

230513, Quila 230603, Quila 231902, Quila 233008, Quila 235207, Quila 235501, Quila 237908, Quila 241309 y Quila 242104) y 21 variedades procedentes de: Chile (Buli, Brillante, Oro, Ambar, Diamante y Zafiro), China (IRRI Yuhkara, IRRI Norin 9, IRRI Ji-Jing-60, IRRI Tepuke y IRRI LI Jina Xintuan Hegu), España (Susan, Guara, Euro, Hispagan, Guadamar y Ranbali), India (Basmati, Basmati C621 y Sugandh-2) y Filipinas (Korea 2). Para ello, las semillas de cada genotipo fueron germinadas en vermiculita durante 72 horas y posteriormente fueron trasplantadas en suelo de la serie Quella (Vertisol) y crecidas en condiciones de invernadero. Durante 7 días las plántulas de tres a cuatro hojas fueron sometidas a frío nocturno de 5°C por 12 horas en cámaras climáticas, mientras que durante el día las plántulas eran devueltas a las condiciones de invernadero. El daño foliar se evaluó a los 10 días de finalizado el tratamiento de frío y se determinó mediante un cálculo entre el número de plantas dañadas y el nivel de daño foliar observado. El análisis estadístico consistió en una ANOVA con 42 genotipos y tres repeticiones (1 réplica = 15 plántulas). Posteriormente, se aplicó el test de Tukey ($\alpha=0.05$) para detectar las diferencias significativas entre las medias de los tratamientos. Los resultados indicaron que algunos genotipos generados en Chile (Quila 154804, Quila 156603 y Quila 241309) presentaron un bajo daño foliar por frío en comparación con genotipos procedentes de España, China, India, Filipinas y antiguas variedades de arroz liberadas en Chile. Sin embargo, se detectó que algunas líneas experimentales chilenas (Quila 242104, Quila 225103 y Quila 228603) tuvieron un alto daño foliar por frío, lo que indica la necesidad de incluir métodos de selección de materiales tolerantes a frío en esta etapa del desarrollo del arroz, en el programa de mejoramiento genético.

P10-075

Evaluación de la Técnica de Imágenes Infrarrojas (TII) para diferenciar las respuestas de los genotipos de arroz (*Oryza sativa*) a la sequía

Manrique, C.E¹; Beltran, J²; Rane, J¹; Ospina, J²; Duque, M¹; Ishitani, M¹; Thome, J¹; Martinez, C¹; Quevedo, L³; Chavez, A¹

¹CIAT; ²Fedearroz; ³Universidad Distrital

El calentamiento global está acentuando algunos estreses abióticos como la sequía, lo que afectará seriamente la productividad de cultivos como el arroz, el cual requiere una gran cantidad de agua. Por lo tanto, desarrollar variedades mejoradas de arroz con una mayor eficiencia de uso del agua es muy esencial. La evaluación de genotipos para tolerancia a la sequía es un gran desafío. En general, los métodos convencionales como la biomasa relativa (BR), la conductancia estomática (CE), la Fracción de Agua Transpirable del Suelo (FATS), etc, se utilizan para diferenciar la respuesta de las plantas a la sequía. En el presente estudio, realizado en casas de malla del CIAT, hemos probado la eficiencia de la (TII) para diferenciar la respuesta de los genotipos de arroz expuestos a sequía en estado de plántula. Una popular variedad local Fedearroz_50 arroz y las líneas derivadas de esta variedad a través de mutación o cultivo de anteras se utilizaron en este experimento. Las respuestas de los genotipos a sequía, impuesta en estado de plántula, se comparó con la de las plantas de control conservadas en 100% la capacidad de campo. Además de BR, CE, FATS, imágenes infrarrojas fueron capturadas a intervalos regulares. Todos los métodos fueron capaces de distinguir la variación genética en la respuesta de las plantas a sequía, sin embargo, el (TII) fue más eficiente en la diferenciación de la respuesta de los genotipos a la sequía.

P10-076

High throughput phenotyping method for water use efficiency in rice field

Alain, Audebert¹; Marc, Chatel²; Cécile, Grenier²; Yolima, Ospina²; Francisco, Rodriguez²

¹Cirad; ²Cirad/CIAT

A collaborative CIAT/Cirad project aims to create new improved upland rice germplasm for drought tolerance based on population improvement (Guimarães, 2005) through recurrent selection (RS). In the framework of a multidisciplinary team (ecophysiology, molecular genetics and breeding), we seek to enhance this breeding strategy through the integration of marker assisted breeding tools. This requires improving methods for high throughput phenotyping in the field.