CIAT
COLECCION HISTORICA

AVANCES EN EL MEJORAMIENTO POBLACIONAL EN ARROZ

Editor: Elcio P. Guimarães

SB
191
.R5
A93
c.3

Embrapa

Arroz e Feijão

ISBN 85-7437-007-X

AVANCES EN EL MEJORAMIENTO POBLACIONAL EN ARROZ

EDITOR: ELCIO P. GUIMARÃES

Embrapa Arroz e Feijão
Santo Antônio de Goiás, GO - Brasil
2000

Ejemplares de esta publicación pueden solicitarse a:

Embrapa Arroz e Feijão
Rod. Goiânia Nova Veneza, Km 12
Caixa Postal 179
Tel: (0xx62) 533.2194
Fax: (0xx62) 533.2100
E-mail: sac@cnpaf.embrapa.br
75375-000 Santo Antônio de Goiás, GO - Brasil

Centro Internacional de Agricultura Tropical - CIAT
Apartado Aéreo 6713
Tel: (2) 445.00.00
Cali, Colombia

Producción
Nelly Manosalva de Nivia - Cali, Colombia

Diseño de Carátula
Rogelio Chovet - Fundación Polar/Venezuela

Catalogación en la Fuente
Ana Lucia Delalibera de Faria - Embrapa Arroz e Feijão

Tiraje: 600 ejemplares

CIP-Brasil. Catalogação-na-publicação.
Embrapa Arroz e Feijão.

Guimarães, Elcio P.
Avances en el mejoramiento poblacional en arroz / editado por Elcio P. Guimarães. - Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2000.
311 p.

Inclui bibliografias.
ISBN 85-7437-007-X

1. Arroz - Melhoramento Populacional. 2. Arroz - Melhoramento Genético Vegetal. I. Título.

CDD 633.182 - 21.ed.

© Embrapa, 2000

Contenido

Página

Prefacio 5

Mejoramiento Poblacional: Aspectos Generales

Capítulo

1 Muestreo Genético para Programas de Mejoramiento Poblacional
Isaias O. Geraldi y Claudio L. de Souza Jr. 9

2 Evaluación de Ganancias Observadas en Selección Recurrente
Orlando P. de Morais, Francisco J. P. Zimmermann y Paulo Hideo N. Rangel 21

3 Caracterización y Uso de Marcadores RAPD y Microsatélites (SSR) en el Monitoreo del Programa de Mejoramiento Poblacional en Arroz
Márcio E. Ferreira, Maria Isabel de O. Penteado, Claudio Brondani, André Beló, Marco A. Ferreira y Paulo Hideo N. Rangel 37

Experiencias en Manejo de Poblaciones de Arroz de Riego en Condiciones Tropicales

4 Mejoramiento Poblacional del Arroz de Riego en Brasil
Paulo Hideo N. Rangel, Francisco J. P. Zimmermann y Paulo R. R. Fagundes 65

5 Caracterización de Poblaciones e Introducción de Variabilidad Genética para Iniciar un Programa de Mejoramiento Poblacional del Arroz en Venezuela
Eduardo J. Graterol M. 87

6 Mejoramiento Poblacional del Arroz Irrigado con Énfasis en el Virus de la Hoja Blanca
Jaime Borrero, Marc Chatel y Mónica Triana 105

7 Selección Recurrente en Arroz de Riego en Colombia
Edgar Corredor Solano 119

8 Mejoramiento Poblacional del Arroz en Cuba: Situación Actual y Perspectivas
René Pérez Polanco, Marc Chatel y Elcio P. Guimarães 131

9 Yunnan, China: Mejoramiento Poblacional de Arroz para Rendimiento de Granos, Resistencia a Piricularia, Tolerancia al Frío y Calidad de Grano
Dayun Tao, Fengyi Hu, Youqiong Yang, Peng Xu y Jing Li 145

Experiencias en Manejo de Poblaciones de Arroz de Riego en Condiciones Templadas

Capítulo		Página
10	Mejoramiento Poblacional del Arroz en Uruguay: Caracterización y Desarrollo de Germoplasma *Fernando B. Pérez de Vida, Pedro H. Blanco, T. Abadie, O. Guerra, M. Tais, Marc Chatel y Jaime Borrero*	157
11	Desarrollo de Poblaciones de Arroz en Argentina *Juan E. Marassi, Maria A. Marassi, Marc Chatel y Jaime Borrero*	173
12	Desarrollo de Poblaciones *Japónica* de Arroz para Chile *Santiago I. Hernaiz-L., José Roberto Alvarado-A., Marc Chatel y Jaime Borrero*	187

Experiencias en Manejo de Poblaciones de Arroz en Condiciones de Secano

13	Evaluación y Selección de los Progenitores: Población CG2 de Arroz de Tierras Altas *Orlando P. de Morais, Emilio da M. de Castro, Evaldo P. Sant'Ana y Francisco P. de M. Neto*	201
14	Mejoramiento Poblacional de Arroz de Tierras Altas en Brasil *Emílio da M. de Castro, Orlando P. de Morais, Evaldo P. Sant'Ana, Flávio Breseghello y Francisco P. de M. Neto*	221
15	Mejoramiento Poblacional del Arroz de Sabanas *Yolima Ospina, Marc Chatel y Elcio P. Guimarães*	241
16	CNA-8: Población de Arroz de Tierras Altas bajo Mejoramiento Poblacional para Resistencia a Plagas Iniciales *Evane Ferreira, Flávio Breseghello y Emílio da M. de Castro*	255
17	Mejoramiento Poblacional del Arroz en El Salvador *Ramon E. Servellón*	269
18	Mejoramiento de Arroz en Bolivia: Caracterización de Poblaciones y Uso del Mejoramiento Poblacional *Roger Taboada, René Guzmán y Jaqueline Hurtado*	287

Comentarios Finales

19	Mejoramiento Poblacional del Arroz en América Latina: Dónde Estamos y para Dónde Vamos *Elcio P. Guimarães*	299

Prefacio

En América Latina el mejoramiento poblacional del arroz, mediante la selección recurrente, es una estrategia muy reciente. Se inició en 1984 en Goiânia, Goiás, Brasil, con un proyecto colaborativo desarrollado por *Embrapa Arroz e Feijão*, Brasil, y el *Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement* (CIRAD), Francia. El trabajo inicial se centró en seleccionar los progenitores para formar las diferentes poblaciones que se planeaba crear, y en introducir en ellas el gen de androesterilidad genética originario de un mutante de la variedad IR36. Para completar esa etapa fueron necesarios como mínimo, cinco años de estudios y muchos cruzamientos.

El Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Colombia, reconoció la importancia de esa estrategia para la región, y la consideró como una posibilidad para ampliar la base genética del arroz. Inició entonces sus actividades con la metodología a partir de 1989, cuando comenzó a crear poblaciones con genes de resistencia a la enfermedad piricularia. Desde entonces se ha dedicado a crear nuevas poblaciones con características específicas requeridas por los programas nacionales, ello dentro del marco de un proyecto colaborativo con el CIRAD.

Para motivar a los programas nacionales a trabajar con la metodología, a partir del año 1995 se realizaron cursos y talleres, en los cuales se capacitaron investigadores de casi todos los países de América Latina. La idea básica transmitida a ellos fue que la metodología debe considerarse como una alternativa adicional y complementaria de las estrategias de mejoramiento genético del arroz de los diferentes países.

Con excepción del programa de Embrapa y del proyecto CIAT/CIRAD, los trabajos en mejoramiento poblacional son recientes: los programas nacionales llevan menos de cinco años aplicando esta metodología. A pesar de que los resultados preliminares son halagadores, es aún prematuro utilizar estas informaciones en la evaluación del progreso del mejoramiento poblacional del cereal en América Latina. Los impactos de la metodología en arroz, como ha sucedido en otros cultivos, sólo serán visibles a mediano y largo plazo, pues el principio del trabajo es el incremento gradual y continuo de las frecuencias génicas de los caracteres bajo selección.

En esta publicación se presentan los avances de los programas nacionales en la caracterización y selección de las poblaciones introducidas, y en la creación de nuevas poblaciones mediante introducción de variedades locales. Además, se incluye el manejo que se utiliza o que se planea utilizar para mejorar éstas a través de la selección recurrente.

A los largo de los capítulos se muestra que los programas nacionales han aprovechado las ventajas que ofrece esta metodología, al manejar poblaciones con amplia base genética y con características agronómicas de interés. Todos han utilizado esas poblaciones básicas introducidas como fuente para la obtención y desarrollo de líneas fijas, algunas de las cuales ya están en etapas avanzadas de evaluación de rendimiento.

Con la presentación de los avances de los programas nacionales, esta publicación busca motivar a otros a utilizar la metodología en sus programas de mejoramiento genético del arroz. Además, pretende llamar la atención de agencias internacionales interesadas en apoyar proyectos de manejo y uso de recursos genéticos en arroz, utilizando el mejoramiento poblacional como estrategia de trabajo en América Latina.

La publicación de este libro se hizo posible gracias a la visión del futuro, a la credibilidad y a la confianza en los programas nacionales de la región. Expresamos nuestros agradecimientos a:

- Fundación para la Investigación Agrícola Danac (Fundación Danac-Venezuela).
- *Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuaria* (Embrapa-Brasil).
- *Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement* (CIRAD-Francia).
- Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT-Colombia).
- Programa de Cooperação Científico-Acadêmico Argentina, Brasil e Chile (Vitae).

Elcio Perpétuo Guimarães
Embrapa Arroz e Feijão

Mejoramiento Poblacional: Aspectos Generales

Capítulo 1

Muestreo Genético para Programas de Mejoramiento Poblacional



Isaias O. Geraldi

Isaias O. Geraldi
Claudio L. de Souza Jr.

Profesores del Departamento de Genética,
Escola Superior de Agricultura
«Luiz de Queiroz» (ESALQ),
Universidade de São Paulo (USP),
Caixa Postal 83, 13400-970
Piracicaba, São Paulo, Brasil;
Correo electrónico:
iogerald@carpa.ciagri.usp.br

Contenido

Resumen

Abstract

Introducción

Efecto de Muestreo en las Frecuencias Alélicas

Efecto de Muestreo en las Medias y Varianzas

Efecto del Tamaño Efectivo Reducido en la Respuesta a Selección

Consideraciones Finales

Referencias

Resumen

En los programas de mejoramiento poblacional se utilizan muestras que deben representar la población original. Tales muestras deben garantizar que, en cada generación de muestreo, el tamaño efectivo poblacional (N_e) sea el adecuado para que no ocurran cambios en las frecuencias alélicas y genotípicas. Las estimativas de parámetros como la media, la varianza genética aditiva y la dominante pueden utilizarse como indicadores del tamaño adecuado de muestra, ya que éstas no deben alterarse en generaciones sucesivas de muestreo cuando el tamaño efectivo es adecuado. Mediante las estimativas de esos parámetros en la población de arroz CNA-IRAT 4/0/3 se observó que con un tamaño efectivo de alrededor de 200 esos parámetros oscilan muy poco. Así mismo, las medidas de los intervalos de confianza asociadas a las estimativas de medias y varianzas en las poblaciones de arroz CNA-IRAT A/0/2 y PCT-4\0\0\0 indicaron que el tamaño efectivo adecuado es de alrededor de 200. Es válido anotar que el número de plantas o de familias de la muestra depende del tipo de las mismas, pues ellas corresponden a tamaños efectivos diferentes. Estos resultados sirven para orientar el proceso de muestreo en programas de mantenimiento de germoplasma y de mejoramiento poblacional.

Genetic Sampling for Population Improvement Programs

Abstract

Samples used in population improvement programs must represent the original population. These samples must guarantee that, at each sampling generation, the effective population size (N_e) is adequate for preventing changes in allelic and genotypic frequencies. Parameter estimates such as the mean, and additive and dominant variances can be used as indicators of effective population size, in that these must not change with consecutive generations of sampling, when the effective size is adequate. Estimates of these parameters in the rice population CNA-IRAT 4/0/3 showed that, with an effective population size of about 200, these parameters fluctuate very little. Likewise, the values of confidence interval associated with means and variances in rice populations CNA-IRAT A/0/2 and PCT-4\0\0\0 also showed that the adequate effective population size is about 200. However, the number of plants or families in the sample will depend on the type of family used, because different types have different effective sizes. These results can be used as guidelines for sampling in programs of germplasm maintenance and population improvement.

Introducción

Las poblaciones de plantas se caracterizan por frecuencias alélicas y genotípicas. Debido a factores como costo y espacio, éstas se representan por muestras de las poblaciones de origen. Esto es que las frecuencias alélicas y genotípicas de esas muestras deben ser bien próximas de aquellas de la población original manteniendo, por lo tanto, las mismas propiedades genéticas.

Al empezar es necesario definir el tamaño físico (**N**) y el tamaño genético de una población, conocido como tamaño efectivo ($\mathbf{N_e}$). El tamaño físico corresponde al número total de plantas de una muestra, mientras que el tamaño efectivo corresponde al número de plantas genéticamente diferentes en esa muestra que contribuyen a la formación de la generación siguiente. Si las semillas de una sola planta autofecundada de una población en equilibrio de Hardy-Weinberg, se multiplicaran por diez generaciones sucesivas, se podría obtener una población de, por ejemplo, 5000 plantas. Aunque el tamaño físico de esa población es 5000, el tamaño genético de la misma es igual a uno, pues todas las plantas descienden de una planta de la población original. En otras palabras, esta nueva población tiene poca similitud con la población de origen.

Los cambios en las frecuencias alélicas de una población, debido al tamaño reducido de la muestra, se denominan de oscilación genética. Eso significa que en una muestra pequeña algunos genotipos de la población original pueden no estar presentes y perderse durante el proceso de muestreo. Este problema es grave, en particular, para los alelos cuyas frecuencias son bajas.

Efecto de Muestreo en las Frecuencias Alélicas

Al inicio se considera una población en equilibrio de Hardy-Weinberg que no esté bajo selección, mutación o migración. Luego se considera un locus cualquiera representado por los alelos **B** y **b**, cuyas frecuencias son **p** y **q**, respectivamente. Se asume que se retiran diversas muestras iguales y éstas se comparan entre sí. La oscilación (varianza) de las frecuencias alélicas de estas muestras, según Falconer y Mackay (1996) es igual a:

$$\delta_P^2 = \delta_q^2 = pq/2N_e$$

En consecuencia tenemos que la frecuencia de un determinado alelo en cada muestra es:

$$F(B) = p \pm (pq/2N_e)^{1/2}$$

La oscilación genética es, por lo tanto, inversamente proporcional al tamaño efectivo ($\mathbf{N_e}$); así cuanto mayor sea $\mathbf{N_e}$ menor será la magnitud de δ_P^2. Por lo tanto, cuanto mayor el tamaño de la muestra, mayor es la probabilidad de que las frecuencias alélicas y genotípicas de la muestra estén próximas a las de la población de origen.

Souza Jr. (1995) considera un ejemplo en que las frecuencias de los alelos de la población original son

p = 0.3 y q = 0.7, y de la cual se retiran dos muestras (1 y 2) con tamaños efectivos diferentes: N_{e1} = 1000 plantas y N_{e2} = 5 plantas. Las oscilaciones genéticas respectivas esperadas en estas muestras son: $\delta^2_{p1} = 0.00011$ y $\delta^2_{p2} = 0.02100$. Para un nivel de probabilidad de 99% ($p \pm 3\delta_p$) se obtiene 0.3 ± 0.031 para la primera muestra y 0.3 ± 0.435 para la segunda muestra. Eso indica que en la muestra 1, **p** deberá estar entre los limites 0.269 y 0.331, y en la muestra 2 entre los límites de 0.0 y 0.735. En la muestra 1 el intervalo de confianza es muy pequeño y, por lo tanto, se retiran diversas muestras con tamaño efectivo de 1000, todas ellas presentarán la frecuencia del alelo considerado (**p**) alrededor de 0.3 y muy próximas entre sí. En la muestra 2 el intervalo de confianza es muy grande y se retiran diversas muestras con tamaño efectivo de 5, ellas presentarán las frecuencias del alelo esperado (**p**) entre 0.0 y 0.735 y, por lo tanto, resultan muy diferentes entre sí y en relación a la población de origen. En este caso en algunas muestras, el alelo considerado puede incluso perderse y en otro fijarse. Eso significa también que cada muestra pasa a ser una población diferente, con frecuencias alélicas variando entre 0.0 y 0.735 para el alelo en estudio.

Otro problema que se puede presentar en muestras pequeñas es la endogamia, que es función del cruzamiento de plantas aparentadas. El coeficiente de endogamia (**F**) de una población en una generación **t** es, según Falconer y Mackay (1996) y Souza Jr. (1995):

$$F_t = (1/2N_e) + [1-(1/2N_e)]F_{t-1}$$

Por lo tanto, el coeficiente de endogamia es función inversa del tamaño efectivo poblacional, acumulativo con el decorrer de las generaciones y, en consecuencia, cuanto menor el tamaño efectivo, mayor el nivel de endogamia de la población.

La endogamia causa un efecto denominado de depresión por endogamia (**DE**), que resulta de la disminución de los locus heterocigotos y de la carga genética de las poblaciones. Ese efecto es tanto mayor cuanto mayor sea el efecto de dominancia del carácter. La carga genética, por otro lado, es más común en especies alógamas y corresponde al efecto de alelos letales y deleterios.

Efecto de Muestreo en las Medias y Varianzas

Las poblaciones de plantas también pueden caracterizarse por medias y varianzas. De acuerdo con lo que ya se discutió, un tamaño de muestra ideal es aquel en que las estimativas de estos dos parámetros oscilan poco. Souza Jr. (1995) indica que la media en una generación (μ_t) en función de la media original (μ_o) es:

$$\mu_t = \mu_o - F_t DE$$

donde F_t corresponde al coeficiente de endogamia en la generación **t** y **DE** a la depresión por endogamia. De esta forma, los cambios en las medias de los caracteres debido a la oscilación genética dependen del tamaño efectivo de la muestra y del grado medio de dominancia. Este

grado mide la contribución relativa de los efectos de dominancia en relación a los efectos aditivos en el control del carácter. Así cuanto mayor el tamaño efectivo, menor será el cambio en la media en procesos de muestreo. De la misma manera, cuanto menor el grado medio de dominancia menor será la reducción en la media.

Por otro lado, según este mismo autor las varianzas genéticas aditivas (σ^2_A) y dominante (σ^2_D) en una generación **t** de muestreo son, respectivamente,

$$\sigma^2_{At} = \sigma^2_{Ao}\,[1-(1/2N_e)]^t$$

$$\sigma^2_{Dt} = \sigma^2_{Do}[1-(1/2N_e)]^{2t}$$

Así es que estos tres parámetros, media, varianza genética aditiva y dominante, se reducen con el correr de las generaciones en función del tamaño reducido de la muestra. La reducción de la media depende del grado medio de dominancia del carácter, contrario de las reducciones en las varianzas genéticas. De otro lado, la reducción de la varianza genética dominante se presenta más acentuada que la varianza genética aditiva pues el componente reductor $[1-(1/2N_e)]$ es elevado a **2t**, mientras que el de la varianza aditiva es elevado a **t**. Así, los cambios en las varianzas, contrario a las alteraciones en las medias, son independientes del grado de dominancia del carácter, y dependen solamente del tamaño efectivo de la muestra y del número de generaciones de muestreo (Souza Jr., 1995).

En el Cuadro 1 se presentan las estimativas para la población original de la media (μ_o), de la depresión por endogamia (**DE**), y de las varianzas genéticas aditiva (σ^2_{Ao}), y dominante (σ^2_{Do}), y fenotípica entre medias de familias (σ^2_F). Estas estimativas caracterizan la población de origen CNA-IRAT 4/0/3 y, es obvio, son funciones de las frecuencias alélicas de la misma. Considere que por 10 generaciones consecutivas de mantenimiento se retiraron muestras con tamaños efectivos de 5, 25, 50,

Cuadro 1. Estimativas de la media de la población original (μ_o), depresión por endogamia (DE), varianza genética aditiva (σ^2_{Ao}) y dominante (σ^2_{Do}), y varianza fenotípica entre medias de familias (σ^2_F) del rendimiento de granos en la población de arroz CNA-IRAT 4/0/3[1].

Parámetro	Estimativa[2]
μ_o	18.25
DE	7.60
σ^2_{Ao}	2.92
σ^2_{Do}	2.24
σ^2_F	2.76

1. Datos estimados a partir de Morais *et al.* (1997).
2. Datos en g/planta.

75, 100 y 200. Con base en las expresiones anteriores se obtuvieron estimativas de μ_t, σ^2_{At} y σ^2_{Dt}, donde **t** es el número de generaciones de muestreo. Los resultados se expresaron en porcentaje de las estimativas de la población de origen para cada parámetro (Figuras 1, 2 y 3).

En las figuras se observa que los efectos de la oscilación son acumulativos. Esto es que se acentúan con el transcurso de las generaciones, en particular, cuando los tamaños efectivos son bajos. Los tres parámetros muestran con claridad que la varianza genética dominante es la que más se afecta por la oscilación genética y que la media es la menos afectada. Así, por ejemplo, para el tamaño efectivo más bajo (5) las estimativas de la media, varianza genética aditiva y varianza genética dominante corresponden respectivamente a 95.8%, 90.0%, y 81.0% en la primera generación del muestreo (t = 1); y a 72.8%, 34.9%, y 12.1% en la décima generación del

Figura 1. Cambios esperados en la media del rendimiento de granos (% μ_o) en arroz para diversos tamaños efectivos poblacionales (N_e) en diez generaciones de muestreo.

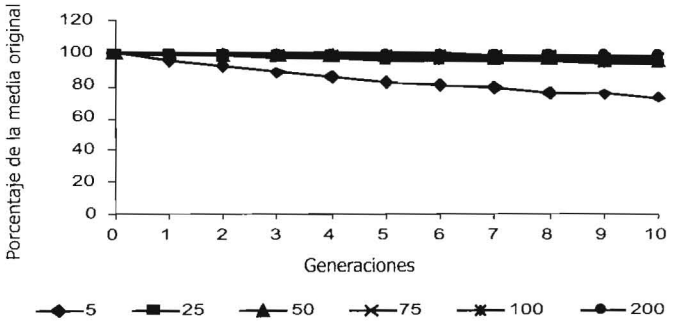


Figura 2. Cambios esperados en la varianza genética aditiva del rendimiento de granos (% σ^2_{Ao}) en arroz para diversos tamaños efectivos poblacionales (N_e) en diez generaciones de muestreo.

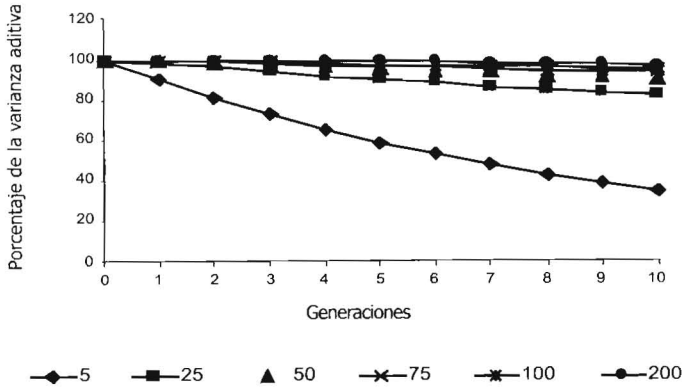
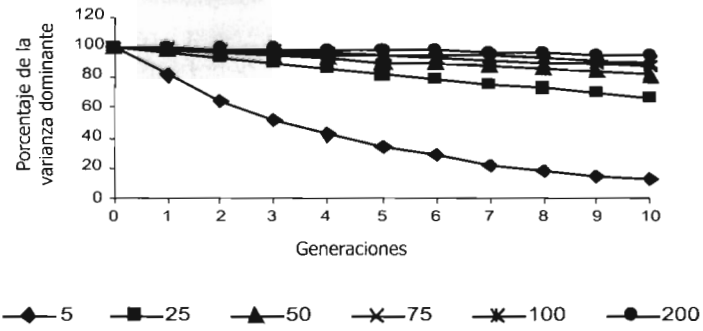


Figura 3. Cambios esperados en la varianza genética dominante del rendimiento de granos (%σ^2_{Do}) en arroz para diversos tamaños efectivos poblacionales (N_e) en diez generaciones de muestreo.



muestreo (t = 10) en relación a la población original. Cinco es un tamaño efectivo muy bajo pues la varianza genética dominante en la décima generación es un poco mayor que el 10% de aquella de la población de origen. Esta población obviamente difiere mucho de la población original de donde se obtuvo la muestra.

Es evidente que cuanto mayor es el tamaño de la población en los muestreos sucesivos, menor es el efecto de la oscilación genética. Para N_e= 100 las proporciones relativas de los tres parámetros, después de la décima generación de muestreo, son de 97.3%, 95.1%, y 90.4%, respectivamente para la media, varianza genética aditiva y varianza genética dominante, mientras que para N_e= 200, tales proporciones son 99.0%, 97.5%, y 95.1%, respectivamente y, por lo tanto, muy próximas a las estimativas de la población original. Souza Jr. (1995) obtuvo resultados similares para maíz. Considerando que para N_e= 200 tales estimativas están muy próximas de aquellos de la población original y que éstas son función de las frecuencias alélicas, se puede decir que las propiedades genéticas de la población original se van a mantener con un tamaño efectivo de alrededor de 200. Es lógico que los tamaños efectivos mayores son mejores pero muchas veces éstos no son viables desde el punto de vista práctico.

Otra forma de determinar el tamaño adecuado de muestras es a través de los intervalos de confianza de las estimativas de varianzas, heredabilidades, etc. De acuerdo con este proceso, la muestra mínima ideal es aquella a partir de la cual los intervalos de confianza se estabilizan pues a partir de allí las estimativas siempre están próximos del mismo valor. Badan *et al.* (1998) calcularon los intervalos de confianza de las estimativas de medias y varianzas fenotípicas en dos poblaciones de arroz para los caracteres altura de plantas, días para floración, número de macollas, número de panículas y peso de 100 granos de muestras que

variaron de 25 a 400 plantas, con variación de 25 plantas entre las muestras. El intervalo de confianza de las medias se estabilizó para muestras de alrededor de 100 plantas para los diferentes caracteres. El intervalo de confianza de la varianza fenotípica, sin embargo, se estabilizó para muestras de alrededor de 200 plantas para la mayoría de los caracteres.

Lima Neto (1994) utilizando familias de medio-hermanos en maíz verificó que el intervalo de confianza de la estimativa de la varianza genética entre familias para el rendimiento de granos se estabilizó para N = 75 familias. Como cada familia de medio-hermanos corresponde a un tamaño efectivo de 4 se obtiene, por lo tanto, un tamaño efectivo de 300. Pinto (1996) en un estudio similar con familias S_1 en maíz verificó, para diferentes caracteres, incluyendo el rendimiento de granos, que el intervalo de confianza para el cálculo de la varianza genética entre familias se estabilizó con muestras de alrededor de 175 familias. Como cada familia S_1 corresponde a un tamaño efectivo de uno, 175 familias son suficientes para representar las poblaciones en muestreos sucesivos.

Todos estos resultados indican, por lo tanto, que para mantener poblaciones se debe utilizar un tamaño efectivo de por lo menos 200 para que las muestras de la población original mantengan sus propiedades genéticas.

Efecto del Tamaño Efectivo Reducido en la Respuesta a Selección

La reproducción diferencial de genotipos debido a la selección induce a cambios en las frecuencias alélicas y, en consecuencia, en las medias de las poblaciones. La respuesta a la selección (**Rs**) en programas de mejoramiento poblacional, está dada por la expresión descrita por Falconer y Mackay (1996) como:

$$Rs = \frac{i\,c}{\sigma_F}\,\sigma^2_A \qquad (1)$$

En tal expresión, **i** es el diferencial de selección estandarizado; **c**, el control parental que depende del método de selección; σ^2_A, la varianza genética aditiva y σ_F, la desviación fenotípica de la unidad de selección.

En la derivación de la expresión de la respuesta a la selección se considera que el tamaño efectivo poblacional es infinito. Por lo tanto, en programas de mejoramiento poblacional el número de genotipos seleccionados es muchas veces pequeño (altas intensidades de selección) y son los que, después de la recombinación, originarán la población mejorada. Como ya se discutió, ello puede causar problemas de oscilación genética. Souza Jr. *et al.* (s.f.) indicaron que la respuesta a la selección, considerando el tamaño efectivo, está dada por:

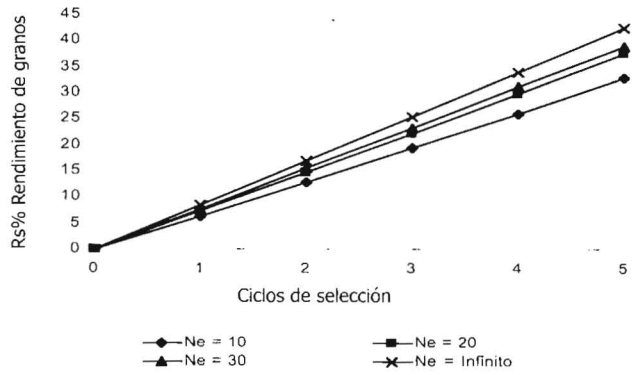
$$Rs = \frac{i\,c}{\sigma_F}(\sigma^2_A + \Delta FD_1) - \Delta FDE \qquad (2)$$

donde ΔF es la alteración en el coeficiente de endogamia; $\mathbf{D_1}$, la covarianza entre los efectos aditivos y dominantes de los homocigotos; y **DE**, la depresión por endogamia. De esa manera se presentan dos nuevos componentes que pueden reducir la respuesta a la selección dado que $\mathbf{D}_1$ siendo una covarianza, puede ser negativa, nula o positiva. La depresión por endogamia, por otro lado, está más acentuada en especies alógamas pero también puede ocurrir en especies autógamas. En el ejemplo anotado (Morais *et al.*, 1997) puede verificarse que la depresión por endogamia, para el rendimiento de granos en arroz fue de 7.60 g por planta, lo que corresponde a 41.6% de la media de la población original.

Consideremos un esquema de mejoramiento poblacional mediante la selección recurrente en que se evalúan familias de medio-hermanos y se recombinan familias S_1. Con base en las estimativas del Cuadro 1 se obtuvieron respuestas esperadas a la selección para el rendimiento de granos en arroz, considerando diversos tamaños efectivos, y una intensidad de selección constante de 10% (i = 1.755) utilizando la expresión 1 (N_e infinito) y la expresión 2 (N_e finito). En la obtención de la respuesta a la selección utilizando la expresión 2 se consideró $D_1 = 0$ pues no se disponía de una estimativa de la misma. Los resultados para cinco ciclos de selección se presentan en la Figura 4 donde se observan N_e = 10, 20, 30 y ∞ que corresponden a la recombinación de 10, 20, 30 y ∞ familias, respectivamente.

El análisis de la Figura 4 indica claramente el efecto perjudicial de la depresión por endogamia en la respuesta a la selección. Con un ciclo de selección se obtiene que la respuesta a la selección aumenta de 6.36% a 7.40% con el aumento en el número de familias S_1 recombinadas de 10 para 20, o sea, un incremento de 16.4%. Con el tamaño efectivo mayor (en teoría ∞) se observa una

Figura 4. Respuestas esperadas (Rs %) con cinco ciclos de selección de familias de medio-hermanos del rendimiento de granos de arroz, considerando una intensidad de selección de 10% y diversos tamaños efectivos poblacionales (N_e).



respuesta a la selección de 8.43% en el primer ciclo de selección, o sea, un incremento de 32.5% en relación al de N_e= 10. Cuando se considera la respuesta acumulada con cinco ciclos de selección, se observa un progreso de 32.8% para N_e= 10; 37.3% para N_e= 20; 38.8% para N_e= 30 y 42.2% para N_e= infinito. Eso indica con claridad el efecto perjudicial en la respuesta a la selección cuando se recombina un número pequeño de familias (S_1 en el ejemplo). Considerando el método y la intensidad de selección de este ejemplo, se concluye que el número de familias evaluado debe ser el mayor posible para minimizar la depresión por endogamia causada por la recombinación de un número pequeño de familias.

Consideraciones Finales

Los resultados obtenidos por los diferentes procesos indican que el tamaño de muestra ideal para preservar las propiedades genéticas de una población corresponde a un tamaño efectivo poblacional mínimo de 200. Ello significa que con este tamaño efectivo se van a mantener las propiedades genéticas de las poblaciones. Esa información es relevante para el mantenimiento de muestras en bancos de germoplasma y para el muestreo de poblaciones en programas de mejoramiento poblacional mediante selección recurrente.

Es válido recordar que el tamaño físico de la muestra depende del tipo de material genético utilizado. Un tamaño efectivo de 200 corresponde a 200 plantas al azar ó 200 familias S_1, ya que en estos casos el tamaño efectivo de una planta o familia es igual a 1. Este mismo tamaño efectivo se obtiene con solo 50 familias de medio-hermanos o con 100 familias de hermanos germanos, pues una familia del primer tipo tiene un tamaño efectivo de 4 y una de hermanos germanos tiene un tamaño efectivo de 2.

Si se mantiene el tamaño efectivo adecuado, se asegura que las poblaciones guarden las propiedades genéticas expresadas por las frecuencias alélicas y genotípicas. En programas de mejoramiento poblacional aún se recombina muchas veces un número pequeño de familias para obtener genotipos superiores a corto plazo. En estos casos, es fudamental tener en cuenta que la población derivada de esa recombinación no más representa la población inicial, y que se utiliza solamente para la selección y fijación de algunos genotipos superiores. Pereira (1980) recomienda que se mantengan tamaños efectivos mínimos entre 25 y 50 dependiendo del tipo de población utilizada. Morais (1997) también sugiere tamaños efectivos mínimos de 50 en programas de mejoramiento poblacional mediante selección recurrente.

Es importante considerar tales aspectos en la planeación de los programas de mejoramiento, esto es, elaborar programas con objetivos a corto, mediano y largo plazo. De esta manera se pueden seleccionar

genotipos superiores a corto plazo, al mismo tiempo que se mantiene variabilidad para progresos a mediano y largo plazo, utilizando tamaños efectivos poblacionales elevados a través de la manipulación de la intensidad de selección y/o del tipo de familia que se va utilizar para recombinación.

Referencias

Badan, A. C.; Geraldi, I. O.; Guimarães, E. P.; y Ospina-Rey, Y. 1998. Estimativa do tamanho efetivo de amostra ideal para caracterizar uma população de arroz para as características peso de panículas e peso de 100 grãos. Genetics and Molecular Biology. 21:246.

Falconer, D. S. y Mackay, T. F. C. 1996. Introduction to Quantitative Genetics. Longman Scientifical & Technical, New York. 464 p.

Lima Neto, F. P. 1994. Tamanhos de amostras para a estimação de parâmetros genéticos em milho. Tesis, M. Sc. Escola Superior de Agricultura «Luiz de Queiroz», Universidade de São Paulo, Piracicaba, Brasil. 81 p.

Morais, O. P. de. 1997. Tamaño efectivo de la población. En: Guimarães, E. P. (ed.). Selección recurrente en arroz. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. p. 25-44.

Morais, O. P. de; Silva, J. C.; Cruz, C. D.; Regazzi, A. J.; y Neves, P. de C. F. 1997. Estimação de parâmetros genéticos da população de arroz irrigado CNA-IRAT 4/0/3. Pesq. Agropec. Bras. 32(4):421-433.

Pereira, M. B. 1980. Progresso imediato e fixação de genes em um método de seleção. Tesis, M. Sc. Escola Superior de Agricultura «Luiz de Queiroz», Universidade de São Paulo, Piracicaba, Brasil. 125 p.

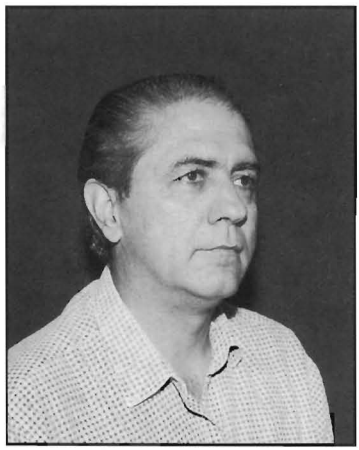
Pinto, R. M. C. 1996. Tamanho da amostra para seleção recorrente com progênies em milho. Tesis, M. Sc. Escola Superior de Agricultura «Luiz de Queiroz», Universidade de São Paulo, Piracicaba, Brasil. 92 p.

Souza Jr., C. L. 1995. Manutenção de coleções de bancos de germoplasmas. Publicação Didática. Escola Superior de Agricultura «Luiz de Queiroz», Universidade de São Paulo, Piracicaba, Brasil. 25 p.

Souza Jr.; C. L.; Geraldi, I. O.; y Vencovsky, R. s. f. Response to recurrent selection under small effective population size. (Aceptado para publicación en Genetics and Molecular Biology).

