near-infrared reflectance spectroscopy of kernels. *The Plant Phenome* **3,** e20002.

Leuchtmann A, Bacon CW, Schardl CL, White JF, Tadych M (2014) Nomenclatural realignment of Neotyphodium species with the genus *Epichloë. Mycologia* **106**, 202-215.

Li HY, Lou YH, Hu T, Fu JM (2010) Genetic diversity analysis of Chinese natural tall fescue (*Festuca arundinacea*) germplasms by RAPD. *Acta Prataculturae Sinica* **19**, 208-214.

Li X, Wu F, Xiang Y, Fan J (2024) Transcriptomic analysis of antimony response in tall fescue (*Festuca arundinacea). Agriculture **14***, 1504.

Lou Y, Hu L, Chen L, Sun X, Yang Y, Liu H, Xu Q (2015) Association analysis of simple sequence repeat (ssr) markers with agronomic traits in tall fescue (*Festuca arundinacea* Schreb.). *PLoS ONE* **10**, e0133054.

Lundqvist A (1962) The nature of the two-loci incompatibility system in grasses. I. The hypothesis of a duplicative origin. *Hereditas* **48**, 153-168.

Ma DM, Xu WR, Li HW, Jin FX, Guo LN, Wang J, Da HJ, Xu X (2014) Co-expression of the *Arabidopsis SOS* genes enhances salt tolerance in transgenic tall fescue (*Festuca arundinacea* Schreb.). *Protoplasma* **251**, 219-231.

Maddaloni J, Ferrari L (2005) Festuca alta. En 'Forrajeras y pasturas del ecosistema templado húmedo de la Argentina'. pp. 165–182. (INTA y UNLZ: Lomas de Zamora, Argentina).

Mazzanti A, Castaño J, Sevilla G, Orbea J (1992) Festuca alta. En 'Características agronómicas de especies y cultivares de gramíneas y leguminosas forrajeras adaptadas al sudeste de la provincia de Buenos Aires'. (Ed. INTA CERBAS EEA Balcarce) pp. 7-19. (INTA: Argentina).

Majidi MM, Mirlohi A, Amini F (2009) Genetic variation, heritability and correlations of agro- morphological traits in tall fescue (*Festuca arundinacea* Schreb.). *Euphytica* **167**, 323-331.

Majidi MM, Mirlohi A (2010) Genetic similarities among Iranian populations of *Festuca, Lolium, Bromus and Agropyron* using amplified fragments length polymorphism (AFLP) markers. *Iranian Journal of Biotechnology* **8**, 16-23.

Majidi MM, Bahrami S, Abtahi M, Mirlohi A, Araghi B (2017) Genetic analysis of seed-related traits in smooth bromegrass (*Bromus inermis*) under well-watered and water-stressed conditions. *Grass and Forage Science* **72**, 163-173.

Malinowski D, Belesky D (2000) Adaptations of endophyte infected cool–season grasses to environmental stresses: mechanisms of drought and mineral stress tolerance. *Crop Science* **40**, 923-940.

Menon-Martínez FE, Grimoldi AA, Striker GG, Di Bella CE (2021) Variability among *Festuca arundinacea* cultivars for tolerance to and recovery from waterlogging, salinity and their combination. *Crop and Pasture Science* **72**, 75-84.

Meuwissen TH, Hayes BJ, Goddard ME (2001) Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics* **157**, 1819-1829.

Mian R, Hopkins A, Zwonitzer J (2002) Determination of genetic diversity in tall fescue with AFLP markers. *Crop Science* **42**, 944-950.

Nicora EG (1978) Gramineae. En 'Flora Patagónica'. (Ed. Correa MN) pp. 1-563. (INTA: Argentina).

Ospina JC, Aliscioni SS, Denham SS (2015) A revision of *Festuca* (Loliinae, Pooideae, Poaceae) in Chile. *Phytotaxa* **223**, 1-66.

Palacios NS (2023) 'Estudios genéticos de festuca alta (*Festuca arundinacea* Schreb. var. *arundinacea*) bajo condiciones de estrés por salinidad y sequía'. Tesis Doctoral, Universidad Nacional de Rosario, Argentina.

Pagano E, Rimieri P (2001) Genética y mejoramiento de especies forrajeras. En 'Forrajeras y pasturas del ecosistema templado húmedo de la Argentina'. (Eds Maddaloni J, Ferrari L) pp. 357–388. (INTA y Universidad Nacional de Lomas de Zamora: Lomas de Zamora, Argentina).

Pedersen JF, Sleper DA (1988) Considerations in breeding endophyte-free tall fescue forage cultivars. *Journal of Production Agriculture* **1**, 127-132.

