

Uso de la diversidad genética para desarrollar germoplasma de arroz con eco-eficiente uso del agua

Grenier, Cecile¹; Audebert, Alain²; Ospina, Yolima¹; Sanabria, Yamid³; Rodriguez, Francisco³; Chatel, Marc¹

¹CIAT/CIRAD; ²CIRAD; ³CIAT

El proyecto colaborativo CIRAD/CIAT de arroz se enfoca en el desarrollo y el mejoramiento de poblaciones compuestas a través de la selección recurrente (SR). Nuestro objetivo es de desarrollar y difundir material mejorado para varios ambientes de América Latina y el Caribe (ALC). Nuestro

método de mejoramiento es basado sobre el desarrollo de poblaciones de base genética amplia, su mejoramiento a través de la SR y la explotación de la riqueza genética para el desarrollo de líneas.

A partir de una población sintética inicial, cuatro poblaciones compuestas fueron desarrolladas, unas con evaluación, selección y recombinación en condiciones de suelos ácidos (sabanas de los Llanos Orientales Colombianos) y otras evaluadas y seleccionadas durante un ciclo en las condiciones de la zona arrocería boliviana. Con 16 microsátélites evaluamos la diversidad genética dentro de esas poblaciones y estimamos la diferenciación genética entre ellas. Utilizamos el método de fenotipaje de amplia escala adaptada a las condiciones de campo para evaluar las respuestas al estrés de sequía. A través de termografía Infra-Roja (IR) evaluamos las progenies S1 extraídas de cada población las cuales fueran expuestas a 15 días de sequía durante el estado de floración.

La diversidad genética de las 4 poblaciones, muestra niveles de diversidad neutral muy altos. La diversidad genética expresada por el número de alelos observados por locus (N_a) y el índice de diversidad de Shannon (I) fueron altos dentro de las poblaciones ($N_a > 3.133$, y de $I = 0.693$ hasta $I = 0.800$). Para la mayoría de los loci, se encuentra una significativa diferenciación alélica y genotípica. Un total de seis alelos se encontraron con una frecuencia $> 5\%$ y únicos en una sola población. La Evaluación con IR mostró que las poblaciones tienen alelos favorables para la resiliencia a la sequía. El hecho que unas líneas S1 tienen una temperatura foliar fría durante la sequía, significa que tienen una buena capacidad para mantenerse transpirando y así, sostener su crecimiento en condiciones de estrés. Estas líneas serían progenitores potenciales para desarrollar una nueva población con eco-eficiencia del uso del agua aumentada.

Además de mostrar la riqueza genética mantenida en estas poblaciones compuestas, nuestro trabajo presenta un avance a través la integración de fenotipaje de amplia escala con el uso de los marcadores moleculares para adelantar la estrategia de mejoramiento por SR. Nuestro objetivo no se limita a integrar tecnologías; sino también desarrollar metodologías y germoplasma y compartirlos con los mejoradores de ALC y otras instituciones.