Capítulo 2

Evaluación de Ganancias Observadas en Selección Recurrente



Orlando P. de Morais

Orlando P. de Morais
Francisco J. P. Zimmermann
Paulo Hideo N. Rangel

Investigadores de Embrapa Arroz e Feijão
Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA),
Caixa Postal 179, 75375-000
Santo Antônio de Goiás, Goiás, Brasil;
Correo electrónico:
peixoto@cnpaf.embrapa.br

Contenido

Resumen

Abstract

Introducción

Desarrollo de los Métodos

- Método de Vencovsky
- Método de las medias ajustadas

Ejemplo Numérico

- Método de Vencovsky
- Método de las medias ajustadas

Consideraciones Finales

Referencias

Resumen

La selección recurrente se utiliza de manera rutinaria en los programas de mejoramiento genético de arroz en Brasil. Los fitomejoradores han evaluado las ganancias que ofrece el programa a lo largo de un determinado período, con base en ello se lleva a cabo un análisis crítico de la eficiencia de los procedimientos adoptados, incluyendo las metodologías de estimación de las ganancias esperadas. En este capítulo se propone una adaptación de los métodos de Vencovsky y de las medias ajustadas para el caso específico de selección recurrente, donde los tratamientos testigos sólo se conservan como tratamientos comunes entre los ciclos de selección. Se incluyen detalles de la estimación de ganancias entre ciclos sucesivos y de la matriz de covarianza entre los mismos, así como el procedimiento de cálculo de la ganancia media y sus respectivas desviaciones estándar, empleando los dos métodos. Así mismo, se analiza paso a paso un ejemplo numérico real, que facilita el entendimiento de las particularidades de los métodos y la interpretación de los resultados que produce.

Evaluation of Observed Gains in Recurrent Selection

Abstract

Recurrent selection is routinely used in rice breeding programs in Brazil. Breeders have evaluated the gain obtained over time and on that basis it has been carried out a critical analysis of efficiency of these procedures, including the methodologies used for the estimation of the expected gains. In this chapter it is proposed an adaptation of the Vencovski method as well as of the adjusted mean procedure to be used specifically in recurrent selection where control treatments are kept as common treatments in between selection cycles. Details related to the estimation of gains between successive cycles, the estimated covariance matrix among them, as well as the procedures to calculate the average gain and respective standard deviations using both methods are also described. Additionally, a step by step actual numerical example is analyzed to facilitate the understanding of the peculiarities inherent to each method and the consequent result interpretations.

Introducción

El Programa de Mejoramiento Genético del Arroz (PMGA)—que en la actualidad desarrolla en Brasil la Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa)— se concentra en un esquema cíclico característico de los programas de mejoramiento poblacional mediante la selección recurrente. Morais y Rangel (1997) justificaron esa estrategia con la necesidad de garantizar de manera sistemática y continua la obtención de ganancias genéticas, en particular, para el rendimiento de granos, además de considerar otras características de interés como calidad de grano, resistencia a enfermedades y plagas, entre otras.

Como rutina, en cada ciclo de selección, se han utilizado las metodologías clásicas de estimación de ganancias esperadas. Estas se encuentran disponibles en varios libros, de los cuales, entre los más utilizados por los fitomejoradores figuran Falconer (1981), Hallauer y Miranda Filho (1981), Fehr (1987), Cruz y Regazzi (1984), Paterniani y Viegas (1987), y Ramalho *et al.* (1993).

Además de estimar las ganancias esperadas, los fitomejoradores deben evaluar y estimar las ganancias observadas proporcionadas por los programas a lo largo de un determinado período. Ello permite realizar un análisis crítico de la eficiencia de los procedimientos utilizados, incluyendo las metodologías de estimación de las ganancias esperadas, y también planear acciones correctivas, si son necesarias, para los períodos que siguen.

La evaluación de las ganancias observadas puede implementarse de dos maneras:

- Comparando el comportamiento de muestras de las poblaciones mejoradas relativas a cada ciclo de selección, por medio del análisis de resultados de ensayos realizados en la región de interés y programados de manera específica para ese objetivo.
- Comparando los resultados medios de los ensayos de evaluación del comportamiento de los individuos que pueden seleccionarse en cada ciclo de mejoramiento.

En el primer caso es necesario conservar las muestras de las poblaciones de cada uno de los ciclos de selección y, además, conducir una red de ensayos en varias localidades, durante por lo menos dos años, utilizando recursos que podrían invertirse en la ampliación del programa y que proporcionarían progresos más significativos. En el segundo caso, sólo es necesario realizar ensayos regionales de evaluación de los individuos candidatos a unidades de recombinación; conservar tratamientos comunes, preferiblemente los testigos, entre los diferentes ciclos, para garantizar los medios para la corrección de los efectos de años y, de esa manera, comparar las medias de los grupos de individuos de los diferentes ciclos. No hay duda de que los ensayos, en este

caso, se vuelven ligeramente mayores que aquellos necesarios sólo para la etapa de evaluación de cada ciclo. Sin embargo, la utilización de tratamientos comunes a los ensayos de diferentes ciclos, permite la adopción de procedimientos que se consideran eficientes al realizarlos, en cualquier momento, para la evaluación de la eficiencia del programa. Es obvio que persiste aún la necesidad de archivar y conservar de manera conveniente los datos experimentales para el trabajo. En este caso, se pueden utilizar tres metodologías: el método de los testigos, el de Vencovsky y el de las medias ajustadas de acuerdo con Breseghello (1995).

En el método de los testigos, la ganancia media se estima por la diferencia de los coeficientes angulares relativos a las evoluciones de las medias de los testigos, y de las medias de las poblaciones (diferentes ciclos) a lo largo del período en estudio. Soares (1992) presenta detalles de ese método. En este capítulo se discute la adaptación de los métodos de Vencovsky y de las medias ajustadas a la situación típica de selección recurrente. Estos dos métodos han proporcionado resultados más consistentes que el de los testigos (Breseghello, 1995; Breseghello *et al.*, 1998).

Desarrollo de los Métodos

Para entender más fácilmente la metodología, se describen los detalles de los dos procedimientos —adaptados a la situación de un programa de selección recurrente— luego del estudio de algunas particularidades de los análisis de varianza conjunto con los ensayos que deben considerarse en el trabajo.

En los programas de selección recurrente, en general, los ensayos regionales de evaluación contienen centenares de tratamientos y, los diseños experimentales empleados son del tipo de bloques incompletos con pocas repeticiones por localidades. Entre los fitomejoradores de arroz de Brasil, por ejemplo, el uso de los bloques aumentados de Federer (BAF) es ya una rutina y, en este caso, no hay repeticiones por ensayo, para las unidades de evaluación. Sólo se repiten los testigos en un número de veces correspondiente al número de bloques. Así, cuando se pierde una parcela de una unidad de evaluación, se pierde el tratamiento en aquella localidad. De todas maneras, es común, en una red de ensayos grandes como los de selección recurrente, tener por lo menos un tratamiento ausente en una o más localidades, lo mismo que cuando se utiliza más de una repetición por localidad. La consecuencia de ello es que, en general, las medias ajustadas de los tratamientos se vuelven funciones no estimables cuando se incluye en el modelo la interacción tratamiento por localidad, lo mismo que cuando el análisis conjunto se efectúa al año (o al nivel de cada ciclo en particular). Searle (1971) incluye detalles sobre esas funciones. En el análisis conjunto que involucra varios ciclos, este aspecto también está más presente porque el número de localidades, con

frecuencia, varía entre los años. Esto es que difícilmente se mantienen las mismas localidades durante todo los años. Es aún más evidente que la interacción de tratamiento por año (o ciclo) tampoco puede incluirse en el modelo, debido a que la gran mayoría de los tratamientos no son comunes en cualquier par de años o ciclos. En general, sólo los testigos presentan tratamientos comunes.

Por todo esto, en el desarrollo de los dos métodos propuestos se utilizan modelos estadísticos más simplificados, sin la participación de las interacciones de tratamientos con localidades, con años, con localidades con años o con localidades dentro de año. Todas esas fuentes de variación se consideran irrelevantes y se incluyen en los efectos aleatorios componentes de los errores experimentales.

Otra aspecto que es válido mencionar es que las medias ajustadas presentan grados variables de covarianza, es decir que no son ortogonales entre sí. En función de ello, en todas las operaciones en que se involucran esas medias es necesario considerar la respectiva matriz de covarianza.

Método de Vencovsky

De acuerdo con este método, inicialmente propuesto por Vencovsky *et al.* (1986) para evaluar el progreso de los programas de mejoramiento de maíz en Brasil, durante el periodo de 1963/64 a 1983/84, las ganancias genéticas observadas pueden estimarse por el contraste entre las medias de las familias evaluadas de los pares de ciclos consecutivos, corrigiendo el efecto de año por la variación entre las medias de los testigos comunes a los dos ciclos de evaluación. Suponiendo que los ciclos consecutivos son **k** y **k+1**, se tiene que:

$$\hat{G}_{k,k+1} = (\overline{F}_{k+1} - \overline{F}_{k}) - (\overline{T}_{k+1,k} - \overline{T}_{k,k+1})$$

donde:

$\hat{G}_{k,k+1}$: es la ganancia genética entre los ciclos k y k+1.

$\overline{F}_{k+1}$ y $\overline{F}_{k}$: son las medias de las familias de los ciclos k+1 y k, respectivamente.

$\overline{T}_{k+1,k}$ y $\overline{T}_{k,k+1}$: son las medias, respectivamente, en los ciclos k+1 y k, de los testigos comunes al par de ciclos de selección.

En los análisis conjuntos de los ensayos por ciclo es conveniente establecer los siguientes agrupamientos (g = grupo) de tratamientos (trat), considerando cuáles **t** testigos se utilizaron durante los ciclos de selección:

g = 1, se trat = testigo 1.
g = 2, se trat = testigo 2.
⋮
g = t, se trat = t-eximo testigo.
g = t+1, para todo el conjunto de familias del ciclo 1.
g = t+2, para todo el conjunto de familias del ciclo 2.
⋮
g = t+n, para todo el conjunto de familias del ciclo n.

Si un testigo no ha sido utilizado en un determinado ciclo, su grupo (unitario) no se considera en el análisis conjunto de ese ciclo, pero se aconseja que todos los demás agrupamientos no se modifiquen. La composición de la columna 'fuente de variación' del cuadro de análisis de varianza será: localidad, bloque (localidad), g y trat(g). Así se obtiene, por ciclo, el vector de medias $\mathbf{Y}_k$ de los grupos ajustada para el efecto de localidad, de bloques dentro de localidades y de familias dentro de grupo.

Cálculo de las ganancias por ciclo. Para calcular esas ganancias se requieren las medias ajustadas de grupos y las respectivas matrices de covarianzas.

Obtención de las estimativas. Se considera el par de ciclos de selección **k** y **k+1**, donde las unidades de evaluación pueden ser, por ejemplo, familias derivadas de la población. Como se observó antes, se tiene que:

$$\hat{G}_{k,k+1} = (\bar{F}_{k+1} - \bar{F}_k) - (\bar{T}_{k+1,k} - \bar{T}_{k,k+1})$$

ó

$$\hat{G}_{k,k+1} = (\bar{F}_{k+1} - \bar{T}_{k+1,k}) - (\bar{F}_k - \bar{T}_{k,k+1})$$

Al tomar $\mathbf{Y}_k$ y $\mathbf{Y}_{k+1}$, respectivamente, los vectores de las medias ajustadas de grupos en los ciclos **k** y **k+1**; y, además, construir los vectores $\mathbf{A}_{k,\,k+1}$ y $\mathbf{A}_{k+1,\,k}$ (Cuadro 1) se tiene que:

$$\bar{F}_{k+1} - \bar{T}_{k+1,k} = A'_{k+1,k}\,\hat{Y}_{k+1}$$

y

$$\bar{F}_k - \bar{T}_{k,k+1} = A'_{k,k+1}\,\hat{Y}_k$$

Por lo tanto:

$$\hat{G}_{k,k+1} = A'_{k+1,k}\,\hat{Y}_{k+1} - A'_{k,k+1}\,\hat{Y}_k$$

En el Cuadro 1, el símbolo **'+'** indica que la media del grupo es el elemento vector de media **Y** correspondiente. En este ejemplo, se utilizaron cinco testigos (T) en el período considerado, pero sólo tres, en el ciclo **k** y cuatro en el **k+1**, con sólo dos comunes, $\mathbf{T}_2$ y $\mathbf{T}_4$.

Cuadro 1. Vectores de medias y de coeficientes para la obtención de las estimativas de la ganancia entre los años k y k+1.

Grupo	Vector			
	Y_k	$A_{k,\,k+1}$	$A_{k+1,\,k}$	Y_{k+1}
1 (T_1)	+	0		
2 (T_2)	+	-1/2	-1/2	+
3 (T_3)			0	+
4 (T_4)	+	-1/2	-1/2	+
5 (T_5)			0	+
.	.	.	.	.
.	.	.	.	.
.	.	.	.	.
K+5	+	1		
K+6			1	+

Así, el vector de medias ajustadas del ciclo **k** contiene las medias de los grupos 1 (T_1), 2 (T_2), 4 (T_4) y k+5 (grupo de familias del ciclo **k**) y a él estaría asociado el vector correspondiente $A'_{k+1,k} = [0\ -1/2\ -1/2\ 1]$. El vector Y_{k+1} va a contener las medias de los grupos 2 (T_2), 3 (T_3), 4 (T_4), 5 (T_5) y k+6 (grupo de familias del ciclo **k+1**), al cual estaría asociado el vector $A'_{k+1,k} = [\ -1/2\ 0\ -1/2\ 0\ 1]$. La estructura de $A'_{k+1,\,k+2}$, aunque también asociada a $\mathbf{Y_{k+1}}$, dependerá del número de testigos de ese vector común a los ciclos **k+1** y **k+2**.

Obtención de la estimativa de varianza asociada a la ganancia $G_{k,k+1}$.

$\hat{V}(\hat{G}_{k,k+1}) = \hat{V}(A'_{k+1,k}\hat{Y}_{k+1}) + \hat{V}(A'_{k,k+1}\hat{Y}_k)$ ya que $\mathbf{Y_k}$ y $\mathbf{Y_{k+1}}$ son independientes considerando el efecto del testigo como factor fijo. Luego:

$$\hat{V}(\hat{G}_{k,k+1}) = A'_{k+1,k}\,\hat{V}(\hat{Y}_{k+1})\,A_{k+1,k} + A'_{k,k+1}\,\hat{V}(\hat{Y}_k)\,A_{k,k+1}$$

Si se utiliza el procedimiento estadístico 'PROC.GLM' del SAS, $\hat{V}(\hat{Y}_{k+1})$ y $\hat{V}(\hat{Y}_k)$ constituyen salidas ('output') posibles, siempre que se solicite al programa de manera conveniente.*

La varianza de la ganancia

$$\hat{G}_{k+1,\,k+2} = A'_{k+2,\,k+1}\hat{Y}_{k+2} - A'_{k+1,\,k+2}\hat{Y}_{k+1}$$

por analogía, sería:

$$\hat{V}(\hat{G}_{k+1,k+2}) = A'_{k+2,\,k+1}\,\hat{V}(\hat{Y}_{k+2})\,A_{k+2,\,k+1} + A'_{k+1,\,k+2}\,\hat{V}(\hat{Y}_{k+1})\,A_{k+1,\,k+2}$$

Se observa que $\hat{V}(\hat{Y}_{k+1})$ es el único elemento común entre $\hat{V}(\hat{G}_{k+1,k+2})$ y $\hat{V}(\hat{G}_{k,k+1})$, que deben presentar diferencias significativas entre sí, dependiendo de la magnitud de los otros componentes de estas varianzas. Además de heterocedásticos, que presentan varianzas no uniformes, se comprueba que $\mathbf{G_{k,\,k+1}}$ y $\mathbf{G_{k+1,\,k+2}}$ son interdependientes, es decir, no son ortogonales entre sí.

---

* Para la obtención de la matriz de covarianza entre las medias ajustadas (COV) se debe utilizar la opción 'out' después de la frase 'lsmeans'. Esa opción asigna un nombre al conjunto de datos de salida ('output data set') suponiendo que, en este caso, se trate de la COV. De esta manera, al designar la matriz de covarianza de 'nmc' (nombre de la matriz de covarianza), por ejemplo, se debe escribir la siguiente frase después del establecimiento del 'model', para obtener las medias ajustadas de grupo (g) y sus respectivas matrices de covarianzas: 'lsmeans g/out=nmc cov; proc print data=nmc'.

El complemento 'proc print data=nmc' es necesario para la impresión en la pantalla de la COV, denominada, opcionalmente por 'nmc'. Para obtener éxito con la utilización del 'out', sólo debe especificarse un efecto en el 'lsmeans'. Así, para obtener la covarianza entre las medias de grupo, se debe especificar 'lsmeans' sólo para este efecto evitando otros, como por ejemplo, familias/grupo.

Al observar las expresiones de $\mathbf{G_{k,\,k+1}}$ y $\mathbf{G_{k+1,\,k+2}}$ se observa que el único factor de interdependencia entre las mismas es $\mathbf{Y_{k+1}}$. Por lo tanto, es posible concluir que la covarianza entre $\mathbf{G_{k,\,k+1}}$ y $\mathbf{G_{k+1,\,k+2}}$ está dada por:

$$\hat{COV}\,(\hat{G}_{k,k+1},\ \hat{G}_{k+1,\,k+2}) = A'_{k+1,\,k}\,\hat{V}\,(\hat{Y}_{k+1})\,A_{k+1,\,k+2}$$

Del análisis de las expresiones:

$$\hat{G}_{k,k+1} = A'_{k+1,\,k}\,\hat{Y}_{k+1} - A'_{k,\,k+1}\,\hat{Y}_{k} \quad \text{y}$$

$$\hat{G}_{k+s,\,k+s+1} = A'_{k+s+1,\,k+s}\,\hat{Y}_{k+s+1} - A'_{k+s,\,k+s+1}\,\hat{Y}_{k+s}$$

se observa que todas las veces en que s>1, ciclos no consecutivos, las ganancias se vuelven ortogonales, o sea, con covarianza nula, aunque con varianzas distintas.

La matriz de covarianza de ganancias entre ciclos consecutivos tendrá, en consecuencia, la siguiente estructura, considerando un total de *n* ciclos:

$$V(G) = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} & 0 & 0 & \dots & 0 & 0 \\ C_{21} & C_{22} & C_{23} & 0 & \dots & 0 & 0 \\ 0 & C_{32} & C_{33} & C_{34} & \dots & 0 & 0 \\ 0 & 0 & C_{43} & C_{44} & \dots & 0 & 0 \\ . & . & . & . & & . & . \\ . & . & . & . & & . & . \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \dots & C_{n-2,n-2} & C_{(n-2)(n-1)} \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \dots & C_{(n-1)(n-2)} & C_{n-1,n-1} \end{bmatrix}$$

Ganancia media. Considere las siguientes expresiones, involucrando μ_g (ganancia media):

$$\begin{aligned} G_{12} &= \mu_g + \delta_{12} \\ G_{23} &= \mu_g + \delta_{23} \\ G_{34} &= \mu_g + \delta_{34} \\ &\vdots \\ G_{(n-1)n} &= \mu_g + \delta_{(n-1)n} \end{aligned} \Rightarrow \begin{bmatrix} G_{12} \\ G_{23} \\ G_{34} \\ . \\ . \\ . \\ G_{(n-1)n} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1 \\ 1 \\ 1 \\ . \\ . \\ . \\ 1 \end{bmatrix} \mu_g + \begin{bmatrix} \delta_{12} \\ \delta_{23} \\ \delta_{34} \\ . \\ . \\ . \\ \delta_{(n-1)n} \end{bmatrix}$$

Se desea estimar μ_g, de tal manera que las desviaciones tengan media nula. Como $\mathbf{G_{k,k+1}}$ son heterocedasticos y, cuando se consideran ganancias que se suceden, no ortogonales, se concluye que el vector de las desviaciones experimentales asociados a las ganancias observadas debe tener distribución no independiente, con media cero y varianza $V(\delta) = V(G) = D\sigma^2$, en la cual **D** es una matriz real, simétrica y positiva definida. Ante esta situación, μ_g se debe estimar con el método de los cuadrados mínimos generalizados (Hoffmann y Vieira, 1987), o sea, por la fórmula:

$$\hat{\mu}_g = \left(X'V^{-1}X\right)^{-1} X'V^{-1}\hat{G}$$

donde $V = \hat{V}(\hat{G})$; X: matriz (n-1) x 1 de 1's; y $\hat{G}$:vector de ganancias observadas entre ciclos sucesivos. La varianza de la ganancia media puede obtenerse por:

$$\hat{V}\left(\hat{\mu}_g\right) = \left(X'V^{-1}X\right)^{-1}$$

Método de las medias ajustadas

Las ganancias genéticas obtenidas en los diferentes ciclos de selección recurrente, también pueden obtenerse por el método de las medias ajustadas (Breseghello *et al.*, 1998). En este caso, además, puede ser simplificado pues no existe

la unidad de evaluación común entre los ciclos consecutivos, a no ser los tratamientos de testigos. En este método el análisis conjunto, que involucra los ensayos de todos los **n** ciclos de selección bajo evaluación, debe implementarse agrupándose los diferentes tratamientos en **n+1** grupos: uno para los testigos y uno para cada conjunto de unidades de evaluación, excluidos los testigos, de los **n** ciclos. El modelo que se va a adoptar debe ser:

$$Y_{ijmlk} = a_k + (\ell/a)_{lk} + (b/\ell/a)_{mlk} + g_j + t(g)_{ij} + e_{ijmlk}$$

donde:

Y_{ijmlk}: observación relativa al tratamiento '**i**' del grupo '**j**' evaluado en el bloque m de la localidad '**m**' del ciclo '**k**'.

a_k: efecto del k-eximo año de evaluación (ciclo 'k').

$(\ell/a)_{lk}$: efecto de la localidad 'l' en el ciclo '**k**'.

$(b/\ell/a)_{mlk}$: efecto del m-eximo bloque en la localidad 'l' en el ciclo 'k'.

g_j: efecto del grupo 'j'.

$t(g)_{ij}$: efecto del tratamiento 'i' en el grupo 'j'.

e_{ijmlk}: error asociado a la observación Y_{ijmlk}.

Con ese modelo se obtienen las medias de los diferentes grupos, ajustadas para los efectos del año de evaluación (ciclo), localidad/año, bloque/localidad/año y de tratamientos dentro de grupo y, si es conveniente, la matriz de covarianza de los grupos.

Cálculos de las ganancias. Para su obtención se debe, inicialmente, estimar las ganancias entre ciclos sucesivos.

Obtención de las estimativas. Considerando sólo los grupos correspondientes a las familias de los *n* ciclos evaluados, la ganancia genética entre los ciclos k y k + 1 se obtiene por:

$$\hat{G}_{k,\,k+1} = \bar{F}_{k+1} - \bar{F}_k$$

donde:

$\bar{F}_{k+1}$: media ajustada del grupo de familias del ciclo k+1.

$\bar{F}_k$: media ajustada del grupo de familias del ciclo k.

La varianza de la ganancia se obtiene directamente de la matriz de covarianza de media de los grupos y está dada por:

$$\hat{V}(\hat{G}_{k,k+1}) = \hat{V}(\bar{F}_{k+1}) + \hat{V}(\bar{F}_k) - 2\hat{COV}(\bar{F}_k, \bar{F}_{k+1})$$

Obtención de la matriz de covarianza de las ganancias. Como el vector de ganancia observada puede obtenerse por $\hat{G} = C\hat{Y}$ su matriz de covarianza se estima por la expresión:

$$\hat{V}(\hat{G}) = C\hat{V}(\hat{Y})C'$$

donde **C** es la matriz de los coeficientes de los contrastes entre medias de ciclos sucesivos de dimensión (n-1) x n; establecido de tal manera que se obtenga $\hat{G} = C\hat{Y}$ donde $\hat{Y}$ es el vector de medias ajustadas de los *n* ciclos, excluida la media del grupo de testigos.

Ganancia media. Como en el método de Vencovsky, la ganancia media durante el ciclo se obtiene utilizando la expresión:

$$\hat{\mu}_g = (X'\hat{V}^{-1}X)^{-1}X'\hat{V}^{-1}\hat{G}$$

donde X es una matriz (n-1)x1 de 1's y $\hat{V} = \hat{V}(\hat{G})$. Por lo tanto, la varianza de la ganancia media está también dada por:

$$\hat{V}(\hat{\mu}_g) = (X'\hat{V}^{-1}X)^{-1}$$

Ejemplo Numérico

La población de arroz de riego CNA-IRAT 4 ya se sometió a tres ciclos de selección, en busca, básicamente, de rendimiento de granos. Sin embargo, en varios ensayos de cada ciclo, también se evaluaron otras características, entre ellas, altura de planta, cuyos datos se utilizan aquí para ilustrar la aplicación del método.

Los ensayos se efectuaron durante los años agrícolas de 1992/93, 1994/95 y 1997/98, en los estados de Paraná, Minas Gerais, Goiás, Tocantins, Pará, Roraima y Piauí. La altura de planta se evaluó en sólo tres ensayos del primer ciclo (Minas Gerais, Roraima y Tocantins), en tres del segundo (Minas Gerais, Piauí y Tocantins) y en uno en el tercer ciclo (Roraima).

La ganancia genética, en este caso en particular, no debe considerarse sinónimo de respuesta deseada a la selección, pues el fitomejorador no estaba interesado en promocionar alteraciones en la altura de la planta. La evaluación de altura se realizó sólo para monitorear esa característica en la población sometida a un proceso continuo de selección para mayor rendimiento de granos.

Es posible estimar la respuesta indirecta observada para esa característica. Las unidades de evaluación, en todos los ciclos de selección, fueron familias $S_{0:2}$. El delineamento experimental fue el látice triple en el primer ciclo (dos de 10 x 10 y dos de 8 x 8, para un total de 324 líneas más dos testigos), y BAF (bloques de 20 líneas más cuatro testigos) en los dos ciclos subsecuentes (200 líneas más cuatro testigos por ciclo). En este ejemplo todos los ensayos se analizaron utilizando el procedimiento GLM del SAS, incluso para los ensayos conducidos en látice.

Método de Vencovsky

En el Cuadro 2 se presentan las medias de altura de planta de las familias de cada ciclo de selección y de los testigos utilizados, todas ajustadas para efecto de local y de bloques dentro de local.

Al comparar las medias de altura de las familias en los diferentes ciclos de selección con las medias de los testigos (Cuadro 2), se observa que se presentó variación genética de altura de planta. Se observó una reducción de la altura del primer para el segundo ciclo, seguida de un incremento de esa característica del segundo para el tercer ciclo.

Cuadro 2. Medias de altura de planta (cm) de los grupos de evaluación en los tres ciclos de selección.

Grupos	Altura de planta (cm)[1]		
	Ciclo 1 $(\hat{Y}_1)$	Ciclo 2 $(\hat{Y}_2)$	Ciclo 3 $(\hat{Y}_3)$
1. CICA 8	84.8 b	93.0 ab	96.4 b
2. BR-IRGA 409	97.2 a	96.5 a	104.1 a
3. Javaé	-	82.9 c	-
4. Metica 1	-	95.8 a	105.7 a
5. Familias Ciclo 1	94.3 a	-	-
6. Familias Ciclo 2	-	91.3 b	-
7. Familias Ciclo 3	-	-	104.6 a
CV (%)	6.69	8.11	2.81

1. Al nivel de cada ciclo, las medias seguidas por al menos una misma letra no presentan diferencias significativas por la prueba de Tukey al 5% de probabilidad.

En el primer ciclo el promedio de altura de las familias fue significativamente más alto que el de la de CICA 8 y similar al de la de BR-IRGA 409. En el segundo ciclo, el grupo de familias evaluadas ya fue similar al de CICA 8 y significativamente más bajo que la de BR-IRGA 409. En el tercer ciclo, las familias pasaron a presentar altura media similar a la de BR-IRGA 409 y significativamente mayor que la de CICA 8.

Estimativa de ganancia proveniente de la selección practicada en el primer (G_{12}) y en segundo ciclo (G_{23}).

$$\hat{G}_{12} = A'_{21}\,\hat{Y}_2 - A'_{12}\,\hat{Y}_1$$

Observando los vectores $\hat{Y}_1$ y $\hat{Y}_2$ del Cuadro 2, se concluye que los elementos de A_{12} y A_{21} deben ser, respectivamente, $A'_{21} = [-1/2\ -1/2\ 1]$ y $A'_{12} = [-1/2\ -1/2\ 0\ 0\ 1]$.

Por lo tanto, la estimativa de G_{12} se debe obtener como sigue:

$$\hat{G}_{12} = \left[-\frac{1}{2}\ -\frac{1}{2}\ 0\ 0\ 1\right]\begin{bmatrix}93.0\\96.5\\82.9\\95.8\\91.3\end{bmatrix} - \left[-\frac{1}{2}\ -\frac{1}{2}\ 1\right]\begin{bmatrix}84.8\\97.2\\94.3\end{bmatrix}$$

$\hat{G}_{12} = -6.7$ cm

Los vectores auxiliares A_{23} y A_{31} tienen, a su vez, la siguiente caracterización:

$$A'_{23} = \left[-\frac{1}{3}\ -\frac{1}{3}\ 0\ -\frac{1}{3}\ 1\right] \text{ y}$$

$$A'_{32} = \left[-\frac{1}{3}\ -\frac{1}{3}\ -\frac{1}{3}\ 1\right]$$

La estimativa de G_{23} se obtiene por:

$$\hat{G}_{23} = \left[-\frac{1}{3}\ -\frac{1}{3}\ -\frac{1}{3}\ 1\right]\begin{bmatrix}96.4\\104.1\\105.7\\104.6\end{bmatrix} - \left[-\frac{1}{3}\ -\frac{1}{3}\ 0\ -\frac{1}{3}\ 1\right]\begin{bmatrix}93.0\\96.5\\82.9\\95.8\\91.3\end{bmatrix}$$

$\hat{G}_{23} = 6.3$ cm

Estimativa de la matriz de covarianza de las ganancias ($V(G_{k,k+1})$). Esta matriz es necesaria para estimar la ganancia media, además de que provee los elementos para estimar los errores asociados a todas las estimativas de ganancia por ciclo.

En las expresiones de obtención de $\hat{V}(\hat{G}_{k,k+1})$ se incluyen $V(Y_k)$ y $V(Y_{k+1})$, obtenidos a través del procedimiento GLM del SAS, empleado en los análisis de varianza.

$$\hat{V}(\hat{G}_{12}) = A'_{21}\,\hat{V}(\hat{Y}_2)\,A_{21} + A'_{12}\,\hat{V}(\hat{Y}_1)\,A_{12}$$

$$A'_{21}\,\hat{V}(\hat{Y}_2)\,A_{21} =$$

$$\begin{bmatrix} -\frac{1}{2} & -\frac{1}{2} & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 1.8336 & 0.1642 & 0.2244 & 0.1307 & 0.2047 \\ 0.1642 & 1.8616 & 0.2162 & 0.1673 & 0.2035 \\ 0.2244 & 0.2162 & 3.7315 & 0.1622 & 0.2290 \\ 0.1307 & 0.1673 & 0.1622 & 1.7083 & 0.1681 \\ 0.2047 & 0.2035 & 0.2290 & 0.1681 & 0.3381 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} -\frac{1}{2} \\ -\frac{1}{2} \\ 0 \\ 0 \\ 1 \end{bmatrix}$$

$$A'_{12}\,\hat{V}(\hat{Y}_1)\,A_{21} =$$

$$\begin{bmatrix} -\frac{1}{2} & -\frac{1}{2} & 1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 8.5200 & -2.4300 & 0.2350 \\ 2.4300 & 5.9500 & -0.1050 \\ 0.2350 & -0.1090 & 0.1300 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} -\frac{1}{2} \\ -\frac{1}{2} \\ 1 \end{bmatrix}$$

$$\hat{V}(\hat{G}_{12}) = 3,3453$$

De manera análoga, se obtiene $\hat{V}(\hat{G}_{23}) = 0.9888$. La covarianza entre $\hat{G}_{12}$ y $\hat{G}_{23}$ se obtiene por:

$$C\hat{O}V(\hat{G}_{12},\hat{G}_{23}) = A'_{21}\,\hat{V}(\hat{Y}_2)\,A_{23}$$

$$C\hat{O}V(\hat{G}_{12},\hat{G}_{23}) =$$

$$\begin{bmatrix} -\frac{1}{2} & -\frac{1}{2} & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 1.8336 & 0.1642 & 0.2244 & 0.1307 & 0.2047 \\ 0.1642 & 1.8616 & 0.2162 & 0.1673 & 0.2035 \\ 0.2244 & 0.2162 & 3.7315 & 0.1622 & 0.2290 \\ 0.1307 & 0.1673 & 0.1622 & 1.7083 & 0.1681 \\ 0.2047 & 0.2035 & 0.2290 & 0.1681 & 0.3381 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} -\frac{1}{3} \\ -\frac{1}{3} \\ 0 \\ -\frac{1}{3} \\ 1 \end{bmatrix}$$

$$C\hat{O}V(\hat{G}_{12},\hat{G}_{23}) = -0.6622$$

Luego, la matriz de covarianza de las ganancias $\hat{V}(\hat{G})$, está dada por:

$$\hat{V}(\hat{G}) = \begin{bmatrix} 3.3453 & -0.6622 \\ -0.6622 & 0.9888 \end{bmatrix}$$

Con estas estimativas de varianza, es posible asociar con las ganancias observadas sus respectivas desviaciones estándares.

$$\hat{G} = \begin{bmatrix} \hat{G}_{12} \\ \hat{G}_{23} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} -6.73 \text{ " } 1.83 \\ 6.31 \text{ " } 0.99 \end{bmatrix}$$

La estimativa de ganancia que sobrepase dos veces su respectiva desviación estándar puede considerarse significativa al 5% de probabilidad (El-Rouby *et al.*, 1973). Las estimativas de ganancia obtenidas confirman las observaciones del Cuadro 2. Esto es, que la población redujo la altura cuando pasó del ciclo uno al dos, pero que volvió a tener su altura significativamente aumentada al utilizarse la selección para rendimiento de granos en el segundo ciclo. Aún falta por responder la pregunta ¿Cuál fue el balance de esas variaciones genéticas? Para ello sólo es necesario estimar la ganancia media (μ_g).

Ganancia media

$\hat{\mu}_g = \left(X'\hat{V}^{-1}X\right)^{-1} X'\hat{V}^{-1}\hat{G}$, en que X es un vector columna de 1's.

$$\hat{\mu}_g =$$

$$\left[\begin{bmatrix} 1 & 1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 3.3453 & -0.6622 \\ -0.6622 & 0.9888 \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} 1 \\ 1 \end{bmatrix} \right]^{-1} \begin{bmatrix} 1 & 1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 3.3453 & -0.6622 \\ -0.6622 & 0.9888 \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} -6.73 \\ 6.31 \end{bmatrix}$$

$$\hat{\mu}_g = 2.50 \text{ cm}$$

$\hat{V}(\hat{\mu}_g) = (X'V^{-1}X)^{-1} = 0.5071$ luego $\hat{\mu}_g = 2.50$ " 0.71 cm.

Por este método la población habría sufrido un incremento medio de altura de planta de al rededor de 2.5 cm, por ciclo, ó 1.25 cm por año, que corresponde a 1.32% de la altura media del primer ciclo. Esta estimativa se reveló significativamente diferente de cero ($p < 0.01$).

Método de las Medias Ajustadas

En este caso es necesario estimar las medias de las familias de cada ciclo, ajustadas para efecto de año, local/año y bloque/local/año. Aquí también se utilizó el procedimiento GLM del SAS, y se obtuvieron las estimativas de medias incluidas en el Cuadro 3. Se observa que la altura media de planta en el tercer ciclo es similar a la del primer ciclo y que ambas son superiores a las del segundo ($p < 0.05$).

Estimativa de la ganancia

Es conveniente establecer una matriz de contrastes auxiliar C, de tal manera que $\hat{G} = C\hat{Y}$. Al realizar:

$$C = \begin{bmatrix} 0 & -1 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & -1 & 1 \end{bmatrix}$$

se obtiene,

$$\hat{G} = C\hat{Y} = \begin{bmatrix} 0 & -1 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & -1 & 1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 91.0 \\ 96.0 \\ 90.2 \\ 96.6 \end{bmatrix} \quad \text{ó}$$

$$\hat{G} = \begin{bmatrix} \hat{G}_{12} \\ \hat{G}_{23} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} -5.8 \\ 6.4 \end{bmatrix}$$

Matriz de covarianza de ganancias. La matriz de covarianza de las ganancias se obtiene sencillamente por:

$$\hat{V}(\hat{G}) = C\hat{V}(\hat{Y})C'$$

$$\hat{V}(\hat{G}) = \begin{bmatrix} 0 & -1 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & -1 & 1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 0.9285 & -0.6786 & 0.7325 & 0.5742 \\ -0.6786 & 1.5734 & -0.7950 & -0.8551 \\ 0.7325 & -0.7950 & 0.9883 & 0.4611 \\ 0.5742 & -0.8551 & 0.4611 & 2.1183 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 0 & 0 \\ -1 & 0 \\ 1 & -1 \\ 0 & 1 \end{bmatrix}$$

$$\hat{V}(\hat{G}) = \begin{bmatrix} 4.1518 & -0.4671 \\ -0.4671 & 2.1844 \end{bmatrix}$$

Así, las estimativas de las ganancias, seguidas de sus respectivas deviaciones estándares son $\hat{G}_{12} = -5.8 \pm 2.0$ cm y $\hat{G}_{23} = 6.4 \pm 1.5$ ambas significativamente diferentes de cero.