Petigrosso LR, Cantón G (2022) Estrategias de manejo de festuca tóxica. *ALPA en el Campo* **1**, 11-13.

Petigrosso LR, Gundel PE, Fernández ON, Assuero SG (2019) Hongos endófitos en festuca alta: del problema a las soluciones. *Revista de Investigaciones Agropecuarias* **45**, 292-303.

Rimieri P (2021) Contribution of the genetic improvement of tall fescue (*Festuca arundinacea* Schreb.) in Argentina: synthesis of achievements and advances. *BAG Basic and Applied Genetics* **32**, 9-13.

Rincent R, Charpentier JP, Faivre-Rampant P, Paux E, Le Gouis J, Bastien C, Segura V (2018) Phenomic selection is a low-cost and high-throughput method based on indirect predictions: proof of concept on Wheat and Poplar. *G3: Genes, Genomes, Genetics* **8**, 3961-3972.

Rincent R, Solin J, Lorenzi A, Nunes L, Griveau Y, Pirus L, Kermarrec D, Bauland C, Reymond M, Moreau L (2025) Using phenomic selection to predict hybrid values with NIR spectra measured on the parental lines: proof of concept on maize. *Theoretical and Applied Genetics* **138,** 28.

Robert P, Auzanneau J, Goudemand E, Oury FX, Rolland B, Heumez E, Bouchet S, Le Gouis J, Rincent R (2022a) Phenomic selection in wheat breeding: identification and optimisation of factors influencing prediction accuracy and comparison to genomic selection. *Theoretical and Applied Genetics* **135**, 895-914.

Robert P, Goudemand E, Auzanneau J, Oury FX, Rolland B, Heumez E, Bouchet S, Caillebotte A, Mary-Huard T, Le Gouis J, Rincent R (2022b) Phenomic selection in wheat breeding: prediction of the genotype-by-environment interaction in multi-environment breeding trials. *Theoretical and Applied Genetics* **135**, 3337-3356.

Roscher-Ehrig L, Weber SE, Abbadi A, Malenica M, Abel S, Hemker R, Snowdon RJ, Wittkop B, Stahl A (2024) Phenomic selection for hybrid rapeseed breeding. *Plant Phenomics* **6**, 0215.

Ruiz C (2011) Recomendación de praderas para sistemas silvopastorales en la zona centro sur de Chile. Serie Actas 46, 59 pp. (Instituto de Investigaciones Agropecuarias, Centro Regional de Investigación Quilamapu: Chillán, Chile).

Saha MC, Mian R, Zwonitzer JC, Chekhovskiy K, Hopkins AA (2005) An SSR- and AFLP-based genetic linkage map of tall fescue (*Festuca arundinacea* Schreb.). *Theoretical and Applied Genetics* **110**, 323-336.

Scheneiter JO (2004) Producción de forraje y de carne en pasturas de festuca alta fertilizadas con nitrógeno o asociadas con trébol blanco. *Revista de Tecnología Agropecuaria* **20**, 50-53.

Shahabzadeh Z, Darvishzadeh R, Mohammadi R, Jafari M, Alipour H (2020) Study of genetic diversity and association analysis of agronomic traits with ISSR and EST-SSR markers in tall fescue (*Festuca arundinacea*). *Crop Biotechnology* **9**, 1-20.

Shahabzadeh Z, Darvishzadeh R, Mohammadi R, Jafari M, Alipour H (2023) Molecular characterization of tall fescue germplasm using SNP markers: population structure, linkage disequilibrium, and association mapping of yield-related traits. *Plant Biotechnology* **17**, 171-190.

Spangenberg G, Wang ZY, Wu XL, Nagel J, Iglesias VA, Potrykus I (1995) Transgenic tall fescue (*Festuca arundinacea*) and red fescue (*F. rubra*) plants from microprojectile bombardment of embryogenic suspension cells. *Journal of Plant Physiology* **145**, 693-701.

Soltis PS, Soltis DE (2000) The role of genetic and genomic attributes in the success of polyploids. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* **97**, 7051-7057.

Soreng RJ, Peterson PM, Romaschenko K, Davidse G, Zuloaga FO, Judziewicz EJ, Filgueiras TS, Davis JI, Morrone O (2015) A worldwide phylogenetic classification of the Poaceae (Gramineae). *Journal of Systematics and Evolution* **53,** 117-137.

Soh AC, Frakes RV, Chilcote DO, Sleper DA (1984) Genetic variation in acid detergent fiber, neutral detergent fiber, hemicellulose, crude protein, and their relationship with in vitro dry matter digestibility in tall fescue. *Crop Science* **24**, 721-727.

Stuedemann JA, Hoveland CS (1988) Fescue endophyte: history and impact on animal agriculture. *Journal of Production Agriculture* **1**, 39-44.

Sun X, Du Z, Ren J, Amombo E, Hu T, Fu J (2015) Association of SSR markers with functional traits from heat stress in diverse tall fescue accessions. *BMC Plant Biology* **15,** 116.

Talukder SK, Azhaguvel P, Chekhovskiy K, Saha MC (2018) Molecular discrimination of tall fescue morphotypes in association with *Festuca* relatives. *PLoS ONE* **13**, 0191343.

Takamizo T, Sato H (2020) Protocol for *Agrobacterium*-mediated transformation of tall fescue and future perspective on the application of genome editing. *Plant Biotechnology* **37**, 157-161.

Tehrani SM, Mardi M, Sahebi J, Catalán P, Díaz-Pérez A (2009) Genetic diversity and structure among Iranian tall fescue populations based on genomic-SSR and EST-SSR marker analysis. *Plant Systematics and Evolution* **282**, 57-70.

Van Dijk ADJ, Kootstra G, Kruijer W, de Ridder D (2020) Machine learning in plant science and plant breeding. *iScience **24**,* 101890.

Vogel KP, Burson BL (2004) Breeding and genetics. En 'Warm-Season (C4) Grasses'. (Eds Moser LE, Burson BL, Sollenberger LE) pp. 51-94. (ASA, CSSA, SSSA: Madison, WI).

Wang ZY, Takamizo T, Iglesias V, Osusky M, Nagel J, Potrykus I, Spangenberg G (1992) Transgenic plants of tall fescue (*Festuca arundinacea* Schreb.) obtained by direct gene transfer to protoplasts. *Nature Biotechnology* **10**, 691-696.

Wang ZY, Ye XD, Nagel J, Potrykus I, Spangenberg G (2001) Expression of a sulphur-rich sunflower albumin gene in transgenic tall fescue (*Festuca arundinacea* Schreb.) plants. *Plant Cell Reports* **20**, 213-219.

Wang X, Huang W, Liu J, Yang Z, Huang B (2017) Molecular regulation and physiological functions of a novel FaHsfA2c cloned from tall fescue conferring plant tolerance to heat stress. *Plant Biotechnology Journal* **15**, 237-248.

Wolabu TW, Mahmood K, Chen F, Torres-Jerez I, Udvardi M, Tadege M, Cong L, Wang Z, Wen J (2024) Mutating alfalfa COUMARATE 3-HYDROXYLASE using multiplex CRISPR/Cas9 leads to reduced lignin deposition and improved forage quality. *Frontiers in Plant Science* **15,** 1363182.

Xiao Q, Bai X, Zhang C, He Y (2021) Advanced high-throughput plant phenotyping techniques for genome-wide association studies: A review. *Journal of Advanced Research* **35**, 215-230.

Xu WW, Sleper DA, Chao S (1995) Genome mapping of polyploid tall fescue (*Festuca arundinacea* Schreb.) with RFLP markers. *Theoretical and Applied Genetics* **91**, 947-955.

Yang W, Feng H, Zhang X, Zhang J, Doonan JH, Batchelor WD, Xiong L, Yan J (2020) Crop phenomics and high-throughput phenotyping: past decades, current challenges, and future perspectives. *Molecular Plant* **13**, 187-214.

Zarrough KM, Nelson CJ, Sleper DA (1984) Interrelationships between rates of leaf appearance and tillering in selected tall fescue populations. *Crop Science* **24**, 565-569.

Zhang F, Kang J, Long R, Yu LX, Wang Z, Zhao Z, Zhang T, Yang Q (2019) High-density linkage map construction and mapping QTL for yield and yield components in autotetraploid alfalfa using RAD-seq. *BMC Plant Biology* **19,** 165.

Zhang L, Wang T, Wang G, Bi A, Wassie M, Xie Y, Cao L, Xu H, Fu J, Chen L, Zhao Y, Hu T (2021) Simultaneous gene editing of three homoeoalleles in self-incompatible allohexaploid grasses. *Journal of Integrative Plant Biology* **63**, 1410-1415.

Zhu H, Ai H, Hu Z, Du D, Sun J, Chen K, Chen L (2020) Comparative transcriptome combined with metabolome analyses revealed key factors involved in nitric oxide (NO)-regulated cadmium stress adaptation in tall fescue. *BMC Genomics* **21**, 601.

Zhu X, Maurer HP, Jenz M, Hahn V, Ruckelshausen A, Leiser WL, Würschum T (2022) The performance of phenomic selection depends on the genetic architecture of the target trait. *Theoretical and Applied Genetics* **135**, 653-665.