Ganancia media (μ_g). Como ya se anotó antes, la estimativa de la ganancia media se obtienen por

$$\hat{\mu}_g = (X'\hat{V}^{-1}X)^{-1}X'\hat{V}^{-1}\hat{G} \quad \text{ó}$$

$$\hat{\mu}_g = \left[\begin{bmatrix} 1 & 1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 4.1518 & -0.4671 \\ -0.4671 & 2.1844 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 1 \\ 1 \end{bmatrix} \right]^{-1} \begin{bmatrix} 1 & 1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 4.1518 & -0.4671 \\ -0.4671 & 2.1844 \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} -5.8 \\ 6.4 \end{bmatrix}$$

$\hat{\mu}_g = 1.91$ cm y $\hat{V}(\hat{\mu}_g) = (X'\hat{V}^{-1}X)^{-1} = 1.2174$

$\hat{\mu}_g = 1.91 \pm 1.10$ cm

Se observa que la ganancia media ($\hat{\mu}_g$) de 1.91 cm, estimada por el método de las medias ajustadas, no difiere significativamente de cero, resultado contrario al obtenido por el método de Vencovsky.

Cuadro 3. Medias ajustadas de altura de planta de los grupos testigos y de familias en cada uno de los ciclos de selección.

Grupo	Media (Y)[1]
1. Testigos	91.0 b
2. Familias Ciclo 1	96.0 a
3. Familias Ciclo 2	90.2 b
4. Familias Ciclo 3	96.6 a
CV (%)	6.86

1. Medias seguidas por la misma letra no difieren estadísticamente entre sí por la prueba de Tukey al nivel de 5% de probabilidad.

El método de Vencovsky presentó ganancia media positiva y significativa para altura de plantas en los tres primeros ciclos de selección considerados en este trabajo. El Cuadro 3, a su vez, muestra que los promedios ajustados en el primer y tercer ciclo son muy similares. Ello indica baja probabilidad de diferencias genéticas significativas entre los dos grupos de familias correspondientes, además de presentar una coherencia con la ganancia genética media no significativa estimada por el método de las medias ajustadas.

La ventaja del método de Vencovsky es que es mucho menos exigente en la capacidad de pocesamiento de los recursos de informática disponibles, pues requiere el análisis conjunto solo cada año. Por otro lado, su utilización es más compleja, tal como se observa al comparar ambas métodos.

La mayor desviación estándar asociada a la estimativa de ganancia promedia presentada por el método de las medias ajustadas, puede atribuirse a la participación de la interacción testigo x años en la estimativa del error (cuadrado medio residual). Esa interacción fue significativa, según muestran las alteraciones de los niveles de significancia de los contrastes entre los testigos en los diferentes ciclos de selección (Cuadro 2).

Al aceptar que la interacción genotipo por año debe ser en realidad uno de los componentes del error experimental —ya que no se esta interesado en el comportamiento de las poblaciones, específicamente, en los años de evaluación— el método de Vencovsky parece que subestima tal error en trabajos de esta naturaleza, donde los tratamientos comunes entre distintos años son limitados a sólo los testigos.

Consideraciones Finales

Para asegurar ganancias más significativas en la utilización del programa de selección recurrente, se debe:

- Utilizar un mayor número de localidades de evaluación y, si es posible, un mayor número de repeticiones. Se reconoce que, al admitir las localidades como un factor aleatorio, la utilización de un mayor número de éstas presenta mayor efecto en el aumento de la estimativa de la heredabilidad, que el incremento en el número de repeticiones por localidades.
- Emplear un sistema de producción previamente definido y que presente una variación ambiental (entre localidades) dentro de un rango aceptable.
- Incrementar el control experimental. Si se presenta un grado de la fertilidad, por ejemplo, en el área experimental, se debe garantizar que todas las parcelas de un mismo bloque tengan las mismas condiciones

ambientales. También se debe evitar la utilización de bloques con gran número de parcelas.

- Utilizar una población con potencial genético apropiado, teniendo en cuenta los objetivos del programa. En cada ciclo no se debe limitar la variabilidad genética de la población en las etapas subsecuentes, por el empleo de reducido tamaño efectivo en el proceso de selección y recombinación.

Referencias

Breseghello, F.; Morais, O. P. de.; y Rangel, P. H. N. 1998. A new method to estimate genetic gains in annual crops. Genetic and MolecularBiology21(4):427-430.

Bresghello, F. 1995. Ganhos para produtividade pelo melhoramento genético do arroz irrigado no Nordeste do Brasil. Tesis, M. Sc. Universidade Federal de Goiás, Goiânia, Brasil. 93 p.

Cruz, C. D. y Regazzi, A. J. 1994. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Universidade Federal de Viçosa (UFV), Viçosa, Brasil. 390 p.

El-Rouby, M. M.; Morayem, Y. S.; y Nawar, A. A. 1973. Estimation of genetic variance and its components in maize under stress and non-stress environments. I. Planting date. Egypt. J. Genet. Cytol. 2:10-19.

Falconer, D. S. 1987. Introdução à genética quantitativa. Tradução de M. A. Silva e J. C. Silva. Universidade Federal de Viçosa (UFV), Viçosa, Brasil. 219 p.

Fehr, W. R. 1987. Principles of cultivar development. Vol. 1: Theory and technique. MacMillan Publishing, Nueva York, USA. 536 p.

Hoffmann, R.; y Vieira, S. 1987. Análise de regressão; uma introdução à econometria. São Paulo: Hucitec.

Morais, O. P. de; y Rangel, P. H. N. 1997. Melhoramento de arroz no Brasil. En: Abreu, A. F. B.; Gonçalves, F. M. A.; Marques Jr, O. G.; Ribeiro, P. H. E. (eds.). Simpósio sobre atualização em genética e melhoramento de plantas. Universidade Federal de Lavras (UFLA), Lavras, Brasil. p. 147-166.

Paterniani, E. y Miranda Filho, J. B. 1978. Melhoramento de populações. En: Paterniani, E. y Viegas, G. P. (eds.). Melhoramento e produção de milho. Fundação Cargil, Campinas, Brasil. p. 202-256.

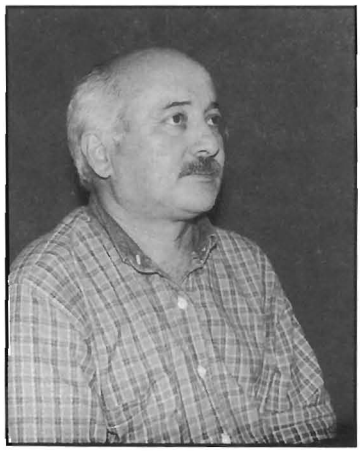
Ramalho, M. A. P.; Santos, J. B. dos; Zimmermann, M. J. O. 1993. Genética quantitativa; aplicações ao melhoramento do feijoeiro. Editora da UFG, Goiânia, Brasil. 271 p.

Soares, A. A. 1992. Desempenho de melhoramento genético do arroz de sequeiro e irrigado na década em Minas Gerais. Tesis, Doct. Escola Superior de Agricultura de Lavras, Lavras, Brasil.

Vencovsky, R. 1987. Herança quantitativa. En: Paterniani, E. e Viegas, G. P (eds.). Melhoramento e produção de milho. 2a. ed. Fundação Cargil, Campinas, Brasil. p. 135-214.

Capítulo 3

Caracterización y Uso de Marcadores RAPD y Microsatélites (SSR) en el Monitoreo del Programa de Mejoramiento Poblacional en Arroz



Paulo Hideo N. Rangel

Márcio E. Ferreira[1]
Maria Isabel de O. Pentedo[1]
Claudio Brondani[2]
André Beló[1]
Marco A. Ferreira[1]
Paulo Hideo N. Rangel[2]

[1]Investigadores de Embrapa Recursos Genéticos y Biotecnología, Caixa Postal 02372, 70770-900 Brasília, Distrito Federal, Brasil;
Correo electrónico: ferreira@cenargen.embrapa.br
[2]Investigadores de Embrapa Arroz e Feijão, Caixa Postal 179, 75375-000 Santo Antônio de Goiás, GO

Contenido

Resumen

Abstract

Introducción

Disimilitud Genética entre Progenitores de la CNA-5 y la Colección de Referencia

- Variabilidad genética de los programas de mejoramiento
- Estimativas de similitud genética de variedades y líneas
- Clasificación de las líneas y progenitores de CNA-5 en los grupos *índica* y *japónica*
- Estimativas de las distancias genéticas entre la línea androestéril y los progenitores de CNA-5

Efecto de la Línea Androestéril en la Composición Genotípica de las Progenies Recombinantes Resultantes de Cada Intercruzamiento

Conclusión

Referencias

Resumen

El método de mejoramiento poblacional a través de la selección recurrente (SR) se utiliza ampliamente para mejorar especies alógamas y se ha propuesto como una alternativa para las especies autógamas como el arroz. El éxito de un programa de SR depende de la selección de progenitores. Para aportar mayor información genética al programa de selección de arroz, se diseñaron varios experimentos con marcadores genéticos RAPDs y SSR (microsatélite) cuyo objetivo fue: (a) estimar la distancia genética entre la línea androestéril y las demás líneas parentales involucradas en la formación de las poblaciones; (b) estimar la distancia genética entre los progenitores y las líneas representativas del programa de mejoramiento genético; y (c) estimar la contribución por línea androestéril y otros progenitores a la composición genotípica de las poblaciones producidas en cada ciclo de intercruzamiento. Los resultados señalan que el proceso de selección de progenitores de la población CNA-5 podría haber sido más eficiente si se hubiera considerado información sobre la disimilitud genética entre los progenitores. Los genotipos de los progenitores de CNA-5 indican que ellos, en su mayoría, son homocigotos. De otro lado, materiales como Paga Dívida y UPR 103-80-1-2 presentan varios loci heterocigotos. Se observó una disminución de alelos, característica de una pérdida potencial (prematura) de variabilidad alélica a lo largo de los ciclos de intercruzamientos en loci SSR analizados en los progenitores y en las poblaciones CNA-5/0/1 y CNA-5/0/3. En cuatro loci SSR, se observó un incremento acentuado de la frecuencia del alelo con el que contribuye el progenitor androestéril a lo largo de los ciclos. Esto indica que la estrategia de selección de CNA-5 se afecta por la participación de este progenitor.

Characterization and Use of RAPD Markers and Microsatelites (SSR) in Monitoring the Rice Populational Improvement Program

Abstract

Recurrent selection (RS), widely used for breeding allogamous species, has been proposed as an alternative breeding strategy for autogamous species such as rice. An RS program's success depends on selecting progenitors. To create genetic information for RS in rice, several experiments were set up with RAPD and SSR (microsatellite) markers. The objectives were to estimate (a) the genetic distances between the male sterile line and the other parental lines used to develop segregating populations; (b) the genetic distances between the parental lines and a reference collection of rice lines representing the breeding program; and (c) the contributions of the male sterile line and the other parental lines to the genotypic composition of the recombined progeny of each intercrossing cycle. Most CNA-5 parental lines were homozygous, except for the parental lines Paga Divida and UPR 103-80-1-2, which showed several SSR heterozygous loci. An allele decrease, apparently characterizing a premature loss of allelic variability across cycles of intermating, was observed at SSR loci genotyped in the parental lines and in the CNA-5/0/1 and CNA-5/0/3 populations. A substantial increase in allele frequency contributed by the male sterile line was observed in the CNA-5/0/1 and CNA-5/0/3 populations, indicating that the selection strategy of CNA-5 is affected by the recurrent participation of the male sterile plants in each cycle.

Introducción

El mejoramiento poblacional mediante selección recurrente es un método ampliamente utilizado en el mejoramiento de plantas alógamas. En fechas recientes ha llamado la atención de fitomejoradores y genetistas como una estrategia alternativa para el mejoramiento de especies autógamas como el arroz. La selección recurrente se basa en la evaluación, identificación y recombinación de individuos superiores pertenecientes a una población genética variable desarrollada a través de cruzamientos entre líneas y variedades seleccionadas como progenitores. El resultado de ese proceso es el incremento continuo y dinámico de la frecuencia de los alelos favorables en las progenies originarias de cada ciclo de selección.

El éxito de un programa de mejoramiento poblacional mediante el uso de selección recurrente depende de la selección apropiada de los progenitores, razón por la cual es importante definir sus criterios. Estos incluyen un conjunto de características agronómicas que se desea obtener en la población base (ciclo, altura, arquitectura de la planta, productividad, resistencia a los factores bióticos y abióticos, etc.), según el ideotipo que busquen los mejoradores. En general estas características de los progenitores potenciales se evalúan mediante la estimación del rendimiento medio de sintéticos, realizada por el análisis de cruces dialélicos o cruces *top-cross* (Hallauer y Miranda, 1988), considerando que la varianza del rendimiento medio de los sintéticos es más grande mientras más pequeño el número de progenitores.

Otro criterio utilizado es la selección de líneas no adaptadas a una determinada región, si poseen características de interés para la población deseada. Es importante también definir el número de líneas empleadas y, si muchas presenten características de interés, definir cuáles serán las elegidas como progenitores. El uso de un pequeño número de progenitores, obvio, reduce las posibilidades de obtener combinaciones génicas favorables. Así mismo, la utilización de un número elevado de progenitores exige una cantidad más grande de ciclos de recurrencia para concentrar los alelos de los diferentes progenitores en una planta única.

Otro criterio es la información sobre el grado de distancia genética entre líneas progenitoras, que resulta fundamental para reducir la posibilidad de que los progenitores posean alelos idénticos en los loci que controlan características de interés agronómico. La variabilidad genética de la población base depende del número de progenitores escogidos y de las distancia genética entre las líneas.

En general, se buscan líneas divergentes para las características que se van a seleccionar, y similares para aquellas que se desean mantener. Por ello la estrategia de selección de progenitores debe:

- Maximizar el número de progenitores de forma paralela al incremento de la media de la característica principal de interés.
- Maximizar la variabilidad genética de esta accesión respecto a las características deseadas.
- Complementar caracteres favorables identificados en los progenitores potenciales y deseables en las líneas que se van a desarrollar.

El éxito de un programa de mejoramiento poblacional a través de la selección recurrente depende también de la utilización de una estrategia que favorezca la recombinación génica a cada ciclo de selección. Uno de los problemas para utilizar, en gran escala, el mejoramiento poblacional de especies autógamas, es la necesidad de intercruzar materiales seleccionados en organismos que evolucionaron desfavoreciendo la fecundación cruzada. Para solucionar esto en algunas especies, como en el arroz, se puede utilizar el gen de androesterilidad para realizar cruzamientos entre progenitores seleccionados, una herramienta que favorece la recombinación y minimiza el trabajo necesario para la producción de semillas en cada ciclo de recurrencia.

Las estrategias de selección recurrente en plantas autógamas con base en el uso de androesterilidad son varias. La evaluación de su eficiencia en el mantenimiento de la variabilidad genética, después de cada ciclo de selección, y en el favorecimiento de nuevas combinaciones génicas para la obtención de líneas superiores depende, naturalmente, de la manera como cada programa esté diseñado.

En Embrapa Arroz e Feijão se avanzó una población de arroz de riego por selección recurrente . Esa población —denominada CNA-5— se desarrolló según Rangel y Neves (1997), a través de intercruzamiento de 10 líneas, y de variedades comerciales y tradicionales, utilizando como fuente de androesterilidad plantas de la población CNA 1 (formada por el intercruzamiento de 13 progenitores). Para los estudios genéticos incluidos en este capítulo se obtuvieron cinco poblaciones a partir de la CNA-5. Al principio cada uno de los 10 progenitores se cruzó con plantas androestériles de la población CNA 1. Los híbridos obtenidos se cruzaron en cadena con cada uno de los 10 progenitores; las familias resultantes de cada cruzamiento se autofecundaron; y las semillas F_2 obtenidas se mezclaron en cantidades iguales originando la población CNA-5/0/0.

La polinización cruzada en el campo de las plantas fértiles y androestériles de esa población, y la posterior cosecha de las semillas en las plantas androestériles y mezcla de las mismas en cantidades iguales, resultó en la población CNA-5/0/1 con un ciclo de intercruzamiento. En la obtención de las poblaciones con dos (CNA-5/0/2), tres (CNA-5/0/3) y cuatro (CNA-5/0/4) ciclos de intercruzamientos se utilizó el mismo procedimiento.

Se inició un ensayo con el fin de evaluar los progenitores utilizados en el desarrollo de la población CNA-5, y las variaciones de frecuencias de los alelos donados por los distintos progenitores a lo largo de los intercruzamientos. La estrategia de selección recurrente que se utiliza para mejorar la población CNA-5 requiere que en el intercruzamiento de las familias superiores seleccionadas para formar la población mejorada se coseche semillas en las plantas androestériles. Este procedimiento puede afectar la estructura genética de cada ciclo de selección y es importante monitorear ese efecto.

Las consideraciones que se plantearon inicialmente sobre esta población incluyen:

- ¿Está confirmada, desde el punto de vista experimental, la premisa de distancia genética entre las líneas progenitoras de CNA-5?
- ¿Cuál es la distancia genética entre las líneas progenitoras y las líneas representativas del Programa de Mejoramiento de Arroz de Embrapa Arroz e Feijão (Colección de Referencia)?
- ¿Cómo se cuadran las líneas progenitoras en la clasificación de las subespecies *índica* y *japónica*?
- ¿Cuál es la distancia genética entre la línea androestéril IR36, las líneas progenitoras y la Colección de Referencia?
- ¿Cuál es el efecto de las líneas androestériles en la composición genotípica de las familias recombinantes resultantes de cada intercruzamiento?
- ¿Cuál es el ciclo de intercruzamiento más adecuado para iniciar el proceso de mejoramiento de la población?

Los resultados que se presentan a continuación son aún preliminares para contestar de manera definitiva algunos de los planteamientos. Sin embargo, pueden considerarse indicativos de las relaciones genéticas entre líneas y variedades, y de la estructura genética del programa de mejoramiento poblacional conducido con la población CNA-5.

Disimilitud Genética entre Progenitores de la CNA-5 y la Colección de Referencia

La variabilidad genética y una eficiente exploración de las combinaciones génicas superiores, son fundamentales para el continuo incremento del rendimiento de granos y de la calidad de grano en programas de mejoramiento genético. Las estrategias de mejoramiento a largo plazo deben evaluar metodologías que identifiquen y mantengan la variabilidad genética, y que, al mismo tiempo, permitan la continua identificación de combinaciones génicas superiores.

La estrecha base genética de los programas de mejoramiento de arroz requiere, con urgencia, estrategias que incrementen la variabilidad genética para su sostenibilidad. El análisis genómico, a través de marcadores moleculares,

ofrece un conjunto de tecnologías adecuado a la estimación y monitoreo de la variabilidad genética de los programas de mejoramiento poblacional, y la escogencia de progenitores con el propósito de maximizar el empleo de nuevas combinaciones génicas en estos programas.

Variabilidad genética de los programas de mejoramiento

El cultivo del arroz en varias regiones de Brasil es un monocultivo que utiliza pocas variedades aparentadas desde el punto de vista genético.

En Rio Grande do Sul, principal productor de arroz de riego del país, las cuatro variedades responsables por el 86% del área sembrada en el Estado (BR-IRGA 409, 410, 412 y 414) poseen un alto nivel de endogamia (Rangel *et al.*, 1996). Como caso típico se menciona que BR-IRGA 412 y 414 son selecciones realizadas dentro de BR-IRGA 409.

En cuanto al uso de germoplasma en el programa de mejoramiento, las variedades de arroz de riego más utilizadas, en los principales Estados productores, se desarrollaron básicamente por cruzamientos de sólo siete variedades ancestrales (Rangel *et al.*, 1996). En una reciente evaluación del número de variedades utilizadas en los diferentes programas de mejoramiento de arroz de riego de América Latina y el Caribe, se concluyó que sólo 12 variedades constituyen la base genética de estos programas (Cuevas-Pérez *et al.*, 1992), y que incluso algunas de ellas están relacionadas.

En el ámbito mundial, gran parte de las variedades desarrolladas por el International Rice Research Institute (IRRI), en los últimos años, son una variación de la IR8 —liberada hace tres décadas— que está siendo modificada por introgresiones de genes para resistencia a enfermedades o caracteres cualitativos. No obstante, los materiales derivados de esos cruces poseen, en general, el mismo nivel de productividad.

Esto significa que los programas de mejoramiento, se han concentrado en un número mínimo de accesiones para desarrollar nuevas variedades, sin aprovechar una enorme cantidad de accesiones (alrededor de 200,000 para el caso del arroz) almacenadas en bancos de germoplasma distribuidos en el mundo. Es decir, que la diversidad genética de la especie es conocida y mantenida, pero poco utilizada. Eso muestra que el uso de germoplasma en programas de mejoramiento es en extremo limitado. El resultado más notorio que se observa en el mundo, es el estancamiento de los techos de rendimiento de granos del arroz.

Un conjunto de 112 líneas, variedades y accesiones silvestres de arroz, incluyendo los 22 progenitores de la población CNA-5, se sembraron en invernadero y se muestrearon para la extracción del ADN, con el objeto de estudiar las relaciones genéticas entre las líneas y variedades comerciales de arroz

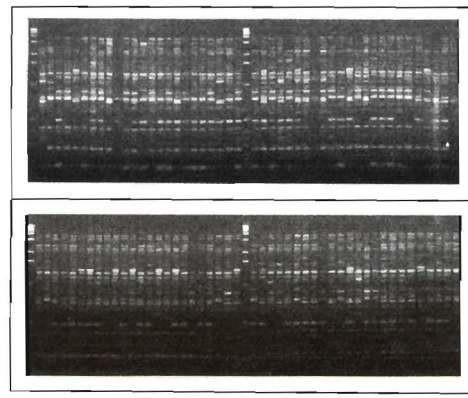
utilizadas en el desarrollo de la CNA-5 (Cuadro 1). El conocimiento de tales vínculos genético entre estas accesiones permitirá verificar si el proceso de selección de los progenitores de CNA-5 fue adecuado. Los datos posibilitarán identificar progenitores similares desde el punto de vista genético, que no han contribuido de manera significativa al incremento de la variabilidad genética de la población base. Además, permitirán verificar la existencia de grupos de progenitores similares desde el punto de vista genético o, si están distribuidos a lo largo de un gradiente de similitud visualizado en el dendrograma. Así mismo, los datos permitirán, por fin, clasificar las accesiones en los grupos *índica* y *japónica.*

Dado que éstos constituyen *pools* génicos distintos en el proceso de domesticación del arroz, el cruce entre accesiones pertenecientes a estos grupos contribuyen al aumento de la variabilidad genética, ampliando la base genética de los programas de selección recurrente.

Estimativas de similitud genética de variedades y líneas

Un grupo de 25 *primers* preseleccionados de RAPD (por inglés, Random Amplified Polymorphic DNA) de alta capacidad multiplex —incluyendo marcadores específicos *índica* y *japónica*— se utilizó para amplificar, al azar, una muestra de 114 fragmentos polimórficos de ADN (Figura 1). El análisis de la similitud genética entre accesiones se limitó a fragmentos menores de 2.5kb (Thormann *et al.*, 1994). Sólo se consideraron las bandas RAPD de alta intensidad, mediante tratamiento con brometo de etidio; no se tuvieron en cuenta las diferencias de intensidad entre bandas del mismo tamaño en las diferentes accesiones evaluadas. En otras palabras, los datos se registraron en computador en una matriz binaria codificando las bandas presentes como 1 y ausentes como 0. Se empleó el *Bootstrap analysis* (Efron y Tibishirani, 1986) para evaluar el número de bandas (= loci) necesarias para obtener estimativas

Figura 1. Polimorfismo de fragmentos de ADN generados por marcadores RAPD (*primer* OP AB5). Un total de 96 líneas y variedades de arroz de secano y riego, representativas del Banco Activo de Germoplasma de Arroz, puede evaluarse en un único gel de agarose 1.5 % coloreado con brometo de etídio.



Cuadro 1. Líneas y variedades de arroz utilizadas como Colección de Referencia para identificar alelos y estimar la frecuencia alélica en locus SSR, y para análisis de similitud genética entre accesiones que componen las poblaciones CNA-5, CNA-IRAT 4 y CNA-1 basada en polimorfismo de marcadores RAPD.

No.	Línea/Variedad	CNA	No.	Línea/Variedad	CNA	No.	Línea/Variedad	CNA
1	IR8		*39	UPR 103-80-1-2	5,4,1	77	IAC 202	
*2	Basmati 370	5	40	Rio Formoso		78	Pratão Precoce	
*3	IR36	5,4,1	41	Tetep		79	IAPAR 9	
*4	CICA 8	5	42	IR50		80	IRAT 112	
*5	Metica 1	5	43	IAC 120		81	IRAT 13	
*6	BR-IRGA 409	5	44	IET 4094		82	Moroberekan	
*7	BG 90-2	5,4,1	45	Lebonnet		83	Cabaçu	
*8	Colombia 1	5,4,1	46	Oryzica 1		84	IRAT 103	
9	Diamante		47	Zen Shan 97A		85	IRAT 141	
*10	Javaé	5,1	48	Er Jui Nan A		86	IRAT 144	
*11	IRI 342	5	49	V 20B		87	7384	
*12	Bluebelle	5,1	50	IR58025A		88	7441	
13	Dawn		51	Arroz de Revenda		89	Rio Verde	
14	Cypress		52	Guaira		90	Cuiabana	
15	Katy		53	Iguapé		91	Araguaia	
16	Bluebonet 50		54	Uberabinha		92	Guarani	
*17	Eloni	5,4,1	55	Bico Ganga		93	Rio Paranaíba	
18	Awini		56	Levanta Homem		94	Guaporé	
19	Ciwini		57	Cateto Amarelo		95	Caiapó	
*20	Nanicão	5,4,1	58	Canela de Ferro		96	Mearim	
*21	De Abril	5	59	Poupa Preguiça		97	Xingu	
22	Skrivimangote		60	Canta Galo		98	Maravilha	
*23	Paga Dívida	5	61	Cana Roxa		99	Primavera	
*24	Brejeiro	5	62	Grãos de Ouro		100	Canastra	
*25	Quebra Cacho	5	63	Campininha		101	Confiança	
26	EEA 404		64	Agulha ESAV		102	CNA 8172	
27	IAS 12-9 - Formosa		65	Come Cru		103	CNA 8305	
28	Zho - Fee		66	Arroz de Revenda		104	Progresso	
29	Huan - Sen - Go		67	Beira Campo		105	CNA 7	4,1
30	Ramtulasi		68	Agulhinha Ipameri		106	CNA 3815	4,1
31	Carreon		69	Paranazinho		107	CNA 3887	4,1
32	Ty 12		70	Fernandes		108	CNA 3848	4,1
33	Nourin Mochi		71	Guedes		109	CNA 6860	1
34	Minami Hata Mochi		72	Batatais		110	*O. glumaepatula* 93-2	
35	Tomoe Mochi		73	Dourado Precoce		111	*O. glumaepatula* RS 16	
36	Mogami Chikanari		74	IAC 1246		112	*O. rufipogon* 153	
37	Três Marias		75	IAC 165				
38	Ceswoni		76	IAC 47				

consistentes de similitud genética y definir el número mínimo de marcadores que se iba a probar durante el análisis.

Se calcularon las estimativas de similitud genética entre las accesiones mediante el coeficiente de Dice. Por lo tanto, en cada comparación 'par-y-par' no se consideró la ausencia mutua de banda. Con base en las estimativas de similitud, el ordenamiento espacial de la relación genética entre las accesiones se transformó en agrupamiento y se ilustró en un dendrograma, a través de cálculos basados en el método UPGMA (por inglés, Unweighthed Pair-Group Method, Arithemtic Average) utilizando el programa NTSYS (Rohlf, 1992) (Figura 2).

Clasificación de las líneas y progenitores de CNA-5 en los grupos *índica* y *japónica*

Un conjunto de marcadores RAPD específicos *índica* y *japónica*, identificados mediante *Bulked Segregant Analysis* (Michelmore *et al.*, 1991), se desarrolló en fecha reciente en nuestro laboratorio (Schmidt *et al.*, 1997).

La utilización combinada de estos marcadores permite identificar accesiones con *background* genético *índica*, *japónica* o cruzamientos intersubespecíficos con alta eficiencia. Su empleo posibilitó clasificar las 109 accesiones de *O. sativa* estudiados, incluyendo los 22 progenitores de CNA-5 en estos grupos (Figura 1).

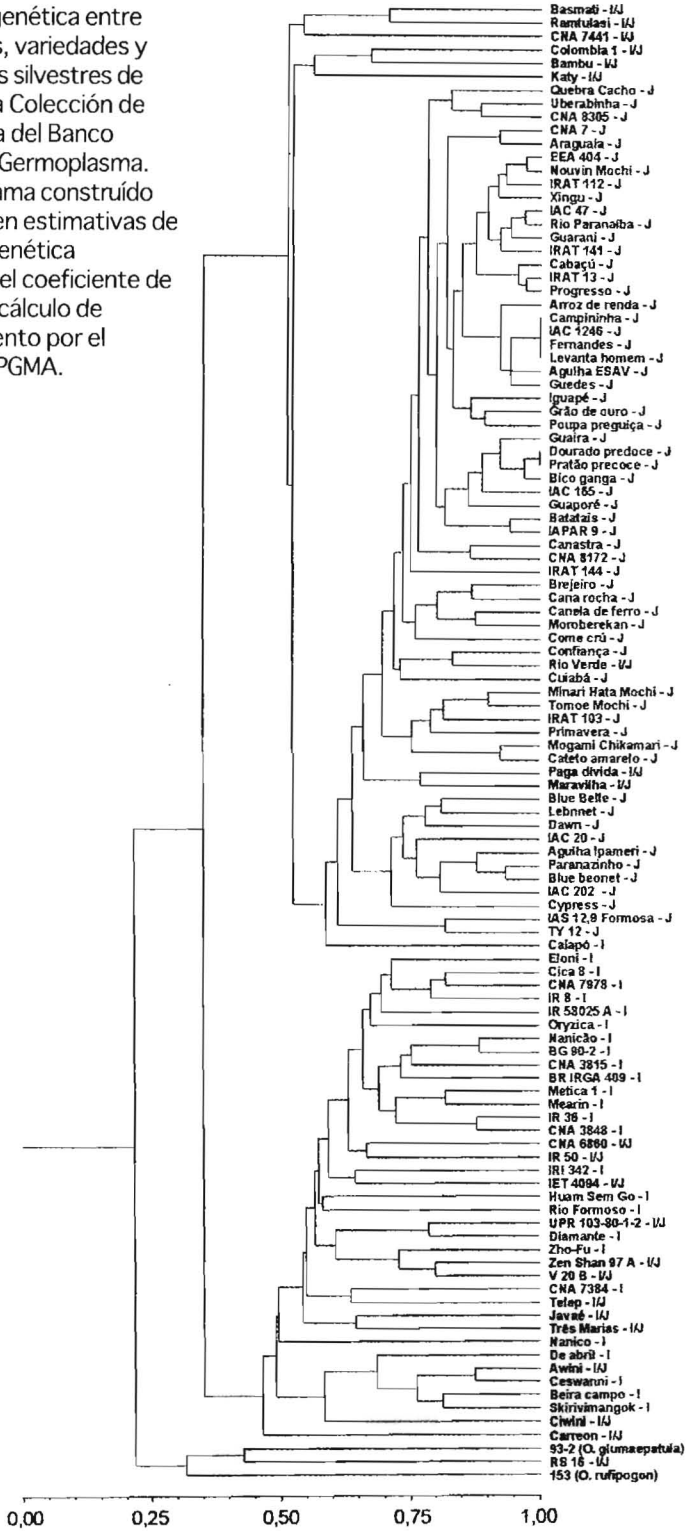
Como se puede observar, las variedades y líneas de *O. sativa* de la Colección de Referencia se clasificaron en dos grandes grupos. El uso de marcadores RAPD específicos *índica* y *japónica* permitió clasificarlos en variedades con *background* genético *índica* (40) y *japónica* (68), entre los cuales un grupo pequeño (*outgroup*) resultó compuesto de accesiones silvestres de arroz (*O. glumaepatula* y *O. rufipogon*).

En el grupo *índica* las variedades Awini y Ceswoni poseen alta similitud genética (95%). La relación genética de IR8 y Diamante puede determinarse con facilidad mediante los análisis, así como la de CICA 8 y CNA 3815, que forman un subgrupo independiente que también incluye BR-IRGA 409 y Metica 1. El grupo *japónica* incluye dos subgrupos:

- El primero, con 62 accesiones, incluye materiales con *background japónica* identificado con facilidad por la serie de marcadores RAPD específicos.
- El segundo, compuesto por siete muestras (Basmati, Ramtulasi, Colombia 1, Confiança, Rio Verde, Maravilha y CNA 8172), posee bandas típicas de los *background índica* y *japónica*, que indica que son originarias de cruzamientos intersubespecificos. El análisis de la genealogía de estos materiales, si así se requiere, podría confirmar esta hipótesis.

Los datos indican las accesiones clasificadas como *japónica* con alto nivel de similitud genética, como

Figura 2. Similitud genética entre 111 líneas, variedades y accesiones silvestres de arroz de la Colección de Referencia del Banco Activo de Germoplasma. Dendrograma construído con base en estimativas de similitud genética utilizando el coeficiente de Jaccard y cálculo de agrupamiento por el método UPGMA.



Campininha, IAC 1246 y Fernandes (Dice ~ 0.98) o Dourado Precoce y Pratão Precoce (D = 1.00) o Bluebonnet y Paranazinho (D = 0.96).

Estimativas de las distancias genéticas entre la línea androestéril y los progenitores de CNA-5

En un ensayo independiente, se utilizaron 21 *primers* RAPD seleccionados para estimar las distancias genéticas (coeficiente de Dice) entre IR36 y los otros 21 progenitores de la población CNA-5 (Figura 3).

Se utilizó un total de 101 marcadores polimórficos en las estimativas de similitud genética 'par-y-par' entre los progenitores (Figura 3).

El ordenamiento espacial de las distancias genéticas entre las accesiones se transformó en agrupamientos y se ilustró mediante en dendrograma, a través de cálculos basados en el método UPGMA utilizando el programa NTSYS (Figura 4). Los 22 progenitores se dividieron en dos grupos principales:

- El primero está formado por los progenitores Basmati, Colombia 1, Quebra Cacho, Brejeiro, Paga Dívida, CNA-7 y Bluebelle. Estos materiales poseen *background* genético del tipo *japónica*, como puede observarse en la clasificación basada en marcadores RAPD específicos *índica/japónica* (Figura 1).
- El segundo incluye 14 progenitores del tipo *índica*. El análisis de los datos muestra que la línea androestéril IR36 es similar desde el punto de vista genético a línea CNA 3848 (Dice = 87%), pero relativamente distante de los demás progenitores (Figura 4). Los progenitores CICA 8 y CNA 3887, así como BR-IRGA 409 y CNA 3815, son muy similares (Dice ~ 95%). Es posible que la inclusión de CICA 8 y CNA 3887 (o de BR-IRGA 409 y CNA 3815) entre los 22 progenitores de CNA-5 no haya sido ventajosa puesto que son genéticamente similares y tal vez no hayan contribuido con alelos alternativos que pudiesen aportar nuevas combinaciones génicas. Un análisis posterior e independiente con marcadores microsatélites confirmó la alta similitud genética entre estos dos pares de progenitores.

Algunos progenitores presentaron similitud genética y se han agrupado con respecto a las demás accesiones analizadas (Ex. Metica 1, CNA 3848, CICA 8, CNA 3815, BR-IRGA 409 y CNA 6860).

En el proceso de selección de progenitores, es probable que sea más eficiente para el programa de selección recurrente, identificar accesiones que no formen grupos específicos, y que preferiblemente se distribuyan a lo largo de toda la amplitud de similitud genética observada en el dendrograma (Figura 2).

Figura 3. Dactiloscopia molecular de los 22 progenitores de CNA-5 utilizando el *primer* RAPD OPN5 en gel de agarose 1.5% coloreado con brometo de etídio.

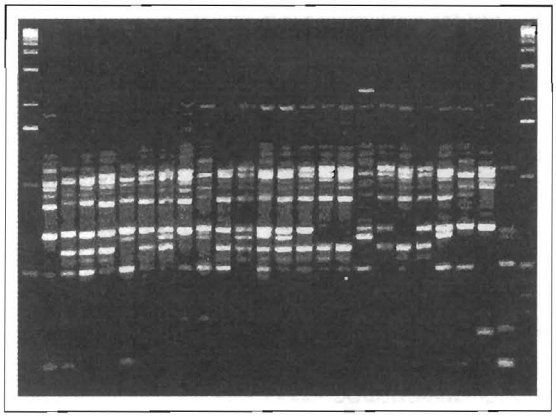
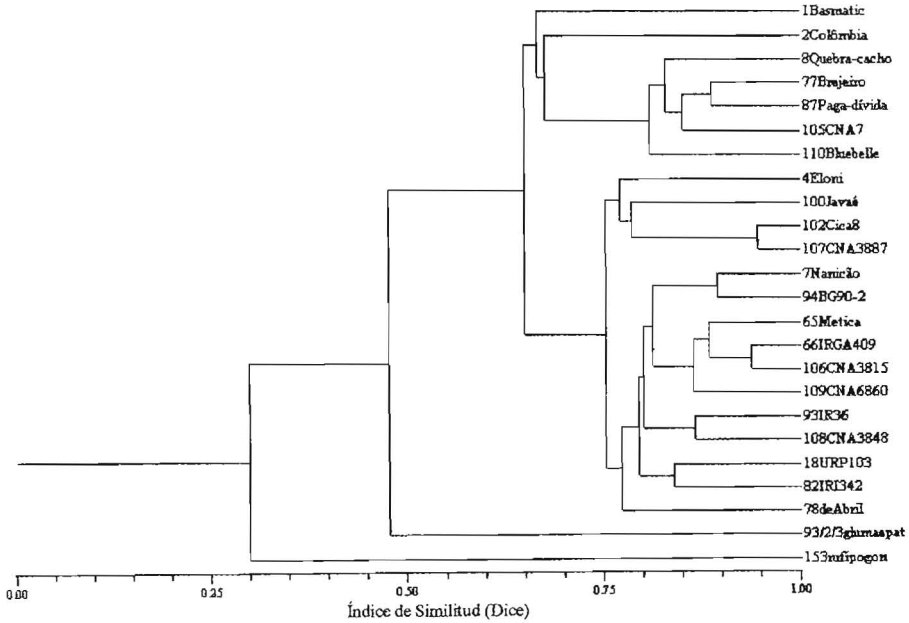


Figura 4. Similitud genética entre variedades y líneas progenitoras de la población de selección recurrente CNA-5. Dendrograma construído con base en estimativas de similitud genética utilizando el coeficiente de Dice y cálculo de agrupamento por el método UPGMA.



El análisis permitió verificar que IR36 es relativamente distinta respecto a las demás líneas progenitoras. La clasificación de las accesiones en *índica* y *japónica* ayuda en la definición de los progenitores y permite ampliar la base genética de los programas por la utilización de líneas de dos *pools* génicos distintos.

Efecto de la Línea Androestéril en la Composición Genotípica de las Progenies Recombinantes Resultantes de Cada Intercruzamiento

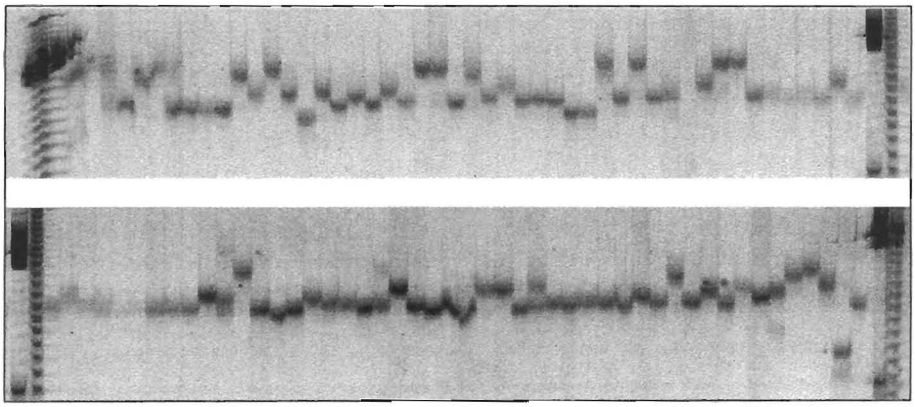
Entre las diversas clases de marcadores moleculares existentes, los que se basan en Secuencia Simple Repetitiva (SSR) o microsatélites son, en realidad, los que más se aproximan al marcador ideal para estudios de mapeo genético, en el mejoramiento asistido por marcadores moleculares o para el entendimiento de las relaciones genéticas entre individuos y poblaciones. Son abundantes y, en general, se distribuyen con uniformidad por todo el genoma, son codominantes de manera típica, altamente multialélicos, y presentan el más amplio contenido de informaciones por locus génico entre todas las clases de marcadores moleculares (Ferreira y Grattapaglia, 1996). Se analizan polimorfismos de SSR vía PCR y se automatizan en sistemas multiplex, lo cual permite evaluar de manera rápida numerosos individuos para un gran número de loci en poco tiempo. Es decir, hacen posible la mecanización y la transferencia de información de mapa por el alto polimorfismo y número de alelos existentes en cada locus. Además permiten el genotipaje a gran escala que requieren los programas de mejoramiento.

La limitante al utilizar microsatélites de forma amplia es el costo y la tecnología que demanda para su desarrollo. Para obtener pares de *primers* adecuados a la amplificación de alelos de locus microsatélites, se requieren etapas de caracterización de una gran cantidad de diferentes *motifs*, construcción de bibliotecas, secuencia y amplia selección de *primers* construidos con el propósito de identificar los loci más informativos. Una vez desarrollados éstos, la comunidad científica puede disponer de tales *primers* de manera rápida para una excelente integración y comparación de resultados entre laboratorios. En arroz, recientemente, un mayor número de secuencias pasó a estar disponible a la comunidad científica (Chen *et al.*, 1997), incluyendo las desarrolladas en nuestro laboratorio (Brondani *et al.*, 2000).

Al inicio se mapeó una serie de 150 marcadores SSR en una población segregante de cruzamiento interespecífico de *O. sativa* (línea BG 90-2) y *O. glumaepatula* (accesión RS 16) (Brondani *et al.*, 2000). Se utilizó un total de 55 marcadores seleccionados al azar para genotipar las muestras de la Colección de Referencia (Cuadro 1), en geles de poliacrilamida coloreados con nitrato de plata (Figura 5). Los marcadores microsatélites se utilizaron con los siguientes objetivos:

- Analizar el nivel de homocigosis de las líneas progenitoras. La utilización de líneas puras en la construcción de la población base es importante para la propia definición de la identidad de esta población. Como la selección de progenitores utiliza criterios como el análisis de cruzamientos dialélicos y cruzamientos *top*

Figura 5. Variación alélica del locus microsatélite OG 12 (cromosoma 1) en una muestra de 93 accesiones de la Colección de Referencia del Banco Activo de Germoplasma de Arroz identificados en gel de poliacrilamida coloreado con nitrato de plata.



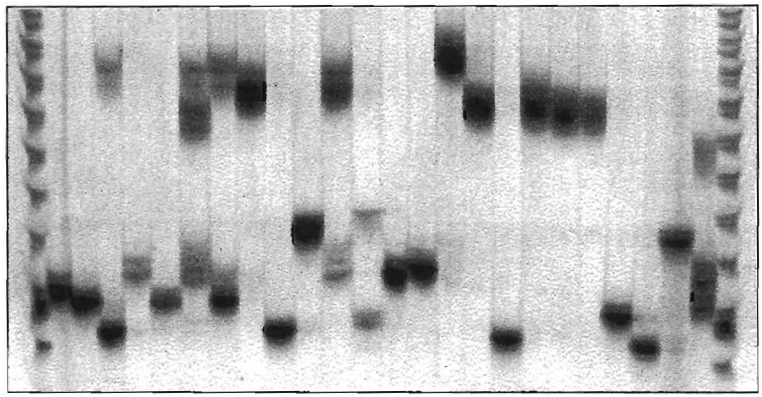
cross en la estimativa de rendimiento medio de sintéticos, la utilización de líneas puras facilita estas estimativas.

- Determinar el genotipo de cada una de las líneas en los loci SSR. Ello permite la evaluación de las alteraciones de frecuencias alélica en cada loci a lo largo de los ciclos de intercruzamientos.
- Observar de forma específica la contribución alélica del progenitor IR36 (androestéril) para las poblaciones de cada ciclo de intercruzamientos.

De los 55 loci microsatélites caracterizados (Cuadro 2), cuatro fueron monomórficos entre los 22 progenitores, mientras 15 presentaron entre 7 y 14 alelos en la Colección de Referencia (OG 5, OG 7, OG 8, OG 10, OG 12, OG 17, OG 27, OG 29, OG 32, OG 41, OG 43, OG 63, OG 64, OG 81, y OG 101), constituyendo el grupo inicial de loci candidatos para el monitoreo del programa de selección recurrente de la CNA-5. Se observó que las variedades CICA 8 y CNA 3887 poseen alelos distintos en tan sólo dos (OG 35 y OG 93) de los 48 loci microsatélites probados. En contraste, BR-IRGA 409 y CNA 3815 presentaron diferencias en seis loci (OG 17, OG 20, OG 23, OG 35, OG 93, y OG 101) del total estudiado. Estos datos confirman las estimaciones de similitud genética entre variedades antes observadas. Los 15 marcadores seleccionados se utilizaron en el genotipaje de los 22 progenitores de la población CNA-5 (Cuadro 3).

Los genotipos de cada uno de los 22 progenitores en los 15 loci SSR seleccionados se presenta en el Cuadro 4. Algunos progenitores son heterocigotos en varios loci analizados, como la variedad tradicional Paga Dívida (Figura 6), lo cual indica que no es pura, y que puede tener semillas mezcladas con otras accesiones o lo que es menos

Figura 6. Variación alélica en el locus SSR OG 101 (cromosoma 2) entre los 22 progenitores de la población CNA-5, analizada en gel de poliacrilamida coloreada con nitrato de plata. La columna 13 identifica la variedad tradicional Paga Dívida como heterocigota en este locus.



Cuadro 2. Localización, número de alelos detectados y heterozigocidad observada en 55 loci microsatélites analizados en los progenitores de la población CNA-5. Loci marcados con asterisco se utilizaron en fecha posterior para analizar los ciclos CNA-5/0/1 y CNA-5/0/3.

Locus	Número de alelos/locus	Variación en el tamaño de los alelos (pb)	Heterozigocidad observada	Localización
*OG 5	5	170-192	0.05	3
*OG 7	8	149-179	0.23	11
*OG 8	5	122-136	0.00	5
*OG 10	5	87-123	0.23	9
*OG 12	6	202-236	0.04	1
OG 16	1	129	0.00	4
*OG 17	8	114-184	0.04	2
OG 19	2	74-78	0.00	2
OG 20	3	97-105	0.04	2
OG 23	3	222-252	0.04	12
OG 25	3	86-102	0.00	2
OG 26	2	103-107	0.00	10
*OG 27	8	136-182	0.04	9
OG 28	4	205-217	0.00	8
*OG 29	5	78-92	0.04	1
OG 31	2	204-216	0.09	2
*OG 32	3	233-243	0.04	5
OG 35	2	91-95	0.04	1
OG 37	4	200-228	0.10	9
OG 39	1	269	0.00	3

(Continúa...)

(Continuación...)

Cuadro 2. Localización, número de alelos detectados y heterocigosidad observada en 55 locos microsatélites analizados en los progenitores de la población CNA-5. Locis marcados con asterisco se utilizaron en fecha posterior para analizar los ciclos CNA-5/0/1 y CNA-5/0/3.

Locus	Número de alelos/locus	Variación en el tamaño de los alelos (pb)	Heterocigosidad observada	Localización
*OG 41	7	122 – 202	0.14	2
*OG 43	6	79 – 119	0.04	1
OG 44	4	156 – 172	0.05	3
OG 45	3	228 – 248	0.05	9
OG 46	3	126 – 156	0.20	4
OG 56	4	136 – 152	0.14	-
OG 57	2	97 – 102	0.00	3
OG 60	3	119 – 149	0.14	4
OG 61	5	96 – 136	0.09	5
*OG 63	6	112 – 134	0.05	2
*OG 64	6	112 – 134	0.00	9
OG 65	5	209 – 243	0.05	1
OG 66	3	148 – 186	0.23	3
OG 73	1	213	0.00	1
*OG 81	8	70 – 86	0.04	9
OG 84	1	112	0.00	-
OG 86	4	108 – 120	0.04	3
OG 87	5	156 – 198	0.14	2
OG 88	7	214 – 320	0.18	9
OG 89	5	82 – 104	0.07	2
OG 92	5	112 – 142	0.05	2
OG 93	2	172 – 178	0.04	9
OG 96	4	128 – 142	0.09	-
OG 99	4	128 – 160	0.05	5
*OG 101	11	94 – 162	0.23	2
RM 1	8	80 – 115	0.00	1
RM 2	5	150 – 160	0.04	7
RM 4	5	150 – 165	0.00	11,12
RM 5	3	110 – 125	0.00	1
RM 6	7	148 – 175	0.14	2
RM 8	3	270 – 290	0.20	2
RM 16	3	158 – 185	0.04	3
RM 18	7	150 – 170	0.23	7
RM 20	6	230 – 310	0.54	11,12
RM 21	5	130 – 170	0.05	11
RM 26	4	104 – 116	0.09	5

Cuadro 3. Distribución de alelos y frecuencia alélica en 15 loci SSR en los 22 progenitores de la población CNA-5. La denominación de cada alelo representa su largo en pares de base.

	Alelos	Frecuencia progenitores CNA-5	Frecuencia en la Colección de Referencia		Alelos	Frecuencia progenitores CNA-5	Frecuencia en la Colección de Referencia
	164	-	0.01		233	0.65	0.28
	170	0.14	0.06	OG 32	241	0.61	0.52
	172	0.5	0.23		243	0.2	0.29
	174	0.09	0.07				
OG 5	182	0.05	0.03				
	184	-	0.01				
	192	0.21	0.55				
	194	-	0.02				
	149	0.5	0.26		122	0.16	0.42
	151	0.04	0.03		130	0.18	0.25
	153	0.23	0.10		132	-	0.01
OG 7	155	0.04	0.03	OG 41	134	0.11	0.08
	159	0.07	0.01		136	0.16	0.08
	161	-	0.28		148	0.07	0.01
	163	0.023	0.14		198	0.27	0.14
	167	0.04	0.12		202	0.04	0.01
	179	0.04	0.01				
	122	0.14	0.08		79	0.04	0.01
OG 8	126	0.41	0.68		81	0.25	0.09
	128	0.18	0.10		83	0.32	0.60
	134	0.14	0.08	OG 43	85	-	0.01
	136	0.14	0.04		89	0.16	0.11
					95	0.18	0.11
					109	-	0.03
					113	-	0.01
					119	0.04	0.02
	87	0.09	0.09				
	97	0.25	0.28		112	0.07	0.23
	103	0.36	0.42		118	0.09	0.06
	105	-	0.03		120	-	0.01
	107	-	0.01	OG 63	122	0.09	0.04
OG10	109	0.07	0.02		124	0.64	0.52
	123	0.23	0.10		126	0.05	0.02
	127	-	0.02		130	-	0.06
	135	-	0.02		134	0.05	0.05

Continúa...

(Continuación...)

Cuadro 3. Distribución de alelos y frecuencia alélica en 15 loci SSR en los 22 progenitores de la población CNA-5. La denominación de cada alelo representa su largo en pares de base.

	Alelos	Frecuencia Progenitores CNA-5	Frecuencia en la Colección de Referencia		Alelos	Frecuencia Progenitores CNA-5	Frecuencia en la Colección de Referencia
OG 12	192	-	0.03		108	-	0.01
	202	0.16	0.42		112	0.05	0.03
	204	-	0.07		118	0.62	0.32
	210	0.14	0.08		120	-	0.05
	216	0.36	0.09	OG 64	122	0.09	0.05
	218	0.18	0.10		124	0.14	0.12
	228	0.11	0.08		128	-	0.02
	236	0.04	0.12		130	0.05	0.19
					134	0.05	0.20
	114	0.09	0.02		70	0.04	0.04
	116	0.11	0.02		72	0.57	0.39
	120	0.14	0.27		74	0.07	0.12
	124	0.18	0.26		76	0.04	0.02
OG 17	126	0.04	0.01	OG 81	78	0.14	0.06
	130	-	0.18		82	0.04	0.04
	134	0.07	0.03		84	0.04	0.14
	142	-	0.05		86	0.04	0.05
	172	0.27	0.09		88	-	0.03
	184	0.09	0.06		92	-	0.11
	136	0.09	0.07		94	0.14	0.04
	144	0.27	0.18		100	0.14	0.04
	146	0.29	0.21		102	0.04	0.01
	148	0.04	0.04		106	0.116	0.44
OG 27	152	0.07	0.20		110	0.04	0.04
	156	-	0.09		112	-	0.16
	164	0.09	0.08		116	0.11	0.08
	172	0.09	0.06	OG 101	118	-	0.02
	182	0.04	0.03		122	-	0.01
					142	0.02	0.01
					148	0.18	0.05
					152	0.09	0.04
					154	0.02	0.05
					162	0.04	0.01
	78	0.05	0.01				
	80	0.36	0.55				
OG 29	82	0.09	0.05				
	86	0.40	0.27				
	92	0.09	0.10				
	94	-	0.01				

Cuadro 4. Genotipos observados en 15 loci SSR en las 22 líneas y variedades progenitoras de la población CNA-5. La denominación de cada alelo representa su tamaño en pares de base. Los materiales representados por solo un número son homocigotos.

	OG 5	OG 7	OG 8	OG 10	OG 12	OG 17	OG 27	OG 29	OG 32	OG 41	OG 43	OG 63	OG 64	OG 81	OG 101
Basmati	170	153	128	109	228	124	182	R	233	130	119	124	124	78	102
Colombia 1	-	149/159	134	87	202	120	172	80	243	130	83	124	124	78	100
Eloni	182	149	134	123	218	114	136	86	233	122	95	124	118	72	94/152
Nanicão	174	153	136	123	216	124	146	92	233	134	95	124	118	72	106
Quebra Cacho	192	159	136	103	202	120	172	78	241	130	79	-	130	84	100
UPR 103-80-1-2	172	151	128	97/103	216	172	146	86	233	134/198	89	124	124	78	106/142
Metica 1	172	149	128	97/123	216	124	146	80	241	130	81	126	118	72	100/154
BR-IRGA 409	172	153	126	97	216	184	146	86	233	198	89	124	118	72	152
Brejeiro	192	163/179	126	103	228	114	152	80	241	122	83	122	122	74	94
De Abril	172	149	126	103	216	132	148	86	233	148	89	122	112	70	116
IRI 342	172	153/155	126	109/123	218	172	136	92	233	136/198	83	124	118	72	106/152
Paga Dívida	172/192	149/178	126	103/123	228/202	116/134	146/152	80/86	243	122/148	81/89	112/124	118	72/74	94/116
IR36	170	149	122	103	216	124	146	82	233	136	95	124	118	72	106
BG 90-2	172	153/155	136	123	210	126	146	86	233	136	95	118	118	72	116
Javaé	172	149	122	103	216	184	144	80	233/241	202	83	124	122	76	162
CICA 8	172	149	126	97	210	172	144	86	233	198	83	124	118	72	148
CNA 7	192	149	126	103	202	116	164	80	241	136	81	112	-	82	100
CNA 3815	172	153	126	97/123	216	172	144	86	233	198	83	124	118	72	148
CNA 3887	172	149	126	97	210	172	144	86	233	198	83	124	118	72	148
CNA 3848	172	149	122	103	218	172	144	82	233	198	81	124	118	72	148
CNA 6860	174	149	128	97	218	120	144	80	233	134	81	124	118	72	100
Bluebelle(3)	192	167	134	87	236	116	164	80	243	122	81	134	134	86	106
O. glumaepatula 93-2	218	132	106	103	228	138	218	112	231/251	148	119	126/136	134	86	116
O. rufipogon	208/228	142	108	74/97	162/158	124/130	124	114	229	136	121	120/128	142	88/98	116/152

probable, un alto grado de polinización cruzada con otra u otras variedades. La selección de los progenitores debe tener en cuenta la homocigosis de los candidatos en la evaluación de la característica de interés que, cuando se necesita, facilita la reconstrucción de la población base. Otros progenitores, como IRI 342 y UPR 103-80-1-2, parecen no haber alcanzado aún niveles elevados de homocigosis. En general, todavía, la mayor parte de los progenitores son homocigotos en los loci hipervariables evaluados. La presencia de progenitores heterocigotos con seguridad afecta la estimativa de incremento de la diversidad génica esperada entre estos y los ciclos iniciales de selección (Cuadro 5).

La escogencia de progenitores de la población base de los programas de selección recurrente debe tener en cuenta la homocigosis de los candidatos en la evaluación de la característica de interés, una condición que facilita la reconstitución de la población base cuando ella se hace necesaria. Los marcadores SSR son muy eficientes para estimar la homocigosis de progenitores potenciales.

Hasta el momento siete de los loci SSR seleccionados (OG 5, OG 17, OG 41, OG 63, OG 64, OG 81, y OG 101) se utilizaron para genotipar 55 plantas del ciclo CNA-5/0/1 y 60 plantas del ciclo CNA-5/0/3 (Cuadro 6).

El análisis de la Colección de Referencia de los 22 progenitores de la CNA-5 y de los ciclos 0 y 4 de intercruzamiento, con una serie seleccionada de marcadores hipervariables SSR, con seguridad va a revelar las relaciones de vínculo genético entre los progenitores y los ciclos de intercruzamientos. Los loci con grande número de alelos en bajas frecuencias serán, en particular, importantes para este objetivo, una parte del cual se discute continuación. Es importante anotar que en un ensayo

Cuadro 5. Diversidad génica observada en siete loci estudiados en los progenitores de la población de selección recurrente CNA-5 y en los ciclos de intercruzamientos CNA-5/0/1 y CNA-5/0/3.

Locus SSR	Progenitores	CNA-5/0/1	CNA-5/0/3
OG 5	0.05	0.09	0.05
OG 17	0.04	0.06	0.13
OG 41	0.14	0.04	0.04
OG63	0.05	0.07	0.00
OG 64	0.00	0.00	0.02
OG 81	0.05	0.30	0.23
OG 101	0.23	0.13	0.19
Media	0.08	0.10	0.10

complementario, las plantas genotipadas de cada ciclo se utilizaron como la base de un programa de obtención de líneas vía SSD *(Single Seed Descent)* para estimativas de rendimiento e inferencia sobre el ciclo adecuado de extracción de líneas.

Los alelos identificados en siete loci SSR analizados hasta el momento en la Colección de Referencia, en los progenitores de la CNA-5 y en muestras de dos ciclos de intercruzamientos (CNA-5/0/1 y CNA-5/0/3), se incluyen en el Cuadro 6. Tal como se esperaba, el número de alelos en cada locus es mayor en la Colección de Referencia que en los 22 progenitores. Algunos de estos alelos poseen baja frecuencia en la Colección, como el alelo OG 10/148 (f = 0.05), pero presentan frecuencia mayor entre los 22 progenitores (f = 0.18). En los siete loci analizados se observa la desaparición de alelos (disminución de la variabilidad genética) presentes en los progenitores a medida que los ciclos de intercruzamientos avanzan (Cuadro 6).

Los datos son todavía preliminares, pero esto podría ser un indicativo de que la estrategia de intercruzamiento utilizada lleva a una reducción (prematura) de alelos en la medida que los ciclos de intercruzamientos avanzan. Esto podría significar que algún o algunos progenitores se ven favorecidos en el proceso de recombinación. Una característica de esta estrategia de selección recurrente, es la utilización en cada ciclo de androesterilidad para facilitar el proceso de recombinación. De esta forma ocurriría un retorno al *background* genético del progenitor IR36 a cada ciclo, lo que podría causar un desvío en las frecuencias alélicas de regiones genómicas asociadas al testigo de androesterilidad y/o, la reducción de la variabilidad alélica. Los loci OG 5, OG 17, OG 41, y OG 101 son interesantes, en particular, para analizar esta posibilidad (Cuadro 7). En estos loci, el alelo presente en el progenitor IR36 (homocigoto) se observa en un número pequeño de las 22 líneas progenitoras de la CNA-5. Por ejemplo, el alelo OG 5/170 sólo se observa en las variedades progenitoras Basmati y CICA 8, además de en IR36. Este alelo tiene frecuencia 0.07 en la Colección de Referencia, 0.14 entre los 22 progenitores, y sube significativamente a 0.31 en el ciclo 3 (CNA-5/0/3). Lo mismo ocurre en los otros tres loci mencionados (Cuadro 7).

Conclusión

El análisis de la Colección de Referencia de accesiones del Banco Activo de Germoplasma de Arroz de los progenitores de CNA-5, y de muestras de las poblaciones CNA-5/0/1 y CNA-5/0/3, con marcadores RAPD y microsatélites permitió:

- Verificar que algunos de los progenitores de CNA-5 son similares desde el punto de vista genético, como IR36 y CNA 3815. Ello sugiere que el proceso de selección de progenitores de programas de

Cuadro 6. Número y frecuencia de alelos en siete loci SSR estudiados en la Colección de Referencia (108 líneas y variedades del Banco Activo de Germoplasma de Arroz), en los 22 progenitores de CNA-5 y en muestras de plantas de los ciclos de intercruzamientos CNA-5/0/1 y CNA-5/0/3 (55 y 60 muestras, respectivamente). La denominación de cada alelo representa su largo en pares de base.

		Frecuencias alélicas observadas			
Locus SSR	Alelos	Población	Progenitores	CNA-5/0/1	CNA-5/0/3
	164	0.01	-	-	-
	170	0.07	0.14	0.14	0.31
	172	0.23	0.50	0.74	0.65
OG 5	174	0.07	0.09	0.54	-
	182	0.03	0.05	0.03	0.04
	184	0.01	-	-	-
	192	0.55	0.21	0.04	-
	194	0.02	-	-	-
	114	0.02	0.09	-	-
	116	0.02	0.11	0.06	0.03
	120	0.27	0.13	0.41	0.43
0G 17	124	0.26	0.18	0.40	0.30
	126	0.01	0.04	-	-
	130	0.18	-	-	-
	134	0.03	0.07	0.09	0.04
	142	0.05	-	-	-
	172	0.09	0.27	0.03	0.20
	184	0.06	0.09	0.01	-
	122	0.42	0.16	0.07	0.01
	130	0.25	0.18	0.48	0.44
	132	0.01	-	-	-
	134	0.08	0.11	0.27	0.09
OG 41	136	0.08	0.16	0.04	0.28
	148	0.01	0.07	0.10	0.05
	198	0.14	0.27	0.02	0.12
	202	0.01	0.04	-	-
	112	0.23	0.07	0.08	-
	118	0.06	0.09	-	-
	120	0.01	-	-	-
OG 63	122	0.04	0.09	0.20	0.02
	124	0.52	0.64	0.64	0.75
	126	0.02	0.05	0.09	0.22
	130	0.06	-	-	-
	134	0.05	0.05	-	-

Continúa...

(Continuación...)

Cuadro 6. Número y frecuencia de alelos en siete loci SSR estudiados en la Colección de Referencia (108 líneas y variedades del Banco Activo de Germoplasma de Arroz), en los 22 progenitores de CNA-5 y en muestras de plantas de los ciclos de intercruzaamientos CNA-5/0/1 y CNA-5/0/3 (55 y 60 muestras, respectivamente). La denominación de cada alelo representa su largo en pares de base.

		Frecuencias alélicas observadas			
Locus SSR	Alelos	Población	Progenitores	CNA-5/0/1	CNA-5/0/3
	108	0.01	-	-	-
	112	0.03	0.05	0.16	0.07
	118	0.32	0.62	0.74	062
	120	0.05	-	-	-
	122	0.05	0.09	-	-
OG 64	124	0.12	0.14	0.09	0.31
	128	0.02	-	-	-
	130	0.19	0.05	-	-
	134	0.20	0.05	-	-
	70	0.04	0.04	0.10	0.14
	72	0.39	0.57	0.62	0.62
	74	0.12	0.07	002	0.14
	76	0.02	0.04	-	-
OG 81	78	0.06	0.14	0.24	0.07
	82	0.04	0.04	-	-
	84	0.14	0.04	0.01	0.02
	86	0.05	0.04	-	-
	88	0.03	-	-	-
	92	0.11	-	-	-
	94	0.04	0.14	0.05	0.01
	100	0.04	0.14	0.23	0.13
	102	0.01	0.04	0.09	0.28
OG 101	106	0.44	0.16	0.40	0.30
	110	0.04	0.04	-	-
	112	0.16	-	-	-
	116	0.08	0.11	0.12	0.07
	118	0.02	-	-	-
	122	0.01	-	-	-
	142	0.01	0.02	-	-
	148	0.05	0.18	0.04	0.13
	152	0.04	0.09	0.05	0.08
	154	0.05	0.02	-	-
	162	0.01	0.04	-	-

Cuadro 7. Potencial de contribución de la línea androesteril IR36 a lo largo de los ciclos de intercruzamientos. El alelo presente en IR36 se encuentra en un pequeño número de progenitores de CNA-5.

Locus SSR	Alelo en IR36	Progenitores con el mismo alelo	Colección de Referencia	Frecuencia observada		
				Progenitores	CNA-5/0/1	CNA-5/0/3
OG 5	170	Basmati CICA 8	0.07	0.14	0.14	0.31
OG 17	124	Basmati Metica 1	0.26	0.18	0.40	0.30
OG 41	136	IRI 342 BG 90-2 CNA 7	0.08	0.16	0.04	0.28
OG 101	106	Nanicão UPR 103-80-1-2 IRI 342 Bluebelle	0.44	0.19	0.40	0.30

selección recurrente debe considerar informaciones sobre la disimilitud genética entre los progenitores potenciales. Al ser similares, estos progenitores presentan una tendencia a no contribuir con alelos alternativos que favorezcan nuevas combinaciones génicas. También afectan de manera significativa las frecuencias alélicas de los ciclos de selección, así como la definición del ideotipo que busca el mejorador. Por el bajo costo, la rapidez y la eficiencia en las estimaciones de parámetros genéticos se recomienda la utilización de marcadores moleculares para ayudar en la definición de los progenitores.

- La elección de los progenitores debe tener en cuenta la homocigosis de los candidatos en la evaluación de la característica de interés, condición que facilita la reconstitución de la población base cuando ella es necesaria. Los marcadores SSR son muy eficientes para estimar la homocigosis de los progenitores potenciales.
- Las distancias genéticas 'par-y-par' se estimaron entre las variedades de la Colección de Referencia, incluyendo los progenitores de CNA-5. Los datos indican que algunos de los progenitores son similares desde el punto de vista genético (ya mencionados), y que otros forman grupos de similitud respecto a los demás accesos analizados (Ex. Metica 1, CNA 3848, CICA 8, CNA 3815, BR-IRGA 409, y CNA 6860). En el proceso de selección de progenitores sería, quizás, más efectivo para el programa de selección recurrente, identificar accesiones que no formen grupos específicos, de preferencia distribuidos por toda la variación de similitud genética observada en el dendrograma. La línea

androestéril IR36 está relativamente distante de las demás líneas progenitoras.

- Las accesiones de la Colección de Referencia se clasificaron en dos grandes grupos compuestos por líneas y variedades con *background* genético *índica* y *japónica*. Un subgrupo de las variedades *japónica* está compuesto por accesiones que en apariencia sufrieron introgresión génica del grupo *índica*. La clasificación de las accesiones en los dos grupos ayuda en la definición de los progenitores y permite la ampliación de la base genética de los programas por la utilización de líneas de los dos *pools* génicos.
- Varios loci de marcadores microsatélites se caracterizaron con base en la Colección de Referencia posibilitando el desarrollo de un banco de datos de frecuencia alélicas para el análisis del germoplasma de arroz. En algunos de estos locus puede identificarse un gran número de alelos, como en OG 101 (14 alelos). El banco de datos podrá utilizarse para estimaciones de parámetros genéticos en pruebas de identidad, reconocimiento de híbridos control de pureza de semillas, etc.
- Los genotipos de los progenitores de CNA-5 indican que éstos, en su mayoría, son homocigotos. Algunos materiales, como Paga Dívida y UPR 103-80-1-2 presentan aún varios loci heterocigotos. Utilizar líneas puras en la composición de la población base, es importante pues la selección de progenitores utiliza criterios como el análisis de cruces dialélicos, y cruces *top cross* en la estimación del rendimiento medio de los sintéticos.
- En los siete loci SSR analizados en los progenitores y en las poblaciones CNA-5/0/1 y CNA-5/0/3 se observó una disminución de alelos que caracteriza en potencia una pérdida (prematura) de variabilidad alélica a lo largo de los ciclos de intercruzamientos.
- En cuatro loci SSR se observó un incremento acentuado de la frecuencia de alelos con los que contribuyen el progenitor androestéril (IR36).

Referencias

Brondani, C.; Brondani, R. P. V.; Rangel, P. H. N.; y Ferreira, M. E. 2000. Development and mapping of *Oryza glumaepatula* - derived microsatelites markers in the interspecific cross *O. glumaepatula* x *O. sativa*. (Sometido para publicación en Genetics and Molecular Biology)

Chen, X.; Temnykh, S.; Xu Cho, Y. G.; y McCouch, S. R. 1997. Development of a microsatellite framework map providing genome-wide coverage in rice (*Oryza sativa* L.). Theor. Appl. Genet. 95:553-567.

Cuevas-Pérez, F. E.; Guimarães, E. P.; Berrio, L. E.; y Gonzáles, D. I. 1992. Genetic base of irrigated rice in Latin America and the Caribbean, 1971 to 1989. Crop Sci. 32:1054-1059.

Efron, B. y Tibishirani, R. 1986. Bootstrap methods for standard errors, confidence intervals, and other measures of statistical accuracy. Stat. Sci. 1:54-77

Ferreira, M. E. y Grattapaglia, D. 1996. Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética. Embrapa Cenargen, Brasilia. 220p.

Hallauer, A. R. y Miranda, J. B. 1988. Quantitative genetics in maize breeding. Iowa State University Press, 2a. ed. Iowa, USA. 468 p.

Michelmore, R. W.; Paran, I.; y Kesseli, R. V. 1991. Identification of markers linked to disease resistance genes by bulked segregant analysis: a rapid method to detect markers in specific genomic regions by using segregating populations. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 88:9828-9832.

Rangel, P. H. N. y Neves, P. de C. F. 1997. Selección recurrente aplicada al arroz de riego en Brasil. En: Guimarães, E.P. (ed.). Selección recurrente en arroz. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. p. 79-97.

Rangel, P. H. N.; Guimarães, E. P. y Neves, P. de C. F. 1996. Base genética das cultivares de arroz (*Oryza sativa* L.) irrigado do Brasil. Pesq. Agropec. Bras. 31(5): 349-357.

Rohlf, F. J. 1992. NTSYS-pc: Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System. Exceter Software, New York.

Schmidt, A.; Rangel, P. H. N. y Ferreira, M. E. 1997. Identification of Indica- and *Japonica*-specific regions of the *Oryza sativa* genome. Rev. Bras. Genet. 20:C69, p.152.

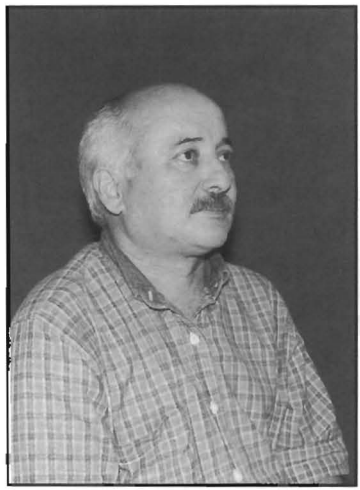
Singh, R. J. e Ikehashi, H. I. 1981. Monogenic male sterility in rice: Induction, identification and inheritance. Crop Sci. 21:286-289.

Thormann, C. E.; Ferreira, M. E.; Camargo, L. E. A.; Tvang, J. G.; y Osborn, T. C. 1994. Comparison of genetic relationship estimates among cruciferous species based on RFLP and RAPD markers. Theor. Appl. Genet. 88:973-980.

Experiencias en Manejo de Poblaciones de Arroz de Riego en Condiciones Tropicales

Capítulo 4

Mejoramiento Poblacional del Arroz de Riego en Brasil



Paulo Hideo N. Rangel

Paulo Hideo N. Rangel[1]
Francisco J. P. Zimmermann[1]
Paulo R. R. Fagundes[2]

[1]Investigadores de Embrapa Arroz e Feijão, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA), Caixa Postal 179, 75375-000, Santo Antônio de Goiás, Goiás, Brasil; Correo electrónico: phrangel@cnpaf.embrapa.br;
[2]Investigador de Embrapa Clima Temperado, Caixa Postal 403, 96001-970, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil

Contenido

Resumen

Abstract

Introducción

Base Genética de la Selección Recurrente

- El método
- Mantenimiento de las ganancias de selección

Manejo de las Poblaciones

Resultados de Investigación Obtenidos con las Poblaciones

Consideraciones Finales

Referencias

Resumen

Un objetivo siempre presente en los programas de mejoramiento es el incremento del rendimiento de granos del cultivo. En el mejoramiento poblacional del arroz de riego en Brasil, la estrecha base genética de las poblaciones utilizadas ha contribuido al establecimiento de techos de rendimiento. La estrecha base genética de las poblaciones presenta dos problemas para los programas de mejoramiento: alta vulnerabilidad de las variedades a los estréses bióticos, por estar genéticamente relacionados, y reducción de las posibilidades de ganancias adicionales en la selección, en particular para características cuantitativas como el rendimiento. Diversos trabajos de investigación con arroz de riego muestran que los programas de mejoramiento genético deben corregir algunos rumbos y utilizar nuevas estrategias de mejoramiento para aumentar el potencial de rendimiento de las variedades. El mejoramiento poblacional se está considerando como la mejor alternativa para obtener ganancias en características cuantitativas. Esta estrategia en arroz de riego se inició, en Brasil, en 1992 y en la actualidad se trabaja con cinco poblaciones en las cuales se utiliza el gen de androesterilidad genética con base en la evaluación de familias $S_{0:2}$. Las CNA-IRAT P y CNA-11 se trabajan para la región sur y la CNA-IRAT 4, CNA-1, y CNA-5 para las regiones sudeste, centro-este y norte. En los diferentes estudios adelantados sobre las mismas, las ganancias genéticas para rendimiento de granos fueron superiores a las estimadas por varios autores para programas de mejoramiento convencional. La extracción de líneas fijas a partir de las familias $S_{0:2}$ seleccionadas para recombinación y creación de la nueva población, ha sido una práctica común y ha permitido aprovechar la metodología aún en sus etapas iniciales.

Brazilian Irrigated Rice Population Improvement

Abstract

One objective always present in a plant-breeding program is yield increase. But the narrow genetic base of Brazilian irrigated rice has led to the development of yield plateaus. Two other problems are also created: high vulnerability to biotic stresses across varieties because of their genetic closeness; and the reduced possibilities of obtaining additional gains from selection, particularly for quantitative traits such as yield. Several studies on irrigated rice indicate that breeding programs will have to reorient their directions and use new breeding strategies to increase varietal yield potential. Population improvement by recurrent selection is considered the best alternative for achieving gains in quantitative traits. This approach was first used in irrigated rice in Brazil in 1992 and, now, five populations have been established, based on using the male-sterile gene and on evaluating $S_{0:2}$ families. Populations CNA-IRAT P and CNA-11 are used for southern Brazil, and CNA-IRAT 4, CNA-1, and CNA-5 for southeastern, central eastern, and northern Brazi. Different studies showed that genetic gains observed for yield were higher than those obtained from conventional breeding programs. The derivation of fixed lines from $S_{0:2}$ families selected for recombination and creation of a new population is common practice and makes good use of the methodology, even in its early stages.

Introducción

El desarrollo de las variedades de arroz de riego de baja estatura se considera uno de los mayores logros de la historia moderna del mejoramiento genético. El precursor de la 'Revolución Verde' fue el cultivar IR8 —conocido como el arroz milagroso que revolucionó la orizicultura mundial— liberado en 1966 (Jennings *et al.*, 1979) por el International Rice Research Institute (IRRI), Filipinas. Por sus características agronómicas favorables como baja estatura, buen macollamiento, respuesta a la fertilización nitrogenada y, en particular, elevado rendimiento de granos, este cultivar produjo profundas transformaciones no solo en los agricultores que pasaron a utilizar mejores tecnologías en sus cultivos, sino también en la filosofía de los programas de mejoramiento genético que dirigieron todos sus esfuerzos de investigación a desarrollar variedades con el tipo de planta moderno. Para ello los fitomejoradores utilizaron intensamente IR8 o líneas derivadas de éste como progenitores en los cruzamientos, estrategia con la cual limitaron la variabilidad genética de las poblaciones utilizadas en el mejoramiento.

A mediados de los años 70 a partir de la reorganización de la investigación agrícola en Brasil, los investigadores involucrados con el cultivo del arroz de riego, aprovecharon todos los avances logrados por los grupos internacionales de investigación reduciendo los caminos para cumplir sus metas (Morais y Rangel, 1997). Ese esfuerzo fue compensado a principios de la década del 80 cuando los cultivares tradicionales de porte alto fueron sustituidas por las modernas de porte bajo, prácticamente doblando el rendimiento de arroz de riego en varios estados del país. En Rio Grande do Sul el rendimiento de granos de los cultivos se incrementó en 30% (Carmona *et al.*, 1994), y en Santa Catarina 66% (Ishiy, 1985) al asociarse los cultivares modernas con un mejor manejo del cultivo.

Después de este gran avance, el rendimiento de granos del cultivo del arroz de riego se mantuvo estable y los esfuerzos para incrementar el potencial productivo de los cultivares no han resultado en ganancias significativas. Eso se explica básicamente por dos factores:

- Prioridad para el desarrollo de cultivares con buena calidad de grano.
- Uso repetitivo de pocos progenitores en la formación de las poblaciones de mejoramiento.

Esta estrategia ha permitido obtener variedades que proporcionaron ganancias considerables para calidad industrial y culinaria de los granos y resistencia a enfermedades, en particular, a piricularia.

A pesar de que uno de los objetivos de los programas de mejoramiento es el incremento del rendimiento del cultivo, es probable que la estrecha base genética de las

poblaciones utilizadas en el mejoramiento poblacional del arroz de riego en Brasil esté contribuyendo al establecimiento de techos de rendimiento. En otras palabras, combinaciones superiores de genes que llevan a un mayor rendimiento o a una mayor calidad de un carácter dependen de la existencia de esos genes en las poblaciones que se van a someter a la selección. En el caso específico del arroz de riego en Brasil, según Rangel *et al.* (1996), sólo diez ancestros contribuyen con el 68% del conjunto genético de las variedades cultivadas. Al considerar las variedades más sembradas en los principales estados productores de arroz de riego, se observa que siete progenitores son más frecuentes en la genealogía y que son responsables del 70% de los genes. En Rio Grande do Sul, el mayor productor de arroz de riego del país, seis contribuyen con el 86% de los genes de las variedades más sembradas.

En el año agrícola 1998/99, según datos del IRGA (1999), alrededor del 68% del área en Rio Grande do Sul la ocuparon los cultivares El Paso 144 (23%), IRGA 417 (21%), BR-IRGA 410 (13%), y BR-IRGA 409 (11%). Estos cultivares presentan un alto grado de similitud genética siendo El Paso 144 originaria de selección dentro de BR-IRGA 410 que tiene la misma genealogía de BR-IRGA 409. IRGA 417 se obtuvo de un cruce triple en el cual BR-IRGA 409 contribuyó con el 50% de los genes. Tal situación de alta uniformidad genética puede traer serias consecuencias no solo a la orizicultura del Estado sino a la producción brasileña de arroz (Rangel *et al.*, 1996).

Breseghello *et al.* (1999) evaluaron la base genética de las líneas probadas en la región nordeste del país en el período 1984 a 1993 y observaron que ocho progenitores responden por alrededor de 65% del conjunto genético, y que los de IR8 contribuyen con la mayor proporción, alrededor del 35%.

A nivel mundial se ha observado una estrecha relación genética entre las variedades de arroz de riego ya que en la obtención de nuevas variedades se ha utilizado ampliamente IR8 o líneas descendientes de éste. Además se estima que 60% de las variedades actuales de arroz de riego poseen el citoplasma del progenitor Cina (CIAT, 1994). Cuevas-Pérez *et al.* (1992) determinaron la genealogía de las variedades de arroz de riego cultivadas en América Latina y el Caribe y llegaron a la conclusión que éstas provienen de 101 progenitores. A pesar de la aparente amplia base genética verificaron que estos ancestros contribuyen de manera muy desigual al conjunto génico y que 39% de los alelos son originarios de Deo-Geo-Woo-Gen, Cina y Lati Sail, padres de IR8. Cuando los autores consideraron el área sembrada con cada variedad, tal contribución aumentó a 56%. Según Morais (1997) un número aparentemente grande de líneas puede representar un tamaño efectivo poblacional estricto cuando ellas están muy aparentadas.

La estrecha base genética de las poblaciones presenta dos problemas a los programas de mejoramiento genético:

- Alta vulnerabilidad de las variedades a los estréses bióticos por estar genéticamente relacionadas.
- Reducción de las posibilidades de ganancias adicionales en la selección, en particular para características cuantitativas como el rendimiento de granos, debido a que el fitomejorador maneja un conjunto genético limitado.

En Brasil Rangel *et al.* (1996) presentan resultados que señalan la vulnerabilidad de las variedades de arroz de riego a piricularia, principal enfermedad del arroz, causada por el hongo *Pyricularia grisea* Sacc. Tal enfermedad se constituye como la más seria limitante del cultivo en el Estado de Tocantins, tercer mayor productor de arroz de riego.

En los programas de mejoramiento genético de arroz de riego del país sólo se han utilizado dos fuentes de resistencia: Tetep y Tadukan. Rangel *et al.* (1992) compararon el rendimiento medio de las líneas élite evaluadas en los ensayos de rendimiento efectuados entre 1985 y 1989 en los Estados de Rio Grande do Sul, Santa Catarina, Minas Gerais, Tocantins y Alagoas, y verificaron que ninguna línea superó los mejores testigos (BR-IRGA 409 y CICA 8). Sin embargo, las líneas introducidas para evaluación superaron los testigos en calidad de grano.

Breseghello *et al.* (1999) al evaluar las ganancias obtenidas para rendimiento de granos en el programa de mejoramiento genético de arroz de riego en la región nordeste del Brasil obtuvieron un estimativo de 0.77% al año. Más adelante, Rangel *et al.* (s.f.) estimaron una ganancia de solamente 0.30% al año para rendimiento de granos en el programa de mejoramiento genético de arroz de riego del norte medio de Brasil.

En Minas Gerais Santos *et al.* (1997) evaluaron las ganancias para rendimiento de granos obtenidas por el programa de mejoramiento genético en el período 1974/76 a 1979/80 y 1980/81 a 1995/96. En la primera etapa, que corresponde al período en que las variedades tradicionales estaban siendo sustituidas por las modernas de porte bajo, la ganancia estimada fue de 6.10% al año que muestra el gran salto en rendimiento logrado con estas variedades. De 1980/81 a 1995/96, etapa posterior a la sustitución, el rendimiento de granos no varió con una ganancia de sólo 0.25%, no significativa. Los resultados de esos trabajos indican de manera clara que los programas de mejoramiento genético de arroz de riego deben cambiar sus rumbos y buscar nuevas estrategias de mejoramiento para poder incrementar el potencial productivo de las variedades.

Siendo el rendimiento de granos un carácter cuantitativo gobernado por un sinnúmero de genes menores, la probabilidad de se encontrar un individuo en cualquier generación segregante que tenga todos los alelos favorables, es muy remota y disminuye en la medida en que se aumenta la generación en

consideración. En general, esos alelos están dispersos en las familias bajo evaluación. Al seleccionar individuos superiores en poblaciones genéticamente divergente para luego intercruzarlos, se incrementa la frecuencia de los alelos favorables en la nueva población y con eso, se incrementan las oportunidades de encontrar individuos con todos los alelos favorables. Ese es el fundamento básico del mejoramiento poblacional mediante la selección recurrente, que en la actualidad se considera como la mejor alternativa para obtener ganancias continuas en características cuantitativas —como el rendimiento— dentro de programas de mejoramiento genético de arroz de riego.

Base Genética de la Selección Recurrente

El método

La selección recurrente es un método de mejoramiento dinámico y continuo que consiste en la selección de individuos dentro de una población genéticamente heterogénea, seguida de la recombinación para formar una nueva población que se utilizará en un nuevo ciclo de selección (Fehr, 1987). En la práctica cuando se analizan los programas de mejoramiento convencionales, se observa que éstos adoptan en su ejecución un esquema de selección recurrente a largo plazo, en el cual cada ciclo de selección se completa en ocho a diez años, lo que implica un método de baja eficiencia. Este capítulo analizará el método de selección recurrente en el cual cada ciclo se completa en un corto espacio de tiempo, dos a tres años.

Las principales ventajas de la selección recurrente según Fehr (1987) y Geraldi (1997) pueden resumirse así:

- Obtención de mayor variabilidad genética por intercruzamientos de varios progenitores.
- Mayores oportunidades de recombinación genética por la realización de cruzamientos sucesivos.
- Mayor eficiencia en el aumento de la frecuencia de genes favorables en la población debido al proceso repetitivo y acumulativo de selección y recombinación de los individuos superiores.
- Mayor facilidad para incorporar genes de germoplasma exótico en la población.

Según Hallauer (1985) en la medida en que aumenta el número de genes que controla un carácter, disminuye rápidamente la oportunidad de obtener plantas homocigotas con los alelos favorables. El Cuadro 1 presenta el número esperado de plantas homocigotas para n loci favorables en 1000 y 10,000 plantas. Por ejemplo, en el caso de un carácter controlado por cinco genes con frecuencia de 0.5 para el alelo favorable —cuyo objetivo es tener los alelos favorables en cada locus en una planta individual como una línea pura de arroz— se observa sólo una planta en 1000 homocigotas para los alelos favorables. En el mismo caso,

Cuadro 1. Número esperado de plantas homocigotas en 1000 y 10,000 plantas para **n** loci favorables.

	En 1000 plantas para **n** loci				En 10,000 plantas para **n** loci			
p	5	10	20	40	5	10	20	40
0.45	-	-	-	-	3	-	-	-
0.50	1	-	-	-	10	-	-	-
0.55	3	-	-	-	25	-	-	-
0.60	6	-	-	-	60	-	-	-
0.65	13	-	-	-	135	2	-	-
0.70	28	1	-	-	282	8	-	-
0.75	56	3	-	-	563	32	-	-
0.80	107	12	-	-	1073	115	12	-
0.90	349	122	15	-	3486	1215	148	2

$(p)^{2n}$: frecuencia de individuos homocigotos para el alelo favorable donde **n** es el número de loci y **p** es la frecuencia del alelo favorable que se asume sea la misma para todos los loci.

Fuente: Hallauer (1985).

el carácter controlado por un mayor número de genes (40) presentes con una mayor frecuencia (0.9), se espera en sólo dos individuos en 10,000. La situación es aún más compleja si a los alelos favorables los afecta el medio ambiente. En este caso el fitomejorador debe ser un experto en identificar los individuos con los alelos favorables cuando éstos ocurran en la población.

Las ventajas de incrementar la frecuencia de los genes favorables en una población se pueden observar en el Cuadro 1. Un pequeño aumento en la frecuencia génica (de 0.55 para 0.60) aumenta las oportunidades de obtener individuos que posean alelos favorables.

Cabe resaltar que el muestreo repetido de una misma población no incrementa la frecuencia genética por ser esta una propiedad de la población como lo indicaron Geraldi y Souza en el Capítulo 1.

El incremento de la frecuencia génica requiere el intercruzamiento de individuos que posean alta frecuencia de alelos favorables en los diferentes locus que contribuyen a la expresión del carácter.

Mantenimiento de las ganancias de selección

Uno de los más importantes retos del fitomejorador, al conducir un programa de mejoramiento poblacional, es mantener las ganancias genéticas a medida que se realizan los ciclos de selección recurrente. Algunos procedimientos se pueden utilizar para mantener las ganancias obtenidas por un período mayor de tiempo.

Es importante considerar que los aumentos de las frecuencias génicas (Δp) no son constantes con los ciclos de selección. En general, las ganancias se reducen a medida que se mejora la población. Existen situaciones en las cuales a partir de un determinado ciclo de recurrencia, las ganancias genéticas son muy bajas en especial debido a una marcada reducción en la variabilidad. A partir de ese punto no vale más la pena el trabajo ni el tiempo adicionales necesarios para completar nuevos ciclos (Geraldi, 1997). Rangel y Zimmermann (1998) al evaluar la población de arroz de riego CNA-1 observaron que de un ciclo de selección a otro se presentó una reducción en las ganancias genéticas de 4.6% a 3.3%.

Según Paterniani (1980) cualquier método de selección mejora para la característica bajo selección. El fitomejorador debe utilizar el método que proporcione la mayor ganancia de selección posible en la unidad de tiempo.

De manera general, con la siguiente fórmula se puede estimar la ganancia genética esperada por año a través de la selección:

$$G = k\sigma_A^2 / y\ \sigma_F$$

En la fórmula **k** es el diferencial de selección estandarizado que es función de la intensidad de selección; σ_A^2 es la varianza genética aditiva; **y** es el número de años requeridos para completar un ciclo de selección; y σ_F es la desviación estándar fenotípica del carácter bajo selección. Con base en esa expresión se pueden identificar y analizar algunos factores responsables de la eficiencia del proceso de selección que se discuten a continuación.

Intensidad de selección. Representada por el valor **k** de la expresión, indica que cuanto mayor es la intensidad de selección (o sea menor número de individuos seleccionados), mayores podrán ser las ganancias obtenidas. Sin embargo, hay que considerar que intensidades de selección muy altas, en poblaciones de tamaño reducido, pueden conducir a la endogamia y neutralizar el progreso genético esperado. Además, puede también reducir el tamaño efectivo de la población provocando la fijación y pérdida de genes por oscilación genética, la cual conlleva una disminución de la variabilidad genética.

Parteniani (1980) recomienda que, en general, se utilice una intensidad de selección entre 10% y 20% que según él garantiza progresos satisfactorios a corto plazo y variabilidad genética para progresos en las generaciones que siguen.

En el programa de mejoramiento poblacional de arroz de riego en Brasil se han evaluado 200 familias de cada población. La intensidad de selección utilizada ha sido de 25%. Con el propósito de mantener las actuales ganancias genéticas en los nuevos ciclos de selección, se incrementará el número de familias bajo evaluación a 300 y la intensidad de selección a 17%. Ese cambio permitirá hacer un mejor

muestreo de las poblaciones, incrementará la intensidad de selección y no reducirá el tamaño efectivo de las mismas.

Tipo de acción génica. La selección será tanto más eficiente cuanto mayor sea la variabilidad genética disponible y en la medida que los efectos génicos aditivos sean más importantes. Eso, una vez más, enfatiza la importancia de la población básica utilizada para la obtención de los resultados con la selección.

El aprovechamiento de la varianza genética aditiva depende en gran parte, del método de mejoramiento utilizado. La selección basada en familias permite una mejor identificación de los genotipos superiores comparada con la basada solamente en individuos.

En el caso del arroz, donde se evalúan familias $S_{0:2}$, la varianza aditiva total en esta generación es 7/4, de la cual el método aprovecha la varianza entre familias (4/4). Si se selecciona dentro de las familias se explotarán los 3/4 restantes de la varianza aditiva total.

Por ello, aunque la obtención de este tipo de familia ($S_{0:2}$) puede aumentar el tiempo necesario para completar un ciclo de selección —lo que puede reducir la ganancia genética media por año— vale la pena utilizarla para caracteres que se afectan notoriamente con el medio ambiente.

Años para completar un ciclo de selección. Para calcular la ganancia genética anual es necesario dividir el valor de ésta por el número de años requeridos para completar un ciclo de selección. Así métodos de selección relativamente simples, como por ejemplo la selección masal, con frecuencia producen mayores ganancias/año que métodos más elaborados en los cuales la ganancia total por ciclo es mayor. Como involucra varios años puede resultar menor la ganancia anual.

En el caso del método de selección recurrente entre familias $S_{0:2}$, utilizado en el mejoramiento poblacional del arroz de riego en Brasil, un ciclo de selección se completa en dos años (Rangel y Neves, 1997). Para ahorrar tiempo e incrementar las ganancia anuales, las etapas de avance de familias $S_{0:1}$ para $S_{0:2}$ y de recombinación se efectúan fuera del período normal de siembra.

Precisión en la evaluación de las familias. La utilización de técnicas experimentales adecuadas, así como un mayor número de repetiiones por ensayo, y un mayor cuidado en los experimentos en el campo, puede aumentar la precisión de las evaluaciones de las familias, permitiendo una disminución del σ_F y en consecuencia, un incremento en las ganancias por selección. El uso de evaluaciones en diferentes localidades y años contribuyen a reducir los efectos de la interacción de familias por localidades por años en la selección de familias.

La necesidad de técnicas experimentales más precisas depende del carácter bajo selección. En el caso de un carácter de alta heredabilidad, como resistencia a piricularia en arroz, un menor número de ensayos de evaluación puede discriminar con precisión las familias superiores, en particular si existen técnicas precisas que permitan identificar familias resistentes con un mínimo de error. Para características de baja heredabilidad, como el rendimiento de granos, es necesario un mayor número de ensayos de evaluación y el uso de técnicas experimentales más sofisticadas para identificar las mejores familias.

En el caso del mejoramiento poblacional desarrollado en Brasil, las familias $S_{0:2}$ se evalúan en tres localidades en la región sur y en siete, en las regiones sudeste, centro-este y norte. Esa estrategia ha permitido identificar con alta precisión las familias superiores para la recombinación.

Entre las técnicas experimentales utilizadas se destacan el diseño experimental, el número de repeticiones y el tamaño de la parcela. En cualquier situación la escogencia del diseño experimental más adecuado dependerá de la disponibilidad de semillas y del área experimental. El tamaño de la parcela utilizada y el uso o no de bordes son importantes ya que el coeficiente de variación disminuye con el aumento de la parcela. Así mismo, el número de repetición afecta la desviación estándar de la media que disminuye con su aumento. Aún más el aumento de ambos, parcela y repeticiones, puede afectar la viabilidad de la implantación del experimento por costos. Por ello se hace necesario la definición de compromisos entre esos dos factores.

Tamaño efectivo poblacional. El número adecuado de individuos para formar la población mejorada es de gran importancia en el mejoramiento poblacional para evitar problemas de endogamia y disminuir la variabilidad genética. En esta etapa el fitomejorador debe considerar no sólo la selección de los individuos superiores de acuerdo con los objetivos del programa, sino también evitar la pérdida de genes que contribuyan de manera positiva a un mejor comportamiento general de la población.

Para la selección de una determinada característica se debe utilizar una muestra de la población con un tamaño efectivo suficiente para garantizar el progreso en la dirección que se desea. Así mismo se debe asegurar la presencia de alelos favorables para todas las demás características de interés.

El tamaño efectivo ($\mathbf{N_e}$) casi nunca corresponde al número físico de plantas o familias seleccionadas para reproducir la generación siguiente. Cualquier fitomejorador involucrado con un programa de mejoramiento poblacional debe tener la capacidad de estimar el tamaño efectivo de cada población bajo selección.

Según Morais (1997) la fórmula básica que se utiliza en cualquier caso de organismos bisexuales cuando la autofecundación también puede ocurrir, es la siguiente:

$$N_e = N/2r_{ii}$$

En la fórmula $\mathbf{N_e}$ es el tamaño efectivo; **N** es el número de individuos que será recombinado; y $\mathbf{r_{ii}}$ es el coeficiente de parentesco del individuo con el mismo.

Si consideramos **N** plantas S_0 ($S_{0:0}$), familias S_1 ($S_{0:1}$) o de manera general $S_{0:m}$ como unidades de recombinación, el tamaño efectivo de la poblacional mejorada será:

$$N_e = N/2(1/2) = N$$

Pereira (1980) considerando un modelo genético aditivo concluyó que el tamaño efectivo necesario para garantizar éxito en un proceso selectivo depende de la estructura de la población. Sin embargo, su valor mínimo debe ser alrededor de 40 para poblaciones de base genética amplia y frecuencia genética intermedia; 25 para poblaciones mejoradas; y 50 para poblaciones poco mejoradas. En el programa de mejoramiento poblacional conducido por Embrapa Arroz e Feijão se han utilizado por lo menos 50 familias $S_{0:1}$ en la formación de la población mejorada.

Otro aspecto relevante en un programa de selección recurrente es la utilización de una muestra representativa de la población original en las evaluaciones. A través de los cálculos de las medias y de las varianzas genéticas aditivas y dominantes en la población CNA-IRAT 4/0/3, Badan *et al.* (1998) observaron que con un tamaño efectivo de alrededor de 200 estos parámetros variaron muy poco. Con base en estos datos los autores concluyeron que el tamaño de la muestra ideal para preservar las propiedades genéticas de una población de arroz corresponde a un tamaño efectivo mínimo de 200 familias $S_{0:1}$ o $S_{0:m}$. En el mejoramiento poblacional de arroz de riego en Brasil se han evaluado por lo menos 200 familias $S_{0:2}$ en varias localidades. En el Capítulo 1 de esta publicación se presentan mayores detalles sobre el tamaño de la muestra que representa la población original.

Manejo de las Poblaciones

La selección recurrente ha sido ampliamente utilizada en especies alógamas para mejorar poblaciones y en consecuencia, incrementar las oportunidades de seleccionar líneas superiores cuyo propósito principal es la producción de híbridos. En especies autógamas el mejoramiento siempre fue más estático que en las alógamas quizás debido a la mayor dificultad para realizar cruzamientos.

La mayoría de los programas de mejoramiento genético de arroz utilizan los métodos convencionales (en particular el genealógico), en el cual la población base sintetizada, en general formada por dos a cuatro progenitores aparentados, se realiza a través de autofecundaciones y

selecciones hasta la obtención de líneas endogámicas. Este método tiene como principales desventajas la utilización de un conjunto génico de tamaño limitado, la reducción progresiva e intensa de la variabilidad genética de cada generación de autofecundación y la reducción progresiva de las oportunidades de recombinación. Esas características llevan a una menor posibilidad de que aparezcan individuos transgresivos.

No obstante lo anterior, se han obtenido grandes avances con los métodos clásicos de mejoramiento de autógamas. Sin embargo, estos parecen dar ya muestras de estar exhaustos en particular para características cuantitativas como el rendimiento de granos. En forma paralela las técnicas de cruzamientos en arroz evolucionaron de manera significativa. Como Embrapa desarrolló una técnica que permite que estos se realicen en mayor número y con mayor eficiencia, ya no son un factor limitante para un programa de mejoramiento poblacional (Castro *et al.*, 1999).

Como estrategia alternativa para recombinación en campo, existe el gen recesivo **ms** identificado por Singh e Ikehashi (1981) en un mutante de la variedad de arroz de riego IR36 y que causa la androesterilidad genética. IR36, desarrollada por el IRRI, es una variedad de tipo de planta moderno, de alto rendimiento de granos y otras características agronómicas favorables que se siembra en más de 11 millones de hectáreas en Asia. En la obtención de esa variedad se utilizaron varios progenitores incluyendo variedades tradicionales y la especie silvestre *Oryza nivara* que aportó la resistencia al virus del tungro. El buen comportamiento de IR36 ha sido beneficioso en la sintetización de las poblaciones de arroz de riego pues, además del gen de androesterilidad, se introducen también otras características agronómicas favorables en las poblaciones. La metodología para utilizar el gen en un programa de selección recurrente en arroz la describen Chatel y Guimarães (1995) y Rangel y Neves (1997).

En el mejoramiento poblacional del arroz de riego que se efectúa en la actualidad en Brasil, se utilizan cinco poblaciones, todas ellas con el gen de androesterilidad genética:

- **CNA-IRAT 4**: desarrollada de manera colaborativa por Embrapa Arroz e Feijão y el Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement (CIRAD), a través del intercruzamiento de diez líneas del grupo *indica* utilizando como fuente de androesterilidad la variedad IR36. Esta población se destina en particular a la obtención de líneas de ciclo medio y alto rendimiento de granos.
- **CNA-1**: sintetizada por Embrapa Arroz e Feijão a través de la introgresión de tres nuevos genotipos, dos de ellos fuentes de precocidad (Javaé y CNA 6860) y una de calidad de grano y precocidad (Bluebelle) en la población CNA-IRAT 4.

- **CNA-5**: población de amplia base genética que posee en su constitución genes de las variedades comerciales Metica 1, BR-IRGA 409 y CICA 8; genes de las variedades tradicionales de riego De Abril, Paga Dívida, Quebra Cacho y Brejeiro, y genes de las fuentes de resistencia múltiple a piricularia y a manchado de grano Colombia 1, IRI 342 y Basmati 370.
- **CNA-IRAT P**: sintetizada también a través del trabajo colaborativo entre Embrapa Arroz e Feijão y CIRAD. Es una población de amplia base genética formada por intercruzamientos de líneas de los grupos *índica* (arroz de riego) y *japónica* (arroz de secano), y que tiene como característica sobresaliente la precocidad. Este material se está mejorando para la región sur de Brasil para utilizarlo como fuente generadora de líneas de ciclo corto buscando escape al frío.
- **CNA-11**: población que se destina en particular a la obtención de líneas con tolerancia genética al frío y alto rendimiento de granos. Como la anterior también se está trabajando en la región sur de Brasil. Está constituida por fuentes para rendimiento y calidad de grano, precocidad, tolerancia al frío y a la toxicidad de hierro, y resistencia al gorgojo acuático (Cuadro 2). Para su desarrollo como fuente de androesterilidad se utilizó la población CNA-1/0/1. El Cuadro 3 incluye la probable constitución genética de la CNA-11.

Rangel y Neves (1997) presentan mayor información sobre las poblaciones CNA-IRAT 4, CNA-1, CNA-5, y CNA-IRAT P.

Con excepción de la selección masal todos los métodos de selección recurrente incluyen tres etapas que se realizan de manera repetitiva a lo largo de los ciclos de recurrencia:

- Obtención de familias.
- Evaluación y selección.
- Recombinación de las familias seleccionadas.

En el programa de mejoramiento poblacional de Brasil, el método de selección empleado es la selección recurrente con base en familias $S_{0:2}$ descrito por Rangel y Neves (1997). Al inicio de todas las poblaciones trabajadas fue necesario uno a dos ciclos de selección masal para eliminar las plantas fuera de patrón y uniformar el ciclo y la altura de las mismas. Este procedimiento es de singular importancia en un programa de selección recurrente en arroz en especial cuando se trabajan poblaciones de base genética amplia.

Con el propósito de alimentar de manera continua el programa de mejoramiento convencional (no poblacional) con nuevas líneas, las familias seleccionadas para recombinación en cada población se incorporan al proceso de desarrollo de líneas fijas. Tal estrategia proporciona un mayor dinamismo al mejoramiento poblacional que pasa a tener objetivos a corto y largo plazo. En general, las familias se conducen hasta $S_{5:7}$ utilizando la metodología propuesta por Rangel y Neves (1997).

Cuadro 2. Principales características de los progenitores que constituyen la población CNA-11.

Progenitor	Característica
BR-IRGA 409	Gorgojo acuático; rendimiento de granos
CICA 8	Rendimiento de granos; toxicidad de hierro
Cypress	Calidad de grano
INIA Tacuari	Calidad de grano; precocidad; tolerancia al frío
Cl. Sel. TY 12 Precoce	Tolerancia al frío; precocidad
IAS 12-9 Formosa	Tolerancia al frío
L-202	Tolerancia al frío
Cl. Sel. 251	Gorgojo acuático
Cl. 44-CA_2-16	Gorgojo acuático
IRI 342	Piricularia; helmintosporiosis
Katy	Piricularia
Cl. Sel. 694-1	Piricularia

Durante los sucesivos ciclos de selección recurrente, puede ser necesaria la introgresión de genes en las poblaciones para las características bajo selección. Esto puede realizarse durante el proceso de recombinación. Sus consecuencias sobre las características bajo selección deben evaluarse antes. Para ello, cada nueva fuente de genes se cruza con una muestra de individuos androestériles de la población.

Las familias de medio-hermanos resultantes de esos cruzamientos se evalúan en conjunto con las familias $S_{0:2}$ en los ensayos regionales, lo cual permite evaluar la capacidad general de combinación (**cgc**) de estos individuos que podrán hacer parte de la nueva población.

Si la **cgc** es significativa en el sentido deseado, indica que presenta divergencia genética en relación a la población y que puede contribuir con alelos favorables para el mejor comportamiento de la misma. En estos casos en la recombinación siguiente los nuevos genes se incorporan definitivamente en la población.

El conocimiento de la **cgc** de los nuevos genotipos que se van a introgredir en la población que se está trabajando, es vital para asegurar que los individuos contribuyan con genes positivos sin causar pérdidas acentuadas en la media de las características de interés.

Cuadro 3. Progenitores y participación relativa de las variedades/líneas que constituyen la población CNA-11.

Variedad/línea	Progenitor	Participación Relativa (%) CNA-1	CNA-11
BG90-2	IR262/Remadja	6.25	1.56
CNA 7	T141/IR665-1-1-75-3	6.25	1.56
CNA 3815	CICA 4/BG90-2//SML 5617	6.25	1.56
CNA 3848	IR36/CICA 7//5461	6.25	1.56
CNA 3887	BG90-2/Tetep//4440	6.25	1.56
Colombia 1	Napal/Takao Iku 18	6.25	1.56
Eloni	IR454/SML Kapuri//SML 66410	6.25	1.56
Nanicão	Cultivar Tradicional - Brasil	6.25	1.56
UPR 103.18.1.2	IR24/Cauvery	6.25	1.56
IR36 (msms)	Mutante IR36	18.75	4.69
Javaé	P3085//IR5853/IR19743	8.33	2.09
CNA 6860	Lemont/Q 65101//P 2015	8.33	2.09
Bluebelle	CI 9214//Century Patna/CI 9122	8.33	2.09
BR-IRGA 409	IR930-53/IR665-31-2-4	-	6.25
CICA 8	CICA 4//IR665/Tetep	-	6.25
Cypress	L-202/Lemont	-	6.25
INIA Tacuari	Newbonnet/Newrex L79	-	6.25
Cl. Sel. TY 12 Prococe	TY 12 (*Japónica*)	-	6.25
IAS 12-9 Formosa	Kaoshsiung 21	-	6.25
L-202	Dawn *2//Century Patna 231/ SLO 17	-	6.25
Cl. Sel. 251	Selección RU8003005	-	6.25
Cl. 44-CA_2-16	RS 129/T1	-	6.25
IRI 342	Milyang 23/IRI 1545	-	6.25
Katy	Bonnet 73/CI9722// Starbonnet/Tetep/3/	-	6.25
Cl. Sel. 694-1	Camponi	-	6.25

Resultados de Investigación Obtenidos con las Poblaciones

Con el objetivo de evaluar su potencial genético para fines de mejoramiento se llevaron a cabo varios estudios con las poblaciones de arroz de riego. El primero fue realizado por Morais (1992) en la población CNA-IRAT 4/0/3, que obtuvo ganancias de 7.24% por ciclo de selección para rendimiento de granos. A través de los estimativos de otros parámetros (heredabilidad, coeficiente de variación genética e índice de variación), el autor concluyó que la población posee potencial genético para fines de mejoramiento, siempre que se maneje de forma adecuada.

Más adelante, Rangel *et al.* (1998) evaluaron 162 familias $S_{0:2}$, precoces y de ciclo medio obtenidas de las poblaciones CNA-IRAT 4PR y CNA-IRAT 4ME, respectivamente. Los coeficientes de variación genética y de heredabilidades relativos para rendimiento de granos hicieron evidente la presencia de suficiente variabilidad genética y la posibilidad de obtener ganancias genéticas expresivas. Las respuestas a la selección para la característica rendimiento de granos fue de 4.9% y 6.0% en las poblaciones precoces y de ciclo medio, respectivamente.

Con base en estas informaciones los autores concluyeron que un ciclo de selección recurrente fue eficiente para incrementar el potencial de rendimiento de las poblaciones estudiadas. Rodríguez *et al.* (1998) evaluaron el potencial de la población CNA-1 para fines de mejoramiento por medio de sus parámetros genéticos y de las respuestas directas e indirectas a la selección, así como también por el índice clásico de Smith (1936) y Hazel (1943). Las características rendimiento de granos, piricularia en la hoja, altura de planta, número de espiguillas por panícula y porcentaje de granos llenos presentaron alta variabilidad que se hizo evidente por los coeficientes de variación genética. El porcentaje de granos llenos y el peso de 100 granos presentaron correlaciones genotípicas y de alta magnitud con el rendimiento, siendo los principales responsables por el rendimiento de granos, y esenciales en un programa de mejoramiento cuyo objetivo es obtener genotipos más productivos. Las ganancias por selección directa o por el índice clásico en cuanto al rendimiento de granos fueron de la misma magnitud —alrededor de 24%— lo cual implica una ganancia por ciclo de selección de 12%. Según los autores en la selección basada en el índice se obtuvo respuesta favorable con relación a piricularia en la hoja, lo cual abre la posibilidad de incrementar al mismo tiempo el rendimiento de granos y la resistencia a esta enfermedad en la población mejorada.

Rangel y Zimmermann (1998) adelantaron estudios para evaluar el potencial genético de las poblaciones CNA-1, CNA-IRAT 4, y CNA-IRAT P para utilizarlas en el programa de mejoramiento genético de arroz de riego. Se evaluaron alrededor de 200 familias por población más cuatro testigos (Metica 1, CICA 8,

BR-IRGA 409 y un testigo local) en el diseño experimental de bloques aumentados de Federer. Se realizaron análisis individuales y en conjunto, por región y por población, con el paquete estadístico SAS (SAS, 1989) y por el procedimiento GLM (Modelos Lineares Generalizados) considerando los efectos de familias y localidades como aleatorios.

La intensidad de selección utilizada fue de 25% que resulta en un tamaño efectivo de 50. La ganancia genética esperada por selección, en porcentaje de la media, se calculó con la siguiente fórmula:

$$Gs = (ds.h^2)/X$$

En la fórmula **d s** es igual al diferencial de selección; $\mathbf{h^2}$ es heredabilidad del carácter; y **X** es la media de la población.

Se presentaron diferencias altamente significativas ($p < 0.01$) por la prueba F para rendimiento de granos entre las medias de las familias evaluadas en todas las poblaciones (Cuadro 4). Esto constituye una fuerte evidencia de que en las poblaciones en estudio, también deben presentarse variables relacionadas con el rendimiento de granos.

En la población CNA-1 de un ciclo a otro se presentó un incremento en la media que pasó de 5051 kg/ha a 5462 kg/ha (Cuadro 4). Con los futuros ciclos de selección se espera obtener poblaciones sucesivamente más productivas. A partir de ellas será posible obtener líneas con potencial de rendimiento superior al de las variedades de arroz de riego sembradas en la actualidad. Las ganancias genéticas esperadas

Cuadro 4. Media de las familias evaluadas (MFA) y seleccionadas (MFS), heredabilidades (h^2), ganancia por selección en porcentajes de la media (Gs) y por ciclo (Gsc), significancia de la prueba F y coeficientes de variación (CV) de las poblaciones CNA-1, CNA-IRAT 4, y CNA-IRAT P.

	Población				
	CNA-1/0/1 (3)[1]	CNA-1/1/1 (4)[1]	CNA-IRAT 4/1/1 (2)[2]	CNA-IRAT 4/2/1 (6)[1]	CNA-IRAT P/2/2 (3)[1]
MFA (kg/ha)	5051	5462	4514	5359	4962
MFS (kg/ha)	5983	6087	5346	5892	6152
h^2 (%)	49.9	58.3	55.0	63.0	74.0
Gs (%)	9.2	6.8	12.0	6.3	17.7
Gsc (%)	4.6	3.4	6.0	3.1	8.8
F	**	**	**	**	**
CV (%)	20	17	17	22	26

1. Rangel y Zimmermann (1998).
2. Rangel *et al.* (1998).

Entre paréntesis el número de ensayos conducidos.

** Significativo al nivel de 1% de probabilidad por la prueba F.

por ciclo de selección fueron 4.6% y 3.4% para las poblaciones CNA-1/0/1 y CNA-1/1/1, respectivamente. Esta reducción en las ganancias de un ciclo a otro (Cuadro 4) podría esperarse pues en la medida en que la población se va mejorando, las ganancias tienden a ser menores debido a la disminución de la variabilidad genética de la población.

En la población CNA-IRAT 4/2/1 el rendimiento medio de las familias seleccionadas fue superior a de las familias evaluadas en cerca de 500 kg/ha con una ganancia por selección de 3.1% al año (Cuadro 4). Al comparar estos resultados con los obtenidos por Rangel *et al.* (1998), cuando evaluaron esta misma población con un ciclo de selección, se observa que se presentó un incremento en el rendimiento medio de las familias evaluadas, que pasó de 4514 kg/ha en la población CNA-IRAT 4/1/1 a 5359 kg/ha en la CNA-IRAT 4/2/1. Las ganancias por selección disminuyeron de 6.0% en el ciclo uno a 3.1% en el ciclo dos.

En la población CNA-IRAT P que se trabaja en la región sur de Brasil, la media de las familias seleccionadas fue superior a la de las familias evaluadas, con una ganancia por selección de 8.8% al año (Cuadro 4). La heredabilidad fue relativamente alta, considerando una característica cuantitativa como es el rendimiento de granos. Las ganancias genéticas por selección obtenidas en las poblaciones CNA-1, CNA-IRAT 4, y CNA-IRAT P son muy superiores a los resultados presentados por Santos *et al.* (1997), Breseghello *et al.* (1999) y Rangel *et al.* (s.f.) para los programas de mejoramiento genético convencional conducidos en Minas Gerais (0.25%), región nordeste (0.77%) y norte medio de Brasil (0.30%), respectivamente. Mantener estas ganancias a largo plazo depende básicamente de dos factores:

- Calidad de los ensayos de evaluación de familias reduciendo el error experimental.
- Intensidades de selección (reducción del números de individuos seleccionados) a través de evaluación de un mayor número de familias.

Consideraciones Finales

Los resultados experimentales mostraron que la selección recurrente aplicada en poblaciones genéticamente divergentes puede ser considerada como la mejor estrategia para obtener ganancias en características cuantitativas, como el rendimiento de granos, en el mejoramiento genético del arroz de riego.

Este hallazgo está respaldado por las ganancias genéticas obtenidas para rendimiento de granos en las poblaciones de arroz de riego que se trabajan en Brasil y que fueron superiores a los valores obtenidos por varios autores para algunos programas de mejoramiento convencional. El éxito de un programa de mejoramiento poblacional se basa principalmente en la evaluación y selección de las familias que harán parte de la población mejorada.

En Brasil esta etapa del programa se realiza de manera colaborativa e integrada, permitiendo que las diferentes instituciones de investigación participantes del trabajo se beneficien de forma directa a través de la extracción de líneas de las familias que presentan comportamiento superior para sus regiones.

Referencias

Badan, A .C.; Geraldi, I. O.; Guimarães, E. P.; y Ospina-Rey, Y. 1998. Estimativa do tamanho efetivo de amostra ideal para caracterizar uma população de arroz para as características peso de panículas e peso de 100 grãos. Genetics and Molecular Biology 21:246

Breseghello, F.; Rangel, P. H. N.; y Morais, O. P. de. 1999. Ganho de produtividade pelo melhoramento genético do arroz irrigado no Nordeste do Brasil. Pesq. Agropec. Bras. 34(3):399-407.

Carmona, P. S.; Terres, A. L.; y Schiocchet, M. 1994. Avaliação crítica dos projetos do PNP-Arroz na área de melhoramento genético, no período de 1980 a 1990: Estados do Rio Grande do Sul e Santa Catarina. En: IV Reunião Nacional de Pesquisa de Arroz. 1990, Goiânia. À pesquisa de arroz nos anos 80: avaliação crítica dos principais resultados. Goiânia, Goiás, Brasil. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária-Centro Nacional de Pesquisa de Arroz e Feijão (EMBRAPA-CNPAF), Goiânia, Goiás, Brasil. p. 269-285.

Castro, E. M. de; Breseghello, F.; Rangel, P. H. N.; y Morais, O. P. de. 1999. Melhoramento do arroz. En: Borém, A. (ed.). Melhoramento de espécies cultivadas. Universidade Federal de Viçosa (UFV), Viçosa, Brasil. p. 95-130.

CIAT (Centro Internacional de Agricultura Tropical). 1994. Genealogía del arroz. Arroz en las Américas 15(1):13.

Chatel, M. y Guimarães, E. P. 1995. Selección recurrente con androesterilidad en arroz. Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement-Département des cultures annuelles (CIRAD-CA) y Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. 70 p.

Cuevas-Pérez, F. E.; Guimarães, E. P.; Berrío, L. E.; y González, D. I. 1992. Genetic base of irrigated rice in Latin America and the Caribbean, 1971 to 1989. Crop Sci. 32:1054-1059.

Fehr, W. R. 1987. Principles of cultivar development. Vol. 1: Theory and technique. MacMillan Publishing, Nueva York. USA. 536 p.

Geraldi, I. O. 1997. Selección recurrente en el mejoramiento de plantas. En: Guimarães, E. P. (ed.). Selección recurrente en arroz. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. p. 3-11.

Hallauer, A. R. 1985. Compendium of recurrent selection methods and their application. Critical Reviews in Plant Sciences 3(1):1-33.

Hazel, L. N. 1943. The genetic basis for constructing selection indexes. Genetics 28:476-490.

IRGA (Instituto Riograndense do Arroz). 1999. Área plantada por cultivar no RS: período entre 1987/88 a 1998/99. DATER/NATEs. Divisão de Política Setorial.

Ishiy, T. O. 1985. Impacto das cultivares de arroz irrigado em Santa Catarina. Lavoura Arrozeira 38(359):10-12.

Jennings, P. R.; Coffman, W. R.; y Kauffaman, H. E. 1979. Rice improvement. International Rice Research Institute (IRRI), Los Baños, Philippines. 186 p.

Morais, O. P. de. 1992. Análise multivariada da divergência genética dos progenitores, índices de seleção e seleção combinada numa população de arroz oriunda de intercruzamento, usando macho-esterilidade. Tesis, Doct. Universidade Federal de Viçosa (UFV), Viçosa, Brasil. 251 p.

Morais, O. P. de. 1997. Tamaño efectivo de la población. En: Guimarães, E. P. (ed.). Selección recurrente en arroz. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. p. 25-44.

Morais, O. P. de y Rangel, P. H. N. 1997. Melhoramento de arroz no Brasil. En: Abreu, A. F. B.; Gonçalvez, F. M. A.; Marques Jr., O G.; y Ribeiro, P. H. E. (eds.). Simpósio sobre Atualização em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Lavras (UFLA), Lavras, Brasil. p. 148-166.

Paterniani, E. 1980. Fatores que afetam a eficiência da seleção nas plantas. Actas IV Congresso Latino Americano de Genética 2:37-43.

Pereira, M. B. 1980. Progresso imediato e fixação de genes em um método de seleção. Tesis, M. Sc. Escola Superior de Agricultura «Luiz de Quiroz», Universidade de São Paulo, Piracicaba, Brasil. 125 p.

Rangel, P. H. N.; Zimmermann, F. J. P.; y Neves, P. de C. F. 1992. El CNPAF investiga: decrece en Brasil el rendimiento del arroz de riego? Arroz en las Américas 13(1):2-4.

Rangel, P. H. N.; Guimarães, E. P.; y Neves, P. de C. F. 1996. Base genética das cultivares de arroz (*Oryza sativa* L.) irrigado do Brasil. Pesq. Agropec. Bras. 31(5):349-357.

Rangel, P. H. N. y Neves, P. de C. F. 1997. Selección recurrente aplicada al arroz de riego en Brasil. En: Guimarães, E.P. (ed.). Selección recurrente en arroz. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. p. 79-97.

Rangel, P. H. N. y Zimmermann, F. J. P. 1998. Ganhos de produtividade de grãos no melhoramento populacional do arroz de várzea. En: Pinheiro, B. da S. y Guimarães, E. P. (eds.). Arroz na América Latina: Perspectivas para o incremento da produção e do potencial produtivo. IX Conferencia Internacional de Arroz para a América Latina e o Caribe y V Reunião Nacional de Pesquisa de Arroz, Goiânia,Goiás, 21-25 de marzo de 1994. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária-Centro Nacional de Pesquisa de Arroz e Feijão (EMBRAPA-CNPAF), Goiânia, Brasil. p. 174-177.

Rangel, P. H. N.; Zimmermann, F. J. P.; y Neves, P. de C. F. 1998. Estimativas de parâmetros genéticos e respostas à seleção nas populações de arroz irrigado CNA-IRAT 4PR e CNA-IRAT 4ME. Pesq. Agropec. Bras. 33(6):905-912.

Rangel, P. H. N.; Pereira, J. A.; Morais, O. P. de; Guimarães, E. P.; y Yokokura, T. s.f. Ganhos para produtividade de grãos pelo melhoramento genético do arroz (*Oryza sativa* L.) irrigado no meio norte do Brasil. (Sometido para publicación en Pesq. Agropec. Bras.).

Rodríguez, R. E. S.; Rangel, P. H. N.; y Morais, O. P. de. 1998. Estimativas de parâmetros genéticos e de resposta à seleção na população de arroz irrigado CNA 1. Pesq. Agropec. Bras. 33(5):685-691.

Santos, P. G.; Soares, P. C.; Soares, A. A.; Morais, O. P. de; y Cornélio, V. M. de O. 1997. Estimativa do progresso genético do programa de melhoramento de arroz irrigado desenvolvido em Minas Gerais no período de 1974 a 1996. En: Anais da XXII Reunião da Cultura do Arroz Irrigado, 1997. Balneário Camboriú, Santa Catarina, Brasil. p. 27-30.

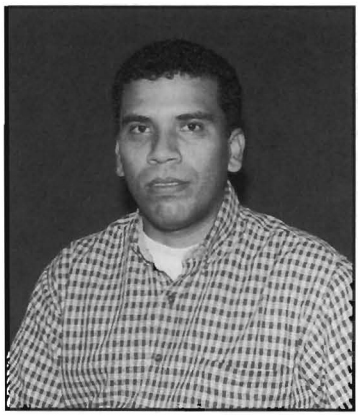
SAS (Statistical Analysis System) Institute Inc. 1989. SAS User's Guide: Statistics, Version 6. Cary, USA. 846 p.

Singh, R. J. e Ikehashi, H. I. 1981. Monogenic male-sterelity in rice: Induction, identification and inheritance. Crop Sci. 21:286-289.

Smith, H. F. 1936. A discriminant function for plant selection. Ann. Eugenics 7:240-250.

Capítulo 5

Caracterización de Poblaciones e Introducción de Variabilidad Genética para Iniciar un Programa de Mejoramiento Poblacional del Arroz en Venezuela



Eduardo J. Graterol M.

Eduardo J. Graterol M.

Fundación para la Investigación Agrícola Danac,
Apdo. Postal 182
San Felipe, Estado Yaracuy, Venezuela;
Correo electrónico:
fdanac@danac.org.ve

Contenido

Resumen
Abstract
Introducción
Objetivos del Programa de Mejoramiento
Caracterización de las Poblaciones y Acervos Genéticos Introducidos
    Ensayo del ciclo de lluvias
    Ensayo del ciclo de verano
    Selección de poblaciones base
Introducción de Variabilidad Genética
    Criterios de selección de progenitores
    Progenitores seleccionados
    Formación de nuevas poblaciones
Mejoramiento por Selección Recurrente y Extracción de Líneas
Conclusiones
Agradecimientos
Referencias

Resumen

En 1996, la Fundación Danac, en Venezuela, inició un proyecto de selección recurrente en arroz con el objetivo de mejorar poblaciones adaptadas a las condiciones de producción de arroz del país. El proyecto contempló la formación y mejoramiento de dos poblaciones: la PFD-1, adaptada al período de lluvias o invierno, y la PFD-2, adaptada al período de sequía o verano. El proyecto se inició con la introducción de poblaciones del Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Colombia, que poseen base genética para las condiciones del cultivo bajo riego y segregan para un gen de androesterilidad. El proyecto se dividió en tres etapas. La primera fue la caracterización de poblaciones y acervos genéticos introducidos con el fin de seleccionar las que se utilizarían como fuente de variabilidad y androesterilidad para formar las nuevas poblaciones. De esta primera etapa, realizada en 1996 y 1997, se seleccionaron las poblaciones PCT-6 y PCT-7 como base para formar la PFD-1 y PFD-2, respectivamente. La segunda etapa fue la introducción de nueva variabilidad a las poblaciones base. Para ello se seleccionaron cinco progenitores caracterizados en el programa. Estos progenitores se introdujeron a la población PCT-6 para formar la PFD-1 y cuatro de ellos, a la población PCT-7 para formar la PFD-2. Durante 1998 y hasta 1999 se realizaron dos recombinaciones de las poblaciones básicas. En 1999 se inició la tercera etapa que es el mejoramiento de las poblaciones por selección recurrente y la extracción de líneas para el programa de desarrollo de cultivares. En este trabajo se presentan los avances realizados en las dos primeras etapas del proyecto y el esquema de trabajo previsto para la tercera.

Characterization of Populations and Introduction of Genetic Variability to Begin a Rice Populational Improvement Program in Venezuela

Abstract

In 1996, the Fundación Danac in Venezuela began a recurrent selection project in rice to improve populations adapted to the country's major rice-producing regions. The project established and improved two populations: PFD-1, adapted to rainy seasons, and PFD-2, adapted to dry seasons. The project began with populations from the Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), based in Colombia, with a genetic base for flood-irrigation conditions and segregation for a male-sterile gene. The project was organized into three phases: the first involved characterizing the populations and gene pools introduced from CIAT to select those that can be used as sources of variability and male sterility to create new populations. In this phase, conducted in 1996 and 1997, two populations, PCT-6 and PCT-7, were selected as population bases to form PFD-1 and PFD-2 populations, respectively. The second phase introduced new variability into the base populations. Five progenitors were selected from the traditional breeding program. These progenitors were introduced into PCT-6 to create PFD-1. Four were introduced into PCT-7 to create PFD-2. From 1998 to 1999, the base populations were recombined twice. The third phase began in 1999, and involves improving populations by recurrent selection and deriving fixed lines for cultivar development. This paper describes the main advances achieved during the project's first two phases and the work plan for the third one.

Introducción

Los mejoradores de arroz han empleado distintas metodologías para desarrollar líneas con alto potencial de rendimiento y tolerancia a las principales limitantes bióticas y abióticas. De estos métodos, la selección genealógica en familias biparentales ha sido la más utilizada debido al progreso genético obtenido (Ikehashi y Fujimaki, 1980). Los programas de mejoramiento genético, en la búsqueda de materiales con buenas características agronómicas, han utilizado un limitado grupo de progenitores en sus cruzamientos que han reducido la base genética de los cultivares. Cuevas-Pérez *et al.* (1992) señalaron que las variedades de arroz liberadas en América Latina y el Caribe durante el período 1971-1989 tienen en su genealogía 14 cultivares comunes provenientes de siete países y que reciben de ellos el 69% de su constitución genética.

La selección recurrente es un método de mejoramiento de poblaciones que permite incrementar la frecuencia de genes favorables. Además favorece múltiples recombinaciones entre progenitores de diversos orígenes ampliando la base genética del germoplasma mejorado (Chatel y Guimarães, 1997). A partir de estas poblaciones es posible seleccionar líneas que pueden llegar a ser nuevas variedades. Según Martínez *et al.* (1995) el arroz es quizás el cereal donde menos se ha utilizado el mejoramiento poblacional y sin embargo, los resultados iniciales de su utilización han sido promisorios (Chatel y Guimarães, 1997). La aplicación de este método en arroz se favorece con la utilización de un gen de androesterilidad que facilita el manejo de las poblaciones (Chatel y Guimarães, 1995).

El Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Colombia, y el Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement (CIRAD), Francia, están centrando sus actividades en el desarrollo y mejoramiento de acervos genéticos y poblaciones para los ecosistemas de riego y secano. El propósito de este trabajo es crear germoplasma mejorado para algunas características específicas manteniendo un buen nivel para los demás caracteres de interés agronómico, con el propósito de que los programas nacionales de arroz en América Latina y el Caribe puedan derivar sus variedades (Chatel *et al.*, 1997). Algunos de estos acervos y poblaciones ya han sido utilizados como punto de partida para proyectos de mejoramiento poblacional en la región (Chatel *et al.*, 1997) y en África (Chatel y Guimarães, 1997).

Para iniciar un programa de mejoramiento poblacional a través de la selección recurrente, es necesario disponer de un germoplasma con adecuada variabilidad genética para las características que se desean mejorar. De acuerdo con esto, es posible iniciar el programa tomando como base una población que posea adaptación y variabilidad a las condiciones para las cuales se desarrollará la nueva población.

En 1996, la Fundación Danac, en Venezuela, inició un trabajo de selección recurrente en arroz con el objetivo de desarrollar poblaciones adaptadas a las condiciones de la producción de arroz en el país. En este capítulo se presenta la estrategia desarrollada en Venezuela para iniciar el programa de mejoramiento poblacional de arroz.

Objetivos del Programa de Mejoramiento

La producción de arroz en Venezuela se concentra en la región de los Llanos Centrales y Occidentales del país. Las siembras se realizan en dos ciclos o semestres del año, una en el período de lluvias o invierno que comprende los meses de mayo a octubre, y otra en el período de sequía o verano que va de noviembre a abril. Toda la producción se realiza bajo el sistema de riego por inundación (Martínez, 1998).

En el período de lluvias ocurre una alta presión de enfermedades fungosas, en particular piricularia (*Pyricularia grisea* Sacc.), y además se presenta una alta nubosidad que ocasiona una disminución de los rendimientos en campos comerciales.

En contraste, en el ciclo de verano disminuye la presión de enfermedades fungosas y ocurre una alta radiación solar que favorece el logro de mejores rendimientos. Sin embargo, en ese ciclo es significativo el daño del insecto denominado sogata (*Tagosodes orizicolus* Müir) que afecta de manera severa los rendimientos al alimentarse del cultivo y transmitir el virus de la hoja blanca (VHB).

Las diferencias entre ciclos de siembra hacen que el comportamiento de las variedades comerciales en ambos ciclos sea distinto. Además, las estrategias de mejoramiento tradicionales no han sido efectivas en la incorporación de todas las características de adaptabilidad, tales como resistencia, rendimiento y calidad de grano en un mismo cultivar. De otro lado, se ha explorado una base genética muy limitada en la búsqueda de estas variedades. Por esta razón el proyecto de mejoramiento poblacional de la Fundación Danac se planteó como objetivo mejorar dos poblaciones, cada una adaptada a un ciclo diferente de cultivo: PFD-1 para el ciclo de lluvias y PFD-2 para el de verano. Con ello se persigue incrementar la frecuencia de genes favorables para mejorar la adaptación del germoplasma para cada ciclo, a partir del cual se puedan seleccionar líneas con un alto potencial y una amplia base genética comparada con las variedades obtenidas por métodos tradicionales.

El proyecto de la Fundación Danac contempló tres etapas que se describen a continuación:

- Caracterización de poblaciones y acervos genéticos introducidos.
- Introducción de variabilidad para formación de nuevas poblaciones básicas.
- Mejoramiento mediante selección recurrente y extracción de líneas.

Caracterización de las Poblaciones y Acervos Genéticos Introducidos

La primera etapa de caracterización de poblaciones y acervos genéticos se realizó con el fin de conocer la variabilidad y adaptación de los germoplasmas creados por el proyecto colaborativo del CIAT/CIRAD y la Empresa Brasilera de Pesquisa Agropecuaria (EMBRAPA), Brasil, para el ecosistema de riego y que poseen segregación de un gen de androesterilidad. Ello se realizó con el objetivo de seleccionar los más adaptados como base para la formación de nuevas poblaciones.

En 1996 se introdujeron a Venezuela seis poblaciones y acervos genéticos disponibles en el banco de germoplasma del CIAT e identificadas en el catálogo de registro de poblaciones (Chatel y Guimarães, 1998). El criterio tomado para la selección del germoplasma fue que su fenotipo y su composición genética presentasen perspectivas de adaptación para los objetivos planteados en el proyecto.

Los acervos genéticos evaluados fueron IRAT 1/420P e IRAT Mana, creados por el CIRAD (Martínez *et al.*, 1997), el GPCT-9, y las poblaciones PCT-6, PCT-7, y PCT-8 formadas por el CIAT (Chatel y Guimarães, 1998). Los ensayos se realizaron en el campo experimental de la Fundación Danac ubicado en Calabozo, Estado Guárico, la región de producción más importante de los Llanos Centrales de Venezuela. En el ciclo de lluvias de 1996 se evaluaron todas las poblaciones y acervos genéticos excepto el GPCT-9, y en el ciclo de verano 1996/97 se evaluaron de nuevo todas las poblaciones y los acervos IRAT Mana y GPCT-9 excluyendo en este caso IRAT 1/420P.

Ensayo del ciclo de lluvias

El ensayo se realizó de julio a noviembre de 1996. Se establecieron por transplante 500 plantas de cada población y acervo genético, 25 días después de la siembra (dds) en semillero. Las plantas se colocaron en surcos de 5.0 m de largo, separadas 0.2 m entre plantas y 0.3 m entre surcos. Una vez establecidas se seleccionaron al azar 100 plantas en cada una, con la única restricción de no incluir plantas ubicadas en los extremos para reducir el efecto de borde. Se evaluó un grupo de variables agronómicas de interés, todas mediante escalas establecidas en el sistema de evaluación estándar del IRRI (IRRI, 1988). Estas fueron:

- Número de tallos (Ti) contando el número de macollas a los 70 dds.
- Días a floración (Fl): días hasta el momento de la emergencia del 50% de la primera inflorescencia en cada planta.
- Altura de plantas (Ht): medida en cm en la madurez de las plantas desde la base hasta el ápice de la panícula superior.
- Piricularia en la hoja (Bl) a los 40 dds.
- Piricularia en el cuello (NBl) a los 28 días después de la floración (ddf).

- Helmintosporiosis (BS) *(Bipolaris oryzae)* a los 70 dds.
- Pudrición de la vaina (ShR) *(Sarocladium oryzae)* a los 28 ddf.
- Añublo de la vaina (ShB) *(Rhizoctonia spp.)* a los 90 dds.

El criterio para la selección de las poblaciones fue la apreciación fenotípica y la variabilidad observada para el conjunto de variables evaluadas. Las variables cuantitativas (Ti, Fl y Ht) se compararon por sus valores promedios y algunos estadísticos de dispersión que indican el grado de variabilidad. Además, se analizó la distribución de frecuencias para esas mismas variables.

En cuanto a la incidencia de enfermedades se analizó el número de plantas susceptibles en cada población, considerando dentro de esta categoría todas aquellas plantas con síntomas iguales o mayores a cinco según la escala del IRRI (IRRI, 1988).

En el Cuadro 1 se presenta los promedios, la desviación estándar y el coeficiente de variación encontrados para las variables Ti, Fl y Ht y en las Figuras 1, 2 y 3 se muestra la distribución de frecuencias para las mismas. El Cuadro 2 muestra los resultados del número de plantas susceptibles por población y acervo genético para Bl, NBl y ShR. En algunos casos no se logró tomar datos en las 100 plantas debido a la pérdida de algunas de ellas durante el desarrollo del ensayo.

Los resultados indican que para Ti la población PCT-7 y el acervo genético IRAT Mana presentaron los mayores promedios y ésta última, una mayor variabilidad para esta característica. La población PCT-6 y el acervo genético IRAT 1/420P registraron valores promedios muy similares pero un poco más bajos que las anteriores. Sin embargo, la población PCT-6 fue la de mayor variabilidad para Ti con un coeficiente de variación superior al 40%. La población PCT-8 presentó el menor promedio de Ti (Cuadro 1 y Figura 1).

La población con mayor Fl y con menor variabilidad fue PCT-8 seguida por la PCT-6. Los acervos genéticos y la población PCT-7 fueron las más precoces con un promedio cercano a los 90 días. En general, la mayor proporción de individuos presentó una Fl entre los 80 y 104 días. Sólo la PCT-8 presentó una distribución entre los 85 y los 109 dds (Cuadro 1 y Figura 2).

Para Ht se observaron diferencias entre las poblaciones y los acervos genéticos. La población más alta fue PCT-7 seguida por IRAT Mana y PCT-6, y en un último grupo PCT-8 e IRAT 1/420P. IRAT Mana presentó, además de gran altura, problemas de acame. PCT-8 e IRAT 1/420P en cambio presentaron una baja altura (Cuadro 1 y Figura 3).

Aunque los materiales se sembraron en el ciclo de lluvias la cantidad de plantas enfermas por Bl y NBl fue baja (Cuadro 2), lo que puede indicar que las poblaciones poseen genes de resistencia efectivos ante la población del hongo o que ocurrieron

Cuadro 1. Resultados de las evaluaciones del número de tallos (Ti), días a floración (Fl) y altura de plantas (Ht) en poblaciones y acervos genéticos de arroz caracterizados en Venezuela.

Población o acervo genético	Variable evaluada[1]											
	Número de tallos				Días a floración				Altura de plantas			
	N.P.	χ	D.E.	C.V. (%)	N. P.	χ	D.E.	C.V. (%)	N.P.	χ	D.E.	C.V. (%)
IRAT 1/420P	100	9,7	2,59	26,54	100	89,2	9,06	10,16	98	81,1	10,54	12,98
IRAT Mana	98	10,8	3,75	34,48	90	90,2	7,75	8,59	98	96,7	15,63	16,15
PCT-6	100	9,6	4,04	42,09	95	93,1	8,97	9,63	95	88,5	17,45	19,71
PCT-7	100	11,1	2,51	22,59	96	90,4	7,51	8,30	94	101,7	14,18	13,94
PCT-8	100	7,6	2,74	35,80	98	96,4	6,99	7,24	92	83,8	12,14	14,49

1. N.P.: número de plantas evaluadas; χ: promedio; D.E.: desviación estándar; y C.V.: coeficiente de variación en porcentaje.

Cuadro 2. Número de plantas susceptibles a piricularia en la hoja (Bl), piricularia en el cuello (NBl) y pudrición de la vaina (ShR) en poblaciones y acervos genéticos de arroz caracterizados en Venezuela.

Población o acervo genético	Número de plantas susceptibles[1]		
	Piricularia en la hoja	Piricularia en el cuello	Pudrición de la vaina
IRAT 1/420P	2	1	32
IRAT Mana	1	0	34
PCT-6	2	1	17
PCT-7	0	3	15
PCT-8	9	4	17

1. Se consideró susceptible todas aquellas plantas con una evaluación igual o mayor a cinco en las respectivas escalas del IRRI (IRRI, 1988).

posibles escapes. La población PCT-8 fue la que presentó más plantas susceptibles a Bl y NBl en comparación al resto de las poblaciones y acervos genéticos.

La incidencia de NBl fue aún más baja que la de Bl. Al igual que con Bl la población PCT-8 presentó un mayor número de plantas enfermas. Es probable que ello esté asociado con una menor resistencia a la población del patógeno (Cuadro 2).

De las enfermedades evaluadas, ShR fue la de mayor incidencia. Las poblaciones PCT-6, PCT-7, y PCT-8 presentaron menor cantidad de plantas susceptibles (entre 15 y 17 cada una) que los acervos genéticos IRAT 1/420P e IRAT Mana (32 y 34 plantas, respectivamente) (Cuadro 2). La incidencia de BS y ShB fue baja por lo que no fue posible establecer diferencias entre los materiales.

Figura 1. Distribución de frecuencias para la variable número de tallos obtenidas en el ensayo de caracterización de poblaciones y acervos genéticos de arroz en Venezuela.

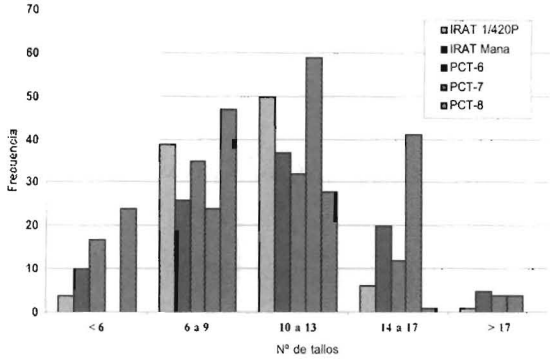


Figura 2. Distribución de frecuencias para la variable días a floración obtenidas en el ensayo de caracterización de poblaciones y acervos genéticos de arroz en Venezuela.

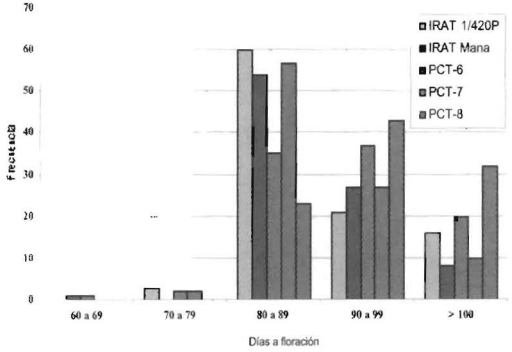
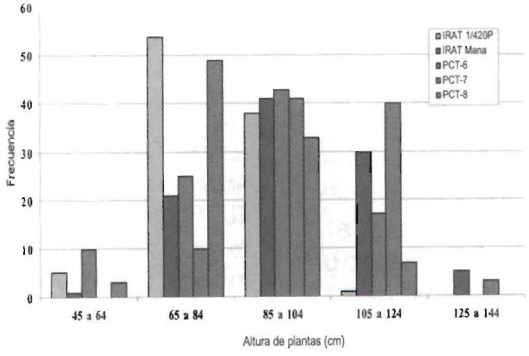


Figura 3. Distribución de frecuencias para la variable altura de plantas obtenidas en el ensayo de caracterización de poblaciones y acervos genéticos de arroz en Venezuela.



Ensayo del ciclo de verano

El ensayo se realizó entre diciembre de 1996 y abril de 1997. Se evaluaron los acervos genéticos IRAT Mana y GPCT-9 y las poblaciones PCT-6, PCT-7, y PCT-8. A diferencia del ciclo de lluvias, sólo se evaluó la incidencia del VHB pues la incidencia de enfermedades fungosas no fue significativa. A pesar de la alta presión del VHB, el daño directo del insecto sogata no fue significativo. Se apreció el fenotipo de cada una de las poblaciones con el fin de conocer su comportamiento en este ciclo.

Para el ensayo se establecieron 2000 plantas de cada población y acervo genético mediante transplante, con un arreglo de campo similar al realizado en el ciclo anterior. Las evaluaciones de incidencia del VHB se realizaron a los 40, 55, y 70 dds contando el número de plantas enfermas. En el Cuadro 3 se presenta los resultados de la incidencia máxima de plantas enfermas con VHB. No obstante que las evaluaciones se realizaron con presión natural del insecto, se presentó una incidencia moderada a alta del VHB. La incidencia del virus en el acervo genético IRAT Mana fue significativamente menor que en el resto de los materiales, lo cual puede ser indicio de la efectividad de genes de resistencia incluidos en este acervo.

En general, el desarrollo de las poblaciones fue más vigoroso que el observado en el ciclo de lluvias. Las poblaciones PCT-6 y PCT-7 se destacaron por el macollamiento de sus plantas, mientras que el acervo genético GPCT-9 presentó gran variabilidad fenotípica para Ht y Fl. IRAT Mana presentó plantas muy altas y al igual que en el ciclo de lluvias fue susceptible al acame.

Selección de poblaciones base

La caracterización realizada a los acervos genéticos y poblaciones en las condiciones de campo en Calabozo, permitió conocer sus características fenotípicas y el comportamiento ante las principales limitantes bióticas. Los resultados obtenidos indicaron que las poblaciones PCT-6 y PCT-7 ofrecían el mejor fenotipo y variabilidad bajo las condiciones en las cuales se realizó la evaluación. Por ello, ambas se seleccionaron como base para la formación de las nuevas poblaciones.

Cuadro 3. Incidencia de plantas enfermas con virus de la hoja blanca en poblaciones y acervos genéticos de arroz caracterizados en Venezuela.

Población o acervo genético	Número de plantas enfermas	Incidencia (%)
IRAT Mana	191	9,6
PCT-6	386	19,3
PCT-7	366	18,3
PCT-8	303	15,2
GPCT-9	308	15,4

La población PCT-6 presentó gran variabilidad para la variable Ti y Fl. El fenotipo de esta población, además de la baja incidencia de las enfermedades evaluadas, permitió seleccionarlo como germoplasma base para la población PFD-1. La población PCT-6 fue sintetizada en el CIAT por introducción de nueve progenitores al acervo genético IRAT Mana (Chatel y Guimarães, 1998).

La población PCT-7, que presentó un buen macollamiento, además de una baja incidencia de las enfermedades evaluadas, se seleccionó como base para la población PFD-2. Uno de los aspectos que se debe considerar en la utilización de esta población es la altura de plantas que deberá disminuirse en la formación y manejo de la nueva población. La PCT-7 fue creada por el CIAT a partir de la introducción de seis líneas de diversos orígenes al acervo genético IRAT 1/420P (Chatel y Guimarães, 1998).

El acervo genético IRAT Mana presentó plantas altas y una baja incidencia de la mayoría de las enfermedades evaluadas. Sin embargo, la susceptibilidad a la pudrición de la vaina y al acame fueron características indeseables que las descartaron como base para las nuevas poblaciones.

Los resultados obtenidos con IRAT Mana coinciden con lo señalado por Martínez *et al.* (1997) quienes encontraron que en Colombia este acervo genético fue susceptible al acame y presentó plantas altas con pocas macollas. Esto indica que con la introducción de variabilidad realizada por el CIAT en la IRAT Mana para formar la PCT-6 se logró incorporar mayor adaptación, manteniendo las características favorables que ofrecía la población original.

Los otros materiales evaluados también se descartaron por su apariencia fenotípica. El acervo genético GPCT-9, que sólo se evaluó en el ciclo de verano, presentó una alta variabilidad fenotípica pero con plantas indeseables, debido quizás a la amplia divergencia genética entre los progenitores que lo conforman (Chatel y Guimarães, 1998). IRAT 1/420P no presentó características deseadas para las condiciones de riego de la región ya que presentó un pobre desarrollo de plantas. La población PCT-8 presentó una baja altura y pobre macollamiento, además de que fue la población con mayor proporción de plantas susceptibles a Bl y NBl.

Con la selección de las poblaciones PCT-6 y PCT-7 como base para la formación de nuevas poblaciones, se logró disponer de las fuentes de androesterilidad y de una amplia base genética producto de la combinación de progenitores de diversos orígenes. La población PCT-6 posee en común con la PCT-7 los progenitores B4353C-Kn-7-0-0-2, BG989, PNA 1004F4-33, OR83-23, RP2087-115-10-5-1, y Oryzica 3 (Chatel y Guimarães, 1998). La PCT-7 se formó con la introducción de estos progenitores a la IRAT 1/420P a su vez constituida por cultivares del grupo *índica*. La PCT-6

se formó con los mismos progenitores introducidos para la PCT-7 más los cultivares Perla, Oryzica Llanos 4 y Morelos A88 introducidos sobre la IRAT Mana, que a su vez posee una base conformada por 15 cultivares *índica* tropicales (Chatel y Guimarães, 1998).

Los resultados obtenidos en la etapa de caracterización de poblaciones permitieron concluir que las características fenotípicas de las poblaciones PCT-6 y PCT-7 se adaptan a las condiciones del cultivo de arroz bajo riego en Venezuela.

Sin embargo, con la introducción de nuevos progenitores de gran adaptación y de diversos orígenes se espera no sólo incrementar la frecuencia de estos genes favorables en las nuevas poblaciones —que es el objetivo fundamental del proyecto— sino también aumentar la probabilidad de identificar individuos que combinen diversas características agronómicas favorables que puedan seleccionarse y desarrollarse como nuevas variedades.

Introducción de Variabilidad Genética

La segunda etapa consistió en formar nuevas poblaciones mediante la introducción de nueva variabilidad a las poblaciones que se seleccionaron en la primera etapa. Los progenitores se escogieron de los Viveros Internacionales de Observación de América Latina (VIOAL) que distribuyó la Red Internacional de Evaluación Genética de Germoplasma de Arroz (INGER) - América Latina entre 1994 a 1997, y que habían sido evaluados en el programa de mejoramiento de la Fundación Danac.

Criterios de selección de progenitores

Los criterios aplicados fueron los mismos descritos por Chaves (1997) para la escogencia de progenitores en un programa de selección recurrente:

- Poseer características de adaptación a las condiciones para las cuales se mejorarían las nuevas poblaciones. Esta adaptación debía expresarse en rendimiento de granos, calidad molinera y resistencia a piricularia, sogata y al VHB. Se estableció que no necesariamente cada progenitor debía poseer todas las cualidades requeridas pero que en conjunto complementaran las características deseadas.
- Ser lo más divergentes posibles en su base genética, tanto entre ellos como con los progenitores ya incorporados en las poblaciones base seleccionadas. Para ello se estudió detalladamente la genealogía de cada una de las líneas y variedades preseleccionadas.

Progenitores seleccionados

Se seleccionaron cinco progenitores, cuatro de ellos líneas experimentales y una variedad de Venezuela. Los cinco progenitores se introdujeron a la PCT-6 para formar la población PFD-1 y cuatro de ellos a la

PCT-7 para formar la PFD-2. En este último caso se excluyó la variedad Fonaiap 1 ya que es susceptible al daño de sogata y VHB, problemas de importancia en el ciclo de verano. En el Cuadro 4 se identifican los progenitores seleccionados y sus principales características.

Formación de nuevas poblaciones

Para formar las poblaciones se realizaron cruzamientos entre los progenitores seleccionados y plantas androestériles de cada población. La PFD-1 se formó en Venezuela mientras que la PFD-2 se sintetizó en el CIAT, con el apoyo del proyecto colaborativo de selección recurrente del CIAT/CIRAD.

En este capítulo solo se describe el procedimiento realizado para la formación de la PFD-1, que fue similar al realizado con la PFD-2.

Los cruzamientos de la PFD-1 se realizaron en la sede de la Fundación Danac en San Javier, Estado Yaracuy, entre octubre de 1997 y febrero de 1998. Para ello se sembraron 2000 plantas de la población PCT-6\0\0\0 y los cinco progenitores. La población se sembró en una sola fecha mientras que los progenitores en tres fechas distintas: la primera 10 días antes que la PCT-6, la segunda conjuntamente con la población y la tercera, 10 días después. El objetivo de las tres fechas de siembra fue aumentar las probabilidades de coincidencia de floración entre los materiales.

Se realizaron cruzamientos entre cada progenitor y 15 plantas androestériles de la población para un total de 75 cruces. Las plantas androestériles utilizadas fueron de diferentes FI, para evitar sesgos en la nueva población hacia un determinado ciclo. La metodología

Cuadro 4. Identificación y principales características de los progenitores introducidos para la formación de dos nuevas poblaciones de arroz de riego en Venezuela.

Progenitor	Origen	Característica favorable que incorpora	Población donde se introdujo	
			PFD-1	PFD-2
Fonaiap 1	Variedad de Venezuela	Rendimiento de granos, grano largo y fino	Si	No
CT9868-3-2-3-1-4P-M-1-1P	CIAT (VIOAL INGER)	Rendimiento de granos y calidad molinera	Si	Si
CT10310-15-3-2P-4-3	CIAT (VIOAL INGER)	Resistencia al VHB, sogata, piricularia y adaptabilidad	Si	Si
IR62140-48-3-1-2-3	IRRI (VIOAL INGER)	Rendimiento de granos	Si	Si
CT9509-17-3-1-1-M-1-3P-M-1	CIAT (VIOAL INGER)	Resistencia al VHB, sogata y piricularia	Si	Si

de cruzamientos utilizada fue la descrita por Sarkarung (1991) tomando las panículas androestériles y llevándolas al invernadero. Se realizaron cortes a las espiguillas para dejar más expuestos los estigmas y así favorecer la polinización. Al día siguiente, durante las horas de máxima emisión de polen de los padres, se llevaron a polinizar al campo las panículas de las madres. Finalmente, las panículas ya polinizadas se mantuvieron en el invernadero hasta la formación completa de las semillas híbridas de cada cruce. Una vez obtenidas las semillas híbridas (F_1) de cada planta se cosechó manteniendo su individualidad. Por cada panícula se obtuvo entre 15 y 50 semillas.

El siguiente paso fue avanzar cada cruce desde la generación F_1 hasta F_2 entre abril y agosto de 1998. Las plantas F_1 segregaron ya que sus madres eran altamente heterocigotas. Se realizó una evaluación visual del desarrollo de las plantas de cada cruce y de la producción de semillas F_2 con el fin de detectar posible incompatibilidad, la cual no se presentó.

Una vez obtenidas las semillas F_2 se procedió a cosechar de nuevo las semillas por planta y cruce. Se realizó una mezcla en igual proporción de cada planta (5-7 g/planta) dentro de cada cruce y luego de 350 g entre los cruces para obtener así un aproximado de 1.75 kg de semilla de la PFD-1\0\0\0 (sin recombinación). Toda la metodología seguida para la formación de la nueva población coincide con la descrita por Borrero *et al.* (1997). Se realizaron dos recombinaciones de la población básica entre septiembre de 1998 y junio de 1999. Para ambas se realizaron tres fechas de siembra separadas 12 días una de otra. Se establecieron por transplante 3000 plantas intercalando las distintas fechas de siembra en surcos de 5.0 m de largo separados 0.3 m, con una separación entre plantas de 0.2 m, con el fin de aumentar la probabilidad de coincidencia de floración entre plantas fértiles y androestériles con distinto ciclo de floración. Para la cosecha se tomó semilla individual de 130 a 150 plantas androestériles marcadas por cada fecha de siembra. Luego se mezcló de 5-7 g de semilla por planta para así obtener un *bulk* de cerca de 2.0 kg de semilla de cada fecha. Luego de los dos ciclos de recombinación, se obtuvo la población PFD-1\0\0\2.

Mejoramiento por Selección Recurrente y Extracción de Líneas

La tercera etapa del proyecto se inició en el ciclo de lluvias de 1999 para la población PFD-1\0\0\2 y en el ciclo de verano 1999-2000 para la población PFD-2\0\0\2. El método de selección recurrente utilizado es el de evaluación de familias. En el caso de la selección para resistencia a piricularia, sogata y VHB, donde existen oligogenes que controlan la resistencia, se hará una mayor presión de selección en los primeros ciclos con el fin de acumular estos genes mayores para luego, en los

siguientes ciclos, mejorar características más complejas como el rendimiento y calidad molinera de los granos.

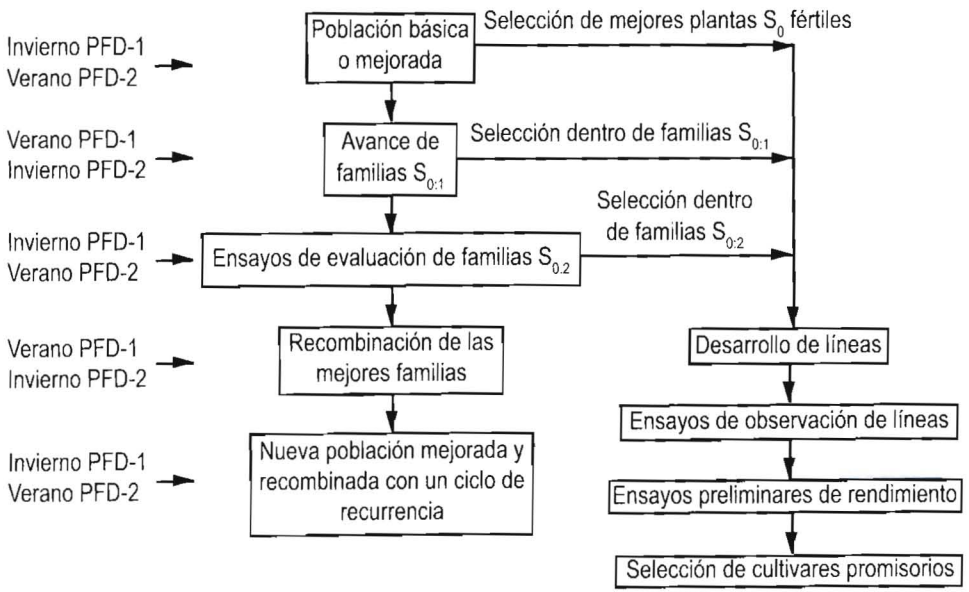
Tanto las poblaciones S_0 de cada ciclo como las familias $S_{0:2}$ cuando corresponda, se sembrarán en el semestre para el cual se está mejorando cada población, es decir, el ciclo de lluvias para la PFD-1 y el ciclo de verano para la PFD-2. Así se podrá realizar una mejor selección bajo condiciones naturales para los problemas bióticos y abióticos que inciden con mayor importancia en cada uno de los semestres.

Además de las evaluaciones de campo, se realizarán otras en condiciones controladas de resistencia a piricularia (PFD-1) y a sogata y al VHB (PFD-2) para disminuir los escapes que ocurren en forma natural en el campo. Las evaluaciones de las familias $S_{0:2}$ se realizarán en ensayos de campo en distintas localidades de los Llanos Centrales y Occidentales de Venezuela.

En la Figura 4 se presenta un esquema general del plan de trabajo para el mejoramiento de las dos poblaciones.

Con el fin de obtener nuevos cultivares durante todo el proceso de mejoramiento poblacional se realizará la extracción de líneas para incorporarlas al programa de evaluación y selección. Para ello se tomarán plantas fértiles en las poblaciones y/o familias $S_{0:1}$ y $S_{0:2}$ desarrolladas para la evaluación de progenies. Con esta estrategia se

Figura 4. Esquema de trabajo para el mejoramiento de las poblaciones y la extracción de líneas del proyecto de mejoramiento poblacional mediante selección recurrente en arroz de la Fundación Danac en Venezuela.



desarrollará, en forma paralela, el trabajo de mejoramiento y la evaluación de líneas.

Se espera que a medida que avancen los ciclos de selección las líneas que se obtengan posean mayor potencial de rendimiento de granos, calidad y resistencia, producto de la mayor frecuencia de los genes que determinan estas carcterísticas y una mayor base genética que los cultivares obtenidos en los métodos convencionales.

Conclusiones

Cumplidas las dos primeras etapas del proyecto de mejoramiento poblacional de arroz mediante la selección recurrente en Venezuela se puede concluir lo siguiente:

- La caracterización de poblaciones y acervos genéticos introducidos con el fin de escoger las que sirvieron de base para formar las nuevas poblaciones permitió seleccionar las más adaptadas para los objetivos del programa.
- La selección de los progenitores para introducción de variabilidad a las nuevas poblaciones se facilitó debido al cúmulo de evaluaciones que existían en el programa convencional de mejoramiento. Esta información, junto con el estudio de la base genética, fueron criterios suficientes para su selección.
- El manejo de dos poblaciones en forma simultánea es una estrategia que se adapta fácilmente a las características del programa de la Fundación Danac: se puede avanzar el proceso de mejoramiento sin concentrar las labores debido a la alternancia de los ciclos del cultivo y las etapas de selección entre la PFD-1 y la PFD-2.
- El proyecto de mejoramiento poblacional se plantea como una estrategia de mejoramiento de mediano a largo plazo que no sustituye el programa convencional sino que lo complementa, al mejorar poblaciones de las cuales se derivarán nuevas líneas a los ensayos de evaluación y selección de cultivares. Tal estrategia contribuirá a explorar una mayor base genética y a aumentar el potencial de rendimiento de los nuevos cultivares, lo que será de gran impacto para el mejoramiento de la producción de arroz en Venezuela.

Agradecimientos

El Programa de Arroz de la Fundación para la Investigación Agrícola Danac, expresa su agradecimiento a los siguientes investigadores por sus valiosas contribuciones durante el desarrollo del proyecto:

- Dr. Elcio P. Guimarães, Embrapa Arroz e Feijão, Brasil.
- Dr. Marc Chatel, CIRAD, Francia.
- Ings. Jaime Borrero y Yolima Ospina, CIAT, Colombia.

Referencias

Borrero, J.; Ospina, Y.; Guimarães, E. P.; y Chatel, M. 1997. Ampliación de la base genética de los acervos de arroz, mediante la introducción de variabilidad. En: Guimarães, E. P. (ed.). Selección recurrente en arroz. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. p. 55-66.

Chatel, M. y Guimarães, E. P. 1995. Selección recurrente con androesterilidad en arroz. Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement-Département des cultures annuelles (CIRAD-CA) y Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. 70 p.

Chatel, M. y Guimarães, E. P. 1997. Selección recurrente en arroz en África y Madagascar: Estado actual y progreso. En: Guimarães, E. P. (ed.). Selección recurrente en arroz. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. p. 151-162.

Chatel, M.; Guimarães, E. P.; Ospina, Y.; y Borrero, J. 1997. Utilización de acervos genéticos y poblaciones de arroz de secano que segregan para un gen de androesterilidad. En: Guimarães, E. P. (ed.). Selección recurrente en arroz. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. p. 125-138.

Chatel, M. y Guimarães, E. P. 1998. Catalogue registration to manage rice gene pools and populations improvement. Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement-Département des cultures annuelles (CIRAD-CA) y Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. CIRAD/CIAT. Mimeografiado. 62 p.

Chaves, L. J. 1997. Criterios para escoger progenitores para un programa de selección recurrente. En: Guimarães, E. P. (ed.). Selección recurrente en arroz. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. p. 13-24.

Cuevas-Pérez, F. E.; Guimarães, E. P.; Berrío, L. E.; y González, D. I. 1992. Genetic base of irrigated rice in Latin America and the Caribbean, 1971 to 1989. Crop Sci. 32:1054-1059.

Ikehashi, H. y Fujimaki, H. 1980. Modified bulk population method for rice breeding. En : Innovative approaches to rice breeding. Selected papers from the 1979 International Rice Research Conference. International Rice Research Institute (IRRI), Los Baños, Philippines. p. 163-182.

IRRI (International Rice Research Institute). 1988. Standard evaluation system for rice. 3a. ed. Los Baños, Philippines. 54 p.

Martínez, C. P.; Lentini, Z.; Chatel, M.; González, D. I.; y Mojica, D. 1997. Uso de la selección recurrente en combinación con el cultivo de anteras en el Programa de Arroz de Riego del CIAT. En: Guimarães, E. P. (ed.). Selección recurrente en arroz. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. p. 139-149.

Martínez, C. P. 1998. Situación actual del cultivo del arroz en Venezuela. Fundación Polar, 1a. ed. Caracas, Venezuela. 179 p.

Sarkarung, S. 1991. A simplified crossing method for rice breeding: A manual. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. 32 p.

Capítulo 6

Mejoramiento Poblacional del Arroz Irrigado con Énfasis en el Virus de la Hoja Blanca



Jaime Borrero

Jaime Borrero[1]
Marc Chatel[2]
Mónica Triana[1]

[1]Asistentes de Investigación del Proyecto Arroz del Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Apdo. Aéreo 67-13, Cali, Colombia; Correo electrónico: j.borrero@cgiar.org; [2]Investigador del Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement-Département des cultures annuelles (CIRAD-CA), en el Proyecto de Arroz del CIAT

Contenido

Resumen
Abstract
Introducción
Selección Recurrente en Ambos Sexos para Resistencia al VHB
Uso de Germoplasma en los Proyectos de América Latina
Trabajos Futuros
Referencias

Resumen

El proyecto colaborativo del Centro Internacional de Agricultura Tropical y del Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement (CIAT/CIRAD) busca formar y mejorar poblaciones y acervos genéticos con el gen de androesterilidad utilizando la selección recurrente. A partir de ahí derivará líneas mejoradas que puedan proveer progenitores potenciales con características específicas que requieran los programas nacionales. El objetivo principal de este trabajo es mejorar germoplasma para la resistencia al virus de la hoja blanca (VHB) y fijar esta característica conservando un buen nivel para los demás caracteres de interés agronómico. Con ello se pretende que los programas nacionales de América Latina puedan aprovechar este germoplasma para derivar otras poblaciones, progenitores y/o variedades. En la actualidad, después de tres ciclos de selección y recombinación, se dispone de cuatro poblaciones con altos niveles de resistencia al virus y con características agronómicas de interés. Además el proyecto tiene la responsabilidad de registrar, mantener y multiplicar nuevas poblaciones y acervos genéticos en América Latina y promover el uso de este germoplasma entre los mejoradores de la región. El intercambio de semillas de poblaciones y acervos genéticos, lo mismo que la colaboración en la elaboración de proyectos y la formación de poblaciones, ha sido intenso. En la actualidad se apoyan proyectos en Argentina, Chile, Uruguay y Venezuela.

Irrigated Rice Populational Breeding with Emphasis on Rice «Hoja Blanca» Virus

Abstract

The CIAT/CIRAD collaborative project aims to use recurrent selection to create and improve populations and gene pools containing the male-sterile gene and, from this, to develop improved lines and progenitors with traits needed by national programs. This study was to improve germplasm resistant to the "hoja blanca" (white leaf) virus and to fix this trait while preserving, at adequate levels, other traits of agronomic interest. Latin American national programs are expected to take advantage of this germplasm to develop other populations, progenitors, and/or varieties. At present, after three cycles of selection and recombination, four populations are available with high levels of resistance to the virus, combined with other traits of agronomic interest. Furthermore, the project is responsible of registering, maintaining, and multiplying new populations and gene pools in Latin America, and for promoting the use of this germplasm among the region's breeders. Exchange of seeds from these populations and gene pools, together with collaboration in preparing projects and forming populations, has been intense. Currently, the project is closely linked to projects developed in Argentina, Chile, Uruguay, and Venezuela.

Introducción

Es necesario aumentar la producción de arroz de manera sostenible para atender a las demandas de la región. Sin embargo, de acuerdo con los datos de algunos autores la variación genética actúa en contra de ello. En América Latina el mejoramiento del arroz de riego ha dependido de un núcleo genético compuesto por 12 cultivares (Cuevas-Pérez *et al.*, 1992). Numerosos estudios indican que el potencial de rendimiento de granos *per se* del arroz de riego en América Latina podría haber alcanzado ya un techo (CIAT, 1992; Fedearroz, 1993; Peng *et al.*, 1994). Por fortuna la variación genética es abundante en la naturaleza y los fitomejoradores no han explorado la mayoría de ese potencial, en particular debido a que en los programas convencionales de mejoramiento genético de arroz se utilizan métodos que maximizan la endogamia. En esos procedimientos después de creada una fuente de variabilidad, mediante la hibridación entre progenitores, se conducen las generaciones segregantes por el proceso natural de selección y autofecundación. El avance en la endogamia con las generaciones de autopolinización reduce de manera drástica las oportunidades de recombinación, ya que con idénticos alelos en un mismo locus los procesos de intercruzamiento se vuelven inefectivos en la producción de nuevos recombinantes. De esta manera los métodos convencionales de mejoramiento de arroz (masal, masal modificado, genealógico o retrocruce) presentan un menor potencial para la generación de variabilidad y como consecuencia, se reducen las posibilidades de ganancias genéticas por selección.

En arroz existen diferentes maneras de romper estos límites de producción:

- Cambios en el tipo de la planta de acuerdo con propuesta de Khush (1990).
- Híbridos que se utilizan en China (Yuan y Virmani, 1986).
- Empleo de métodos de mejoramiento poblacional (Fujimaki, 1979).

De acuerdo con esto, para aumentar las ganancias genéticas en rendimiento de granos por medio de la selección una posibilidad es crear poblaciones de base genética amplia y trabajarlas mediante el método de selección recurrente. Este método de mejoramiento permite aumentar la frecuencia de los genes favorables a la expresión de características poligénicas que están bajo selección en una población, a través de ciclos de evaluación, selección e intercruzamientos (Ikehashi y Fujimaki, 1980). Es una técnica que se utiliza ampliamente en plantas alógamas; en autógamas su uso es limitado debido a la dificultad que ofrece para hacer numerosos cruzamientos en las recombinaciones de cada ciclo de recurrencia (Fehr, 1987). Con la inducción de la androesterilidad en arroz por Singh e Ikehashi (1981), se hizo posible el intercruzamiento en el campo y la utilización de la selección recurrente se ha convertido en una opción viable para los programas de mejoramiento.

Al analizar cómo se inició el mejoramiento poblacional de arroz en América Latina, se observa que en el Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Colombia, los trabajos de selección recurrente comenzaron en 1989 con los estudios de Guimarães *et al.* (1995), que generaron poblaciones sin el gen de androesterilidad y con resistencia a piricularia.

Con el propósito de profundizar en esta estrategia de mejoramiento, en 1992 se introdujeron en el CIAT diferentes acervos genéticos y poblaciones desarrolladas en Brasil por Embrapa, y en Guyana Francesa por el Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement (CIRAD) (Chatel *et al.*, 1997). Este germoplasma se caracterizó en la Estación Experiemental de Palmira, Colombia (EEP), y las poblaciones mejor adaptadas se utilizaron para desarrollar nuevas poblaciones a través de la introducción de nueva variabilidad. Como resultado de esto se crearon tres nuevas poblaciones que se registraron en el catálogo de selección recurrente como PCT-6, PCT-7, y PCT-8 (Chatel y Guimarães, 1998). Así mismo se desarrolló un acervo genético —registrado como GPCT-9 (Martínez *et al.*, 1997)— utilizando como fuente de androesterilidad la línea *japónica* TOx 1011-4-1.

Un segundo acervo genético, desarrollado por el CIRAD para clima templado, se registró como GPIRAT-10. En 1998 se desarrollaron dos poblaciones en colaboración con Brasil: PCIRAD-23 y PCIRAD-24. En la actualidad existen 24 germoplasmas registrados y disponibles para los programas nacionales de América Latina, además de cuatro poblaciones adaptados al ecosistema de secano.

Características Deseables en el Germoplasma de Arroz

Ecosistema Templado

- Potencial de rendimiento
- Calidad de grano
- Tolerancia al frío

Ecosistema Subtropical

- Potencial de rendimiento
- Calidad de grano
- Resistencia a piricularia

Ecosistema de Riego Tropical

- Potencial de rendimiento
- Calidad de grano
- Resistencia a piricularia
- Resistencia al VHB y a su vector sogata

El Proyecto CIAT/CIRAD dirige sus esfuerzos a formar y mejorar poblaciones y acervos genéticos con el gen de androesterilidad. Para ello utiliza el método de selección recurrente a partir del cual derivan las líneas mejoradas que puedan proveer variedades o progenitores potenciales con características específicas que requieran los programas nacionales. El objetivo principal es crear germoplasma mejorado para algunas características específicas manteniendo un buen nivel para los demás caracteres de interés agronómico con el propósito de que los programas nacionales de América Latina puedan derivar sus variedades.

En este trabajo se describen actividades que han desarrollado CIAT/CIRAD y el Fondo Latinoamericano y del Caribe de Arroz de Riego (FLAR), y en particular, el trabajo realizado para resistencia al VHB en las poblaciones formadas para el ecosistema de riego tropical.

Selección Recurrente en Ambos Sexos para Resistencia al VHB

Antes de describir la estrategia de selección recurrente que se está utilizando en este trabajo, se incluye una breve reseña de la enfermedad, su importancia, síntomas y cómo funciona en la región. El insecto es una de las principales plagas de América Tropical por dos razones principales:

- Causa daño mecánico al arroz al alimentarse y ovipositar sobre el cultivo.
- Transmite también la enfermedad conocida como el VHB.

La enfermedad es exclusiva de América Latina y se observa en las zonas arroceras de las regiones de América del Sur, América Central y el Caribe donde se han presentado epidemias de naturaleza cíclica desde 1935. Hasta hace un tiempo esta enfermedad, causada por el VHB que transmite el *Tagosodes orizicolus* (Müir), era la única viral reportada en arroz en las Américas. Bajo condiciones favorables el insecto y/o el VHB causa serias pérdidas de rendimiento de granos en el cultivo de arroz. El primer reporte que se tuvo de ella en Colombia fué a mediados de 1930 (Galvez, 1974), para luego resurgir en forma epidémica en 1950 cuando causó grandes pérdidas en el rendimiento en las zonas arroceras del Caribe, América Central y la parte norte de América del Sur. Los síntomas en las hojas son bandas cloróticas que se fusionan haciendo que las hojas se tornen blancas. El virus es sistémico en la planta causando una clorosis completa en las nuevas hojas que emergen. Cuando las plantas se infectan en edades tempranas presentan enanismo y en casos severos, necrosis y muerte de las plántulas.

Las epidemias de VHB son cíclicas: la enfermedad se presenta más o menos cada 10 ó 15 años y luego desaparece dejando pérdidas en rendimiento estimadas entre el 25% y 75% (Jennings, 1963).

La mayoría de las variedades comerciales son resistentes al daño mecánico causado por el insecto, pero no tienen un adecuado nivel de resistencia al VHB. La mejor variedad tendría la combinación de dos resistencias: una al VHB y otra al insecto. Todas las variedades, incluidas aquellas con la clasificación de resistentes, son susceptibles al virus durante el primer mes después de la emergencia.

Los diferentes programas de mejoramiento trabajan continuamente con los métodos convencionales para fijar estas características dentro de sus materiales o poblaciones de arroz. Una primera etapa consiste en una evaluación con base a escala visual bajo condiciones de campo, y con colonias vectoras para seleccionar materiales con resistencia al VHB.

Después de la selección al VHB el material resistente entra a la segunda etapa en invernaderos para evaluar el daño mecánico del insecto con las colonias sanas.

En lo que se refiere al mejoramiento, los trabajos sobre resistencia al VHB confirman que a ésta la controlan uno o dos pares de genes mayores dominantes (Lamey, 1969; Zeigler *et al.*, 1988).

A pesar de que la selección recurrente no es la primera estrategia indicada para resolver el problema —considerando que el objetivo del trabajo colaborativo CIAT/CIRAD/FLAR es desarrollar poblaciones con la mayoría de las características de interés para la región— se utilizó ésta para fijar el caracter en las poblaciones desarrolladas.

Para iniciar el trabajo se escogieron tres poblaciones y un acervo genético de tipo *índica* de riego tropical. La población PCT-6 se formó de la introducción de nueve líneas en la población IRAT Mana, la PCT-7 de la introducción de seis líneas en la población IRAT 1/420P y la PCT-8, de la introducción de seis líneas en la población CNA-IRAT 4/2/1 (Chatel y Guimarães, 1998). Todas estas poblaciones segregan para un gen de androesterilidad del mutante de IR36. A su turno, el acervo genético registrado como GPCT-9 segrega para un gen de androesterilidad diferente presente en TOx 1011-4-1 (Matínez *et al.*, 1997).

El método de selección recurrente aplicado para mejorar cada población fue el de selección masal en ambos sexos, un método que se basa en la selección de las plantas S_0 fértiles y androestériles con la característica deseada antes de la floración, y que elimina las plantas indeseables para que se recombinen sólo las seleccionadas.

El método, además de fácil, simple y rápido, permite una mayor ganancia genética por ciclo de recurrencia. Después de la selección sólo se cosecharan de manera individual las plantas androestériles de la población; esta semilla se mezclará más tarde de tal manera que los individuos escogidos aporten a la nueva población en igual proporción. Así las mismas unidades

de selección (plantas fértiles y androestériles) serán las unidades de recombinación.

Las poblaciones antes mencionadas y las variedades testigos Oryzica Caribe 8 (susceptible), Oryzica 1 (moderadamente susceptible) y Colombia 1 (resistente), se sembraron en la EEP en camas de germinación en un lote aislado con barreras vivas. Cada población se representó con cerca de 4000 plantas S_0. Las siembras se realizaron manualmente espaciando la semilla a través del surco y las variedades testigos se intercalaron con las poblaciones. A los 15 días después de las siembras se infestó el lote liberando insectos adultos de sogata con un porcentaje de virulencia aproximado del 68% en el primer ciclo de selección (abril - julio 1997), 76% en el segundo ciclo (septiembre - diciembre 1997) y 93% en el tercero (abril – julio 1998). A los 35 días después de la infestación se evaluaron las plantas: las que no presentaron síntomas del VHB se retiraron de las camas de germinación y se transplantaron al sitio definitivo en un lote aislado donde se monitorearon de nuevo. Si más adelante presentaban síntomas del virus se eliminaban antes de la floración para que sólo se recombinaran las plantas sin síntomas.

El Cuadro 1 presenta el número y porcentaje de plantas evaluadas con y sin VHB, fértiles y androestériles sin VHB. En la evaluación de la población original (**PO**) se observa que el porcentaje de plantas sin síntomas (resistentes al VHB) estuvo por debajo del 20%, el mayor porcentaje de plantas resistentes se presentó en la PCT-8 (19%), seguida de la PCT-7 (18%), la PCT-6 (11%) y el GPCT-9 (8%). Estos resultados indican que los niveles de resistencia de las poblaciones originales pueden mejorarse con un trabajo dirigido de selección para la resistencia al VHB. Tales valores bajos se deben a que las poblaciones se crearon desde un principio con un objetivo diferente al de resistencia al VHB, y a que en sus constituciones genéticas se encuentran pocos progenitores con resistencia al VHB.

Las plantas androestériles de cada población que no presentaron síntomas al VHB y que produjeron semillas se cosecharon en forma individual y se mezclaron en igual proporción para obtener el primer ciclo (**C1**) de selección recurrente. Los cuatro germoplasmas mejorados con un ciclo de selección se evaluaron de nuevo al VHB bajo la misma metodología. Los resultados muestran que el porcentaje de plantas sin VHB (resistentes) en las poblaciones PCT-6 y PCT-8 aumentó en unos 6% y en el GPCT-9 aumentó unos 8%, mientras que en la población PCT-7 el porcentaje de resistentes permaneció estable. Con base en las informaciones de estos dos ciclos se puede anotar de manera simple, que en las poblaciones PCT-6 y PCT-8 y en el acervo genético GPCT-9, se obtuvo una ganancia por ciclo de selección entre el 6 y el 8% en la resistencia al VHB. Al igual que en el ciclo anterior, las plantas androestériles del **C1** que no presentaron síntomas se

Cuadro 1. Número y porcentaje de plantas evaluadas, plantas con y sin VHB, plantas fértiles y androestériles por ciclo de las poblaciones PCT-6, PCT-7, y PCT-8, y del acervo genético GPCT-9 en siembras realizadas en la Estación Experimental Palmira, Colombia.

PCT–6				
	Población (PO)		Ciclo 1 (C1)	
	No.	%	No.	%
Total plantas evaluadas	3733	100	2390	100
Plantas con VHB (S)	3317	89	1987	83
Plantas sin VHB (R)	416	11	403	17
Plantas fértiles (R)	344	83	190	47
Plantas androestériles (R)	72	17	213	53

PCT–7						
	Población (PO)		Ciclo 1 (C1)		Ciclo 2 (C2)	
	No.	%	No.	%	No.	%
Total plantas evaluadas	4282	100	2441	100	2047	100
Plantas con VHB (S)	3520	82	2035	83	423	21
Plantas sin VHB (R)	762	18	406	17	1624	79
Plantas fértiles (R)	657	86	211	52	1216	75
Plantas androestériles (R)	105	14	195	48	408	25

PCT–8						
	Población (PO)		Ciclo 1 (C1)		Ciclo 2 (C2)	
	No.	%	No.	%	No.	%
Total plantas evaluadas	3350	100	2191	100	2113	100
Plantas con VHB (S)	2721	81	1648	75	328	16
Plantas sin VHB (R)	629	19	543	25	1785	84
Plantas fértiles (R)	516	82	343	63	1293	72
Plantas androestériles (R)	113	18	200	37	492	28

GPCT–9				
	Población (PO)		Ciclo 1 (C1)	
	No.	%	No.	%
Total plantas evaluadas	4154	100	1929	100
Plantas con VHB (S)	3823	92	1626	84
Plantas sin VHB (R)	331	8	303	16
Plantas fértiles (R)	297	90	264	87
Plantas androestériles (R)	34	10	39	13

VHB: virus de la hoja blanca; S: Susceptible; y R: Resistente.

cosecharon en forma individual y se mezclaron para completar el segundo ciclo (**C2**) de selección recurrente.

El ciclo dos de cada población se evaluó bajo la misma metodología que el ciclo anterior, pero solo se evaluaron las poblaciones PCT-7 y PCT-8. En esta evaluación se observa que las poblaciones presentaron altos niveles de resistencia al VHB: 79% y 84% de plantas resistentes, respectivamente. Estos resultados indican la fácil y rápida fijación del carácter resistencia al VHB en estas dos poblaciones, y confirman la literatura en cuanto que a la resistencia la controlan unos pocos pares de genes (Lamey, 1969; Zeigler *et al.*, 1988).

Como los resultados de las dos primeras etapas de selección (**PO** y **C1**) fueron discretos, se esperó que las ganancias fueran graduales y pequeñas o que se estabilizarían en la medida que avanzaran los ciclos aunque, como ya se mencionó, el caracter fuera oligogenico. La explicación a lo sucedido se basa en que una generación de selección y una recombinación pueden no haber sido suficientes para permitir romper y reorganizar los genes favorables para esta característica. El segundo ciclo de selección y recombinación puede haber favorecido esta reorganización y por esta razón se presentó un alto porcentaje de individuos resistentes.

Otra explicación para el incremento del porcentaje es que por alguna razón no evaluada aquí, el tamaño efectivo de la población produjo cambios en los resultado iniciales, ya que en la recombinación para formar el primer ciclo de recurrencia el número de plantas androestériles —que varió de 34 hasta 113— puede haber sido un tamaño efectivo bajo (Morais, 1997).

Un caso contrario se presentó en la recombinación del segundo ciclo de recurrencia donde el número de plantas androestériles fue significativamente más alto (entre 195 para la PCT-7 y 200 para la PCT-8).

Se espera poder confirmar el alto porcentaje de individuos resistentes al VHB una vez se concluya el tercer ciclo de recurrencia. Como se esperaba la experiencia adquirida con sólo dos ciclos completos indica que la selección recurrente presenta una alta efectividad para caracteres oligogenicos. Esto permite un cambio en las prioridades de selección para enfocar otras características agronómicas importantes al proyecto, manteniendo los niveles de resistencia al VHB en las poblaciones.

En el Cuadro 2 se observa el promedio y la desviación estándar (**DE**) de algunas características agronómicas por ciclo y germoplasma. La diferencia en los promedios y sus **DE** no es estadísticamente significativa entre la **PO** y el **C1** para la característica días a floración en todos los germoplasmas y peso de 1000 granos en las poblaciones PCT-6 y PCT-8, y el acervo genético GPCT-9.

Cuadro 2. Promedio y desviación estándar (DE) por ciclo de las poblaciones PCT-6, PCT-7, y PCT-8 y del acervo genético GPCT-9 para las caracteristicas días a floración, altura de planta, longitud de panicula, peso de 1000 granos y número de macollas en siembras realizadas en la Estación Experimental Palmira, Colombia.

	Floración (días)			Altura de plantas (cm)			Longitud de panícula (cm)			Peso de 1000 granos (g)			Macollas (No.)		
	PO	C1	C2	PO	C1	C2	PO	C1	C2	PO	C1	C2	PO	C1	C2
							PCT-6								
Promedio	101	105	-	126**	108**	-	26**	28**	-	26	25	-	38**	20**	-
DE	7.1	8.3	-	13.7	12.0	-	2.5	2.3	-	3.3	2.6	-	9.6**	4.9**	-
							PCT-7								
Promedio	102	110	107	123**	101**	101	26	26	27	25**	22**	24	44**	26**	32
DE	7.4	5.7	6.4	13.7*	10*	9.3	2.1	2.2	2.1	4.0*	2.4*	3.2	13.4**	7.2**	8.3
							PCT-8								
Promedio	103	110	106	115**	100**	100	26**	23**	26	24	23	24	40**	23**	35
DE	6.7	5.3	6.4	9.2	7.9	8.3	1.9	2.0	2.3	2.7	3.3	3.7	10.4**	4.8**	7.2
							GPCT-9								
Promedio	106	112	-	109	101	-	25	26	-	25	23	-	49	25	-
DE	6.6	5.7	-	10.5	9.4	-	3.5	2.4	-	3.5	3.5	-	11.0	6.7	-

Promedio de 100 plantas tomadas al azar en la población. * Significancia $p < 0.05$. ** Significancia $p < 0.01$.
PO: Población Original; C1: Ciclo 1 y C2: Ciclo 2.

La altura de planta presentó diferencias altamente significativas en sus promedios para PCT-6, PCT-7, y PCT-8; el número de macollas presentó diferencias altamente significativas en sus promedios y **DE** en las tres poblaciones. Esto indica que se presentaron cambios en estas variables cuando se realizó selección para resistencia al VHB entre la población original y el primer ciclo (**PO** *versus* **C1**). La altura de planta se redujo en las poblaciones PCT-6, PCT-7, y PCT-8 mientras que en el GPCT-9 no cambió. La longitud de panícula se redujo en la población PCT-8 y aumentó en la PCT-6, mientras que en PCT-7 y GPCT-9 no se presentaron cambios. El peso de 1000 granos disminuyó en la población PCT-7 y no cambió en las otras.

El número de macollas se redujo en todas las poblaciones. En general, las **DE** no cambiaron significativamente, excepto para número de macollas. Estos resultados indican que es posible cambiar las características agronómicas de los germoplasmas con la selección sin cambiar de manera significativa las **DE**.

En la actualidad el proyecto tiene a disposición estas poblaciones y el acervo genético con altos niveles de resistencia al virus y con buenas características agronómicas.

Se espera tener en fecha próxima estos mismos germoplasmas con un buen nivel de resistencia al insecto (daño mecánico) para distribuir a los programas nacionales de la región.

Uso de Germoplasma en los Proyectos de América Latina

Uno de los objetivos del proyecto es apoyar y colaborar con los trabajos de mejoramiento poblacional a través de la selección recurrente desarrollados por los programas nacionales de América Latina. Para ello el proyecto del CIAT/CIRAD ha ofrecido algunas capacitaciones en el manejo de la metodología y tiene la responsabilidad de actualizar un catalogo de registro de poblaciones y acervos genéticos.

El intercambio de semillas de poblaciones de riego se ha realizado con nueve países de Centro y Sur América, siendo la población PCT-7 y el acervo genético GPCT-9 los más distribuidos. El germoplasma recibido se está mejorando en los diferentes países para una serie de características tales como rendimiento de granos, calidad de grano, tolerancia al frío y resistencia a piricularia entre otras. El Cuadro 3 presenta el objetivo principal del trabajo y un resumen de los paises, las poblaciones y acervos genéticos trabajados por cada uno de ellos.

En Venezuela las poblaciones PCT-6 y PCT-7 se seleccionaron para utilizarlas como fuentes de androesterilidad y como material básico para introducir variedades para desarrollar dos nuevas poblaciones locales identificadas como PFD-1 y PFD-2.

Cuadro 3. Distribución de las poblaciones y acervos genéticos de riego entre los diferentes colaboradores de América Latina en 1999.

Pais	Material distribuido						Propósito de mejoramiento
	PCT-6	PCT-7	PCT-8	GPCT-9	GPIRAT-10	Otras	
Argentina	X	X	X				Rendimiento de granos, calidad de grano
Colombia	X	X	X	X			Piricularia, rendimiento de granos
Costa Rica		X		X			Rendimiento de granos
Cuba		X			X		Rendimiento de granos
Chile					X		Calidad de grano, tolerancia al frío, rendimiento de granos
El Salvador	X	X	X	X			Rendimiento de granos, calidad de grano, piricularia
Panamá		X		X			Rendimiento de granos
Uruguay					X		Calidad de grano
Venezuela	X	X	X	X		X	Piricularia, rendimiento de granos, calidad de grano, VHB

En Chile se viene trabajando desde 1994, con el acervo genético GPIRAT-10 que ha sido utilizado no sólo para desarrollar líneas, sino como fuente de androesterilidad en una población local denominada PQUI-1. Esta nueva población se evaluó en dos ecosistemas y generó otras poblaciones cuyas plantas se encuentran en el laboratorio de cultivo de anteras en CIAT para producir líneas fijas y desarrollar variedades. Este mismo acervo genético GPIRAT-10 se introdujo a Uruguay donde sirvió de fuente de androesterilidad para tres poblaciones locales PURG-1, PURG-2, y PURG-3. Las nuevas poblaciones generadas, al igual que en Chile, se trabajan para resistencia al frío.

Las poblaciones PCT-6, PCT-7, y PCT-8 se introdujeron y evaluaron en Argentina y se utilizaron como fuente de androesterilidad para formar las poblaciones locales PARG-1 y PARG-2. El proyecto colaborativo CIAT/CIRAD está formando en CIAT la población PARG-3 con la introducción de seis materiales con características de interés para el programa de mejoramiento genético de arroz de Argentina.

Las actividades mencionadas se describen en una forma mas detallada en algunos capítulos de esta publicación.

Trabajos Futuros

El trabajo realizado y los resultados obtenidos indican que se puede depurar o fijar con facilidad las poblaciones distribuidas a los colaboradores para la resistencia al VHB, y que más adelante se intentará para su vector *Tagosodes orizicolus.*

Los trabajos también muestran la eficiencia del método de selección recurrente para seleccionar con rapidez algunas características de alta heredabilidad de interés para los programas nacionales de la región.

Para brindar un mejor apoyo a los trabajos en mejoramiento poblacional de los programa nacionales de América Latina, este proyecto buscará estudiar las ganancias genéticas obtenidas con algunos de los trabajos realizados por CIAT/CIRAD, como el del VHB y el de piricularia en arroz de secano que se presenta en el Capítulo 15 de esta publicación.

El proyecto CIAT/CIRAD seguirá creando nuevas poblaciones y apoyando y promoviendo el uso del mejoramiento poblacional a través de la selección recurrente en América Latina.

Referencias

CIAT (Centro Internacional de Agricultura Tropical). 1992. El plan de mediano plazo del CIAT 1993-1998. Cali, Colombia. 113 p.

Chatel, M.; Guimarães, E. P.; Ospina, Y.; y Borrero, J. 1997. Utilización de acervos genéticos y poblaciones de arroz de secano que segregan para un gen de androesterilidad. En: Guimarães, E. P. (ed.). Selección recurrente en arroz. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. p. 125-138.

Chatel, M. y Guimarães, E. P. 1998. Catalogue registration to manage rice gene pools and populations improvement. Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement-Département des cultures annuelles (CIRAD-CA) y Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. CIRAD/CIAT. Mimeografiado. 62 p.

Cuevas-Pérez, F. E.; Guimarães, E. P.; Berrío, L. E.; y González, D. I. 1992. Genetic base of irrigated rice in Latin America and the Caribbean, 1971 to 1989. Crop Sci. 32:1054-1059.

Fedearroz. 1993. Arroz en Colombia, 1980-1993. Federación Nacional de Arroceros. Santafé de Bogotá, Colombia. 88 p.

Fehr, W. R. 1987. Principals of cultivar development. Vol 1: Theory and technique. MacMillan Publishing, Nueva York, USA. 536 p.

Fujimaki, H. 1979. Recurrent selection by using genetic male sterility for rice improvement. Jpn. Agric. Res. Q. 13(3):153-156.

Galvez, G. 1974. Hoja blanca del arroz. Transmisión y caracterización del virus y su control. Rev. ICA 9(2):229-270.

Guimarães, E. P.; Correa-Victoria, F. J.; y Tulande, E. 1995. GC-91, a broad-based rice synthetic population for blast (*Pyricularia grisea* Sacc.) resistance. Rev. Bras. Gen. 18(4):553-561.

Ikehashi, H. y Fujimaki, H. 1980. Modified bulk population method for rice breeding. En: Innovative approaches to rice breeding. Selected papers from the 1979 International Rice Research Conference. International Rice Research Institute (IRRI), Los Baños, Philippines. p. 163-182.

Jennings, P. R. 1963. Estimating yield loss in rice caused by hoja blanca. Phytopathology 53:492.

Khush, G. S. 1990. Varietal needs for different environments and breeding strategies. En: Muralidharan, K. y Siddiq, E. A. (eds.). New frontiers in rice research. Directorate of Rice Research, Hyderabad, India. p. 68-75.

Lamey, H. A. 1969. Varietal resistance to hoja blanca. En: Virus Diseases of the Rice Plant. John Hopkins Press, Baltimore, USA. p. 293-311.

Martínez, C. P.; Lentini, Z; Chatel, M.; González D.; y Mojica, D. 1997. Uso de selección recurrente en combinación con cultivo de anteras en el Programa de Arroz de Riego del CIAT. En: Guimarães, E. P. (ed.). Selección recurrente en arroz. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. p. 139-149.

Morais, O. P. de. 1997. Tamaño efectivo de la población. En: Guimarães, E. P. (ed.). Selección recurrente en arroz. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. p. 25-44.

Peng, S.; Khush, G. S.; y Cassman, K. G. 1994. Evolution of the new plant ideotype for increased yield potential. En: Cassman, K. G. (ed.). Breaking the yield barriers. Proceedings of a Workshop on Rice Yield Potential in Favorable. Environments. IRRI, 29 November-04 December 1993. International Rice Research Institute (IRRI), Los Baños, Philippines. p. 5-20.

Singh, R. J. e Ikehashi, H. I. 1981. Monogenic male-sterility in rice: Induction, identification and inheritance. Crop Sci. 21:286-289.

Yuan, L. P. y Virmani, S. S. 1986. Status of hybrid rice research and development. En: Hybrid rice. Proceeding of the International Symposium on Hybrid Rice, Changsha, Hunan, China, October 6-10,1986. p. 7-24.

Zeigler, R. S.; Rubiano, M.; y Pineda, A. 1988. A field screening method to evaluate rice breeding lines for resistance to the hoja blanca virus. Annals of Applied Biology 112:151-158.

CAPÍTULO 7

Selección Recurrente en Arroz de Riego en Colombia



Edgar Corredor Solano

Edgar Corredor Solano

Investigador de la Federación Nacional
de Arroceros (Fedearroz), Colombia,
km 4, Canal Norte,
Distrito de Riego Ususaldaña;
Fax 0982 266129 Saldaña (Tolima),
Colombia

CONTENIDO

Resumen

Abstract

Introducción

Formación de Poblaciones

Extracción de Líneas

Proyecciones

Referencias

Resumen

Los programas de mejoramiento genético del país trabajan intensamente en el desarrollo de nuevas variedades, no obstante el techo de rendimiento de granos que se ha observado, y la estrecha base genética de las variedades actuales. La Federación Nacional de Arroceros (Fedearroz), con el apoyo del Fondo Nacional del Arroz (FNA), además de las estrategias convencionales de mejoramiento, involucra otras herramientas como el mejoramiento poblacional, a través de la selección recurrente. Utilizando la población base CNA-IRAT 4/0/5, Fedearroz desarrolló dos nuevas poblaciones, PFB-1\0\0\0, para rendimiento y calidad de grano y resistencia a *Hydrellia* sp., y PFB-2\0\0\0 para ampliar la variabilidad genética e incorporar características relacionadas con rendimiento de granos (tamaño y número de granos por panícula). La primera resultó de la combinación de la población base con un grupo de siete variedades comerciales y ocho líneas promisorias; y la segunda, con un grupo de genotipos criollos y rojos. Como la metodología permite extraer líneas, se han incorporado al programa tradicional 200 S_2 dentro de las cuales se observa una buena variabilidad, en cuanto a calidad de grano, y un alto potencial de rendimiento de granos. Se planea generar nuevas poblaciones diversificando el citoplasma, a través de retrocruzamientos a partir de la F_1, con el fin de reducir el aporte genético de la fuente de androesterilidad y seguir el proceso de mejoramiento de las dos poblaciones generadas.

Recurrent Selection in Irrigated Rice in Colombia

Abstract

The national genetic breeding programs work intensely to develop new varieties, despite the yield plateau already observed or the current varieties' narrow genetic base. The National Federation of Rice Producers (FEDEARROZ), supported by the National Rice Fund (FNA), uses, together with conventional breeding procedures, alternative breeding tools such as population breeding through recurrent selection. From the base population CNA-IRAT 4\0\5, FEDEARROZ has developed two new populations: PFB-1\0\0 for grain yield and quality, and for resistance to *Hydrelia* sp.; and PFB 2\0\0\0, for broadening genetic variability and incorporating yield-related characteristics (grain size and number of grains per panicle). PFB-1\0\0 was formed by combining the base population with a group of seven commercial varieties and eight promising lines. PFB 2\0\0\0 resulted from a group of traditional and red rice genotypes. Because the methodology permitted extraction of lines from the populations, 200 S_2 lines, presenting broad genetic variability, desirable grain quality, and high yield potential, were incorporated into the traditional breeding program. The research plan is now to generate new populations with a diversified cytoplasm by backcrossing, starting in F_1, to reduce the genetic contribution of the source of the male sterile gene, and continue improving the generated populations.

Introducción

Para que el cultivo del arroz siga siendo un negocio rentable, los programas de mejoramiento convencional del arroz se esfuerzan por obtener y liberar genotipos que le permitan al agricultor lograr mayores beneficios. La historia del mejoramiento muestra que la investigación en este grano se inicia en los años 30 y 40, con la fundación de centros experimentales del Ministerio de Agricultura. En los años 50 se impulsa la investigación en el cultivo gracias al convenio con la Fundación Rockefeller, y en los 60 se inicia la producción de variedades en diferentes especies, situación esta que incentivó la creación de empresas de semillas en las dos décadas siguientes. Además, ya algunas federaciones de agricultores, como la de algodoneros y arroceros, producían su propia semilla.

En general, y para los principales cultivos, la investigación agrícola ha dependido del sector oficial a través del Instituto Colombiano Agropecuario (ICA). En 1975 se establece el Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT) y en los 80, para el caso particular del arroz, funciona la triada ICA-CIAT-Fedearroz (Leal, 1988). A partir de 1990, el sector privado toma las riendas de la investigación en el cultivo.

En 1959 el programa de arroz introduce variedades de Estados Unidos, en particular Bluebonnet 50, con rendimientos inferiores a 1.5 t/ha. En 1967 el convenio ICA-Fedearroz-Fundación Rockefeller, y más adelante CIAT, inicia la producción de variedades de tal manera que en 1968 liberan IR8; un año más tarde IR22, y en fecha posterior, entre 1971 y 1976, CICA 4, CICA 6, CICA 7, y CICA 9, para elevar el promedio a 4.4 t/ha. Entre 1972 y 1982 se liberan como variedades CICA 8, Metica 1, Metica 2, y Oryzica 1, esta última aún con una importante área sembrada. Oryzica 2, Oryzica 3, Oryzica Llanos 4, y Oryzica Llanos 5 son variedades liberadas por el convenio ICA-CIAT-Fedearroz, entre 1983 y 1989, y Línea 2 por el sector privado (Leal, 1988). Oryzica Caribe 8 y Oryzica Yacú 9, liberadas entre 1990 y 1995, son hasta el momento, las últimas variedades dentro de la estrategia interinstitucional.

En 1997 Fedearroz obtiene la aprobación para liberar Fedearroz 50 como variedad para el Caribe Seco (nororiente colombiano) que, en la actualidad, representa una alternativa para los arroceros debido a su resistencia al virus de la hoja blanca (VHB), daño mecánico de sogata (*Tagosodes orizicolus* Müir), piricularia (*Pyricularia grisea* Sacc.), tolerancia al acame y potencial de rendimiento de granos (Corredor y Holguín, 1997).

A pesar de estos avances, estudios como el de Cuevas-Pérez *et al.* (1992) registran un estancamiento de los rendimientos comerciales en varias zonas arroceras de riego en Colombia, y en otros países como Brasil, Ecuador y República Dominicana. Ante esta situación y para incrementar el potencial de rendimiento, la metodología del

mejoramiento poblacional es una herramienta que entra a jugar un papel importante pues facilita la tarea de ampliar la variabilidad genética y acumular alelos favorables. Al mismo tiempo, es una fuente adicional de líneas que alimenta el programa de mejoramiento convencional.

En Fedearroz, a través del Fondo Nacional del Arroz (FNA), se trabaja en los siguientes aspectos:

- Evaluación de adaptación de poblaciones y acervos genéticos generados por el CIAT y el Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement (CIRAD).
- Formación de nuevas poblaciones.
- Extracción de líneas.

El trabajo de mejoramiento poblacional se ha concentrado en el Caribe Seco (costa norte colombiana). Sin embargo, a partir de 1999, el programa se orienta hacia un objetivo nacional y busca desarrollar poblaciones de las cuales sea posible obtener genotipos con una mayor adaptabilidad y estabilidad, y con excelentes características de calidad de grano, rendimiento de granos y resistencia, en particular al VHB.

Formación de Poblaciones

Al igual que otros proyectos, Fedearroz-FNA inician los trabajos en mejoramiento poblacional mediante el uso de la selección recurrente a partir de 1994, en el Centro de Investigación La Oryza (C.I. La Oryza), ubicado en Bosconia, Cesar, al nororiente de Colombia, introduciendo poblaciones ya desarrolladas por otras instituciones. Su principal objetivo es utilizar esta metodología como una herramienta que contribuya a generar variabilidad genética. Para tal fin se van a avanzar poblaciones con elevado potencial de rendimiento de granos, buena calidad de grano, y resistencia a *Hydrellia sp.*, sogata y VHB. Para iniciar los trabajos se introdujo del CIAT la población CNA-IRAT 4/0/5, descrita por Rangel y Neves (1997). Este germoplasma siguió las siguientes etapas:

- Evaluación y caracterización en cada una de las plantas de la población teniendo en cuenta las características vigor, tipo y altura de planta, ciclo vegetativo, y longitud y apariencia de grano (centro blanco).
- Selección negativa en plantas considerando como características y parámetros para eliminación altura superior a 1.0 m, grano pequeño, arista superior a 5.0 mm, granos de coloración roja y desgrane.
- Identificación y selección de plantas androestériles para recombinar y sintetizar nuevas poblaciones utilizando la CNA-IRAT 4/0/5 como base.
- Selección de plantas fértiles en busca de plantas con resistencia al minador del arroz (*Hydrellia sp.*), buen tipo de planta, ciclo vegetativo adecuado a la región y elevado potencial de

rendimiento de granos para formar las familias que se van a evaluar.

Para formar nuevas poblaciones más adaptadas a las condiciones locales y con mayor variabilidad genética, se decidió introducir variedades y líneas mejoradas a la población CNA-IRAT 4/0/5. En esta parte del trabajo se efectuaron cinco siembras directas con intervalos de ocho días, en surcos de 5.0 m a 0.25 m entre surcos y 0.25 m entre plantas. El trabajo se dividió en tres etapas:

- Primera etapa o primera siembra que se realizó sólo con la población CNA-IRAT 4/0/5 con el objeto de evaluar vigor, altura y tipo de planta, apariencia y tamaño de grano y, además, aprovechar la información genética presente en las plantas androestériles tardías de la población. Esas plantas se utilizaron como hembras para el cruzamiento utilizando el polen de la mezcla de variedades seleccionadas para ser introducidas posteriormente en esta población. El polen de la mezcla se colectó en las plantas de la segunda siembra.
- Segunda etapa o segunda siembra que se hizo con la mezcla física de las variedades CICA 8, Oryzica 1, Oryzica 2 y Oryzica 3, Oryzica Llanos 4, Oryzica Llanos 5 y Oryzica Caribe 8, en proporciones de 5%, 30%, 5%, 5%, 20%, 20%, y 15%, respectivamente. El objetivo de esta siembra fue incorporar el material adaptado a las condiciones colombianas en la población CNA-IRAT 4/0/5. Las características de esos materiales, excepto CICA 8, se describen en el Cuadro 1. Como se mencionó antes, la siembra se efectuó en surcos: la población se sembró en uno y a los lados se sembraron dos surcos de la mezcla física de las variedades.

Cuadro 1. Características agronómicas de seis variedades colombianas de arroz utilizadas para crear la población CNA-IRAT 4/0/5 Promisorios.

Variedad	Floración d.d.g.[1]	VHB 0-9[2]	Sogata 0-9[3]	Rendimiento de granos t/ha	Indice de pilada %	Centro Blanco 0-5[4]	Temperatura gelatinización[5]
Oryzica 1	77	5	3	5.5	58.0	0.8	I
Oryzica 2	83	3	3	6.8	50.5	2.2	I
Oryzica 3	87	3	3	6.5	60.3	1.4	I, A
Oryzica Llanos 4	80	3	1	6.2	58.1	1.4	I
Oryzica Llanos 5	80	5	3	5.5	57.0	1.2	I
Oryzica Caribe 8	77	7	1	6.2	59.5	0.6	B, I

1. Floración 100%, días después de germinación.
2. Virus de la hoja blanca; escala de evaluación estándar del IRRI, donde 0: plantas sanas sin síntomas y 9: plantas enfermas.
3. Daño mecánico de sogata; escala, 0: plantas sanas y 9: plantas con daño severo
4. Centro blanco; 0: granos traslúcidos y 9: granos yesados.
5. Temperatura de gelatinización; Alta: 28-33°C; Intermedia: 23-67°C; y Baja: inferior a 22°C.

- Tercera etapa o tres siembras siguientes que se realizaron utilizando la mezcla física de líneas promisorias provenientes de los cruces CT8008, CT8837, CT9145, CT9506, CT9809, CT10175, CT10310, y CT10323 (Cuadro 2); que participaron en un 10%, 15%, 10%, 5%, 20%, 15%, 10%, y 15%, respectivamente.

Para crear nuevas poblaciones se mezcló un 25% de las semillas de 100 plantas androestériles cosechadas en la segunda siembra, con el 75% de las 205 plantas androestériles obtenidas de las tres siembras siguientes donde participaron los materiales promisorios. Esa población se denominó CNA-IRAT 4/0/5 Promisorios (Figura 1).

Para mantener la población original se cosechó sobre plantas androestériles y fértiles en la primera siembra. En las demás siembras se procedió a forzar el cruzamiento efectuando movimiento de las plantas en la época de la floración y/o suministrando polen de diferentes fuentes a las plantas identificadas como androestériles, similar al método modificado de cruzamientos de Sarkarung (1991).

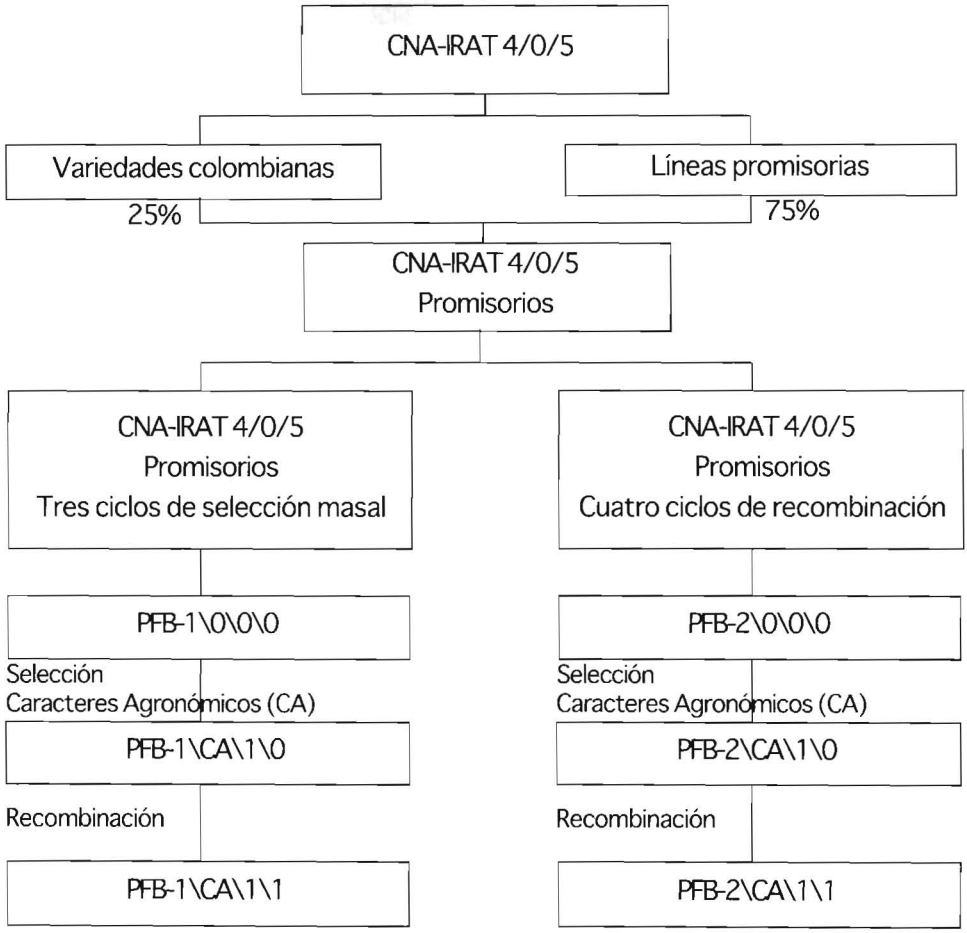
La primera fase del trabajo se concluyó con la cosecha de las semillas de las cinco siembras realizadas en 1994. Para la segunda fase, las siembras se efectuaron en el primer semestre de 1995 (1995A) con las semillas provenientes de 140 plantas androestériles de las combinaciones con variedades y líneas promisorias. A partir de ese material se inició un trabajo de selección masal para tipo de grano, altura de planta y resistencia al VHB. Además, se aprovechó para incorporar nueva variabilidad.

Para el tercer ciclo de recombinación (1995B) se evaluó parte de la semilla de 100 plantas androestériles cosechadas en el anterior ciclo y se seleccionaron 85 por apariencia de grano (centro blanco inferior a 2.2 en la escala estándar del IRRI y longitud medio-largo). Las plantas seleccionadas participaron del tercer ciclo de recombinación cuando se completó

Cuadro 2. Progenitores de las líneas introducidas en la población CNA-IRAT 4/0/5 para crear la población CNA-IRAT 4/0/5 Promisorios.

CT8008	P 3050-F4-52/Oryzica 1//IR21015-72-3-3-3-1
CT8837	PDR 34-2-1-2/P 3790-F4-6-1-1X//CT5746-18-11-2-2-2X
CT9145	CT6805/IAC 47//CT5746-18-11-4-1-3X
CT9506	ECIA 24-107-1/P 2231-F4-13-2-1-B//CT5746-18-11-4-1-3X
CT9809	P 3790-F4-6-1-1X/Col1 x M312A-74-2-8-8//P 5166-F2-26-1-1X
CT10175	P 5166-F2-26-1-1X/P 5446-8-4-1-2//P 5413-8-3-5-11-2X
CT10310	P 3084-F4-56-2-2/ITA 306//CT8154-1-9-2
CT10323	P 3084-F4-56-2-2/P 3844-F3-19-1-1B-1X//CT8154-1-9-2

Figura 1. Esquema para obtener las poblaciones de arroz PFB-1 y PFB-2, en el Caribe Seco Colombiano.



el tercer ciclo de recurrencia. Para el caso de las plantas fértiles se evaluaron 250 y se seleccionaron 120. Estas fueron las fuentes de polen del tercer ciclo de recombinación. Esos materiales presentaron centro blanco inferior a 1.2; índice de pilada superior al 50% y grano largo.

Para el caso de las evaluaciones de rendimiento de granos se evaluaron, al azar, 20 plantas fértiles en cada uno de los ciclos para las características número de granos por panícula, macollas por planta, y en forma subjetiva, la población.

Para la creación de una nueva población de base genética amplia se recombinaron las plantas androestériles con plantas de genotipos denominados 'criollos y rojos' (cultivados por agricultores en la costa norte colombiana). Esa población se preparó con el objetivo de ampliar la variabilidad genética e incorporar características como

longitud y número de granos por panícula, peso de grano, rusticidad, vigor inicial, entre otras típicas de los materiales introducidos. La mezcla física de las semillas cosechadas en plantas androestériles se sembró para realizar cuatro ciclos de recombinación (Figura 1).

Es válido mencionar, de nuevo, que todo el proceso de mejoramiento poblacional mediante la selección recurrente del presente trabajo se llevó a cabo en el C.I. La Oryza bajo condiciones de riego. Se realizaron, en promedio, 2.5 generaciones al año, y la evaluación en los dos primeros ciclos se realizó para características que permiten seleccionar antes de la floración, como reacción al VHB, a *Hydrellia sp.*, a enfermedades y tipo de planta.

Debido a que en la zona no hay presión y/o condiciones que favorezcan los patógenos, sólo se permite descartar aquellos materiales susceptibles a enfermedades como piricularia, helmintosporiosis, rizoctonia y manchado de grano.

Los procesos descritos antes originaron las dos nuevas poblaciones PFB-1\0\0\0 y PFB-2\0\0\0, respectivamente (Figura 1) donde **P** significa población; **F**, Fedearroz; y **B**, Bosconia. La población PFB-1\0\0\0 se caracteriza por presentar buenas características en cuanto rendimiento de granos, calidad de grano y resistencia a *Hydrellia sp.* Dentro de la población PFB-1\0\0\0 se efectuó selección de 50 familias $S_{0:1}$ que se evaluaron bajo condiciones de campo por su reacción al minador del arroz *Hydrellia sp.*, VHB, componentes de rendimiento y calidad de grano (centro blanco inferior a 2.0 e índice de pilada superior a 55%). Lo anterior para seleccionar dentro de cada familia 10 plantas que continuaron el proceso de selección en el programa de mejoramiento convencional. Las 10 mejores se recombinaron con plantas androestériles de la población.

Para la población PFB-2\0\0\0 se seleccionaron 100 familias que se sometieron a evaluaciones similares a las de la población PFB-1\0\0\0. Dentro de cada familia se seleccionaron 15 plantas y las 20 mejores se recombinaron en la población.

En 1996, con el objetivo de ampliar el trabajo de selección recurrente, se retomó la población CNA-IRAT 4/0/5 como fuente de androesterilidad y se formó una nueva población con genotipos evaluados bajo condiciones de alta presión y porcentaje de virulencia del VHB, bajo las condiciones de CIAT, seleccionados como tolerantes al VHB, y con buena calidad molinera y culinaria.

Para dar continuidad al proyecto y utilizar el material más adelante, en 1998 se sembraron en CIAT, Colombia, cinco poblaciones y un acervo genético. En el Cuadro 3 se observa el rango de floración y porcentaje de plantas con VHB.

De otro lado, se evaluaron 46 líneas fijas provenientes de las poblaciones, 20 de la PFB-1\0\0\0 y

Cuadro 3. Mantenimiento de un acervo genético y cinco poblaciones en 1998, en el CIAT, Cali, Colombia.

Acervo genético/Población	Floración (ddg)[1]	Plantas VHB (%)
GPCT-9\0\0\0	90 - 105	10.0
IRAT-CT\0\2	88 - 105	16.0
CNA-IRAT 4/0/5 VAR-PROM[2]	90 - 100	8.0
CNA-IRAT 4/0/5 VHB[3]	90 - 100	0.5
CNA-IRAT 4/0/5 C. y R.[4]	85 - 105	27.0
CNA-IRAT 4/0/5 PROM[5]	90 - 100	5.0

1. 100 % Floración: días después de la germinación (ddg).
2. Población con variedades y líneas promisorias.
3. Población con líneas resistentes al VHB.
4. Población con criollos y rojos.
5. Población con líneas promisorias por calidad.

26 de la PFB-2\0\0\0 que, a su vez, se evaluaron al VHB, bajo alta presión de la enfermedad. Tres de la PFB-1\0\0\0 presentaron grado inferior a 3 en la escala de evaluación para el VHB; las demás y las de la población PFB-2\0\0\0 se clasificaron con grados superiores a 5. Estas líneas continúan en el programa de mejoramiento convencional como líneas de observación, y dos de ellas, como progenitores en cruzamientos.

Extracción de Líneas

De un grupo de 20 líneas S_2 obtenidas de la población PFB-1\0\0\0 —seleccionadas bajo presión a enfermedades en la Estación Experimental Santa Rosa (Villavicencio, Meta) y posteriormente evaluadas para calidad de grano— se seleccionaron 10 para recombinar e introducirles tolerancia a enfermedades. Ello, ya que bajo las condiciones en que se han evaluado las poblaciones no existe presión para este tipo de enfermedades y sólo se puede hacer selección negativa hacia los materiales muy susceptibles. Sin embargo, todas las 20 líneas pasaron al programa de mejoramiento convencional.

Se han extraído 2000 líneas S_2; de ellas el 90% está pendiente por evaluación al VHB y calidad de grano y el 10% restante (200 líneas) entró al programa de mejoramiento convencional. En este programa, además de los criterios de evaluación y selección, se realiza evaluación de fertilidad, se eliminan plantas androestériles, y se incrementa las semillas para conformar los ensayos de evaluación en las diferentes localidades para probar adaptación y estabilidad.

En el Cuadro 4 se observan las características de cuatro líneas S_3, evaluadas en CIAT durante el

segundo semestre de 1998, provenientes de la población PFB-1\0\0\0. Las anteriores generaciones se evaluaron en las condiciones del C.I. La Oryza.

Las líneas S_1, S_2 y S_3, hasta el momento evaluadas y extraídas de la población PFB-2\0\0\0, se caracterizan principalmente por mantener susceptibilidad al VHB, temperatura de gelatinización alta y contenido de amilosa bajo. En la población base se ha logrado avances en cuanto el centro blanco, pues las líneas generadas tienen calificación inferior al grado 1 de la Escala de Evaluación Estándar del IRRI (IRRI, 1988), y un mayor porcentaje en el índice de pilada (Cuadro 5).

Cuadro 4. Características de cuatro líneas S_3 provenientes de la población PFB-1\0\0\0.

Línea	Vigor	VHB	T.G.[1]	C.B.[2]	L.G.[3]	Amilosa[4]	Rendimiento de granos kg/ha
9630723-3-1	1	1	B	1.0	L	28.6	6.850
9630723-4-3	3	3	B	1.0	L	26.1	7.350
9810054-1-1	3	5	B	0.8	EL	29.1	8.000
9810069-5-1	1	1	I	0.2	L	20.2	8.120
Oryzica 1	5	5	B	0.8	L	25.8	6.050
Fedearroz 50	3	1	B	0.6	L	30.0	7.890

1. Temperatura de Gelatinización; Alta: 74-80°C; Intermedia: 69-73°C; y Baja: 63-68°C.
2. Centro Blanco; escala evaluación estándar del IRRI; 0: Grano traslucido y 5: grano yesado
3. Longitud de Grano; Largo: 6.6 - 7.5 y Extra Largo: mayor a 7.5 mm.
4. Amilosa; Alta: 28 -33; Intermedia: 23 - 27 y Baja: inferior al 22.

Cuadro 5. Características de cuatro líneas S_3, provenientes de la población PFB-2\0\0\0.

Línea	Vigor	VHB	T.G.[1]	C.B.[2]	L.G.[3]	Amilosa[4]	I.P.	Rendimiento de granos kg/ha
9810059-6-2	1	5	A	0.6	EL	16.0	61.0	8.000
9810060-4-1	1	7	A	0.4	EL	13.5	69.5	8.105
9810061-7-4	5	7	A	0.2	L y EL	14.7	58.2	7.380
9810062-1-5	1	9	A	0.2	EL	15.3	64.1	8.500
Oryzica 1	5	5	B	0.6	L	25.8	63.5	5.950
Fedearroz 50	3	1	B	0.6	L	30.0	62.0	7.350

1. Temperatura de Gelatinización; Alta: 74-80°C; Intermedia: 69-73°C; y Baja: 63-68°C.
2. Centro Blanco; Escala evaluación estándar del IRRI; 0: Grano traslucido y 5: grano yesado
3. Longitud de Grano; Largo: 6.6 - 7.5 y Extra Largo: mayor a 7.5 mm.
4. Amilosa; Alta: 28 -33; Intermedia: 23 - 27 y Baja: inferior al 22.

Proyecciones

Las actividades relacionadas con la síntesis de poblaciones y recombinación en Fedearroz, actividades del mejoramiento poblacional mediante la selección recurrente, se concentraran en el C.I. Las Lagunas, ubicado en Saldaña, Tolima.

La evaluación de progenitores y familias se realizará utilizando el diseño de bloques aumentados de Federer, durante el primer semestre de cada año, en las cuatro zonas arroceras del país: Centro (Saldaña e Ibagué), Llanos (Villavicencio), Caribe Húmedo (Montería), y Caribe Seco (Valledupar).

De esta manera para el año 2000 las actividades están programadas así:

- Evaluación y caracterización de dos nuevas poblaciones (PCT-14 y PCT-16), en Saldaña.
- Evaluación de cinco líneas S_3 provenientes de la población PFB-1, en Valledupar, Montería, Villavicencio y Saldaña.

Además, se va a evaluar el comportamiento de las poblaciones PFB-1 y PFB-2 durante el segundo semestre en las localidades antes mencionadas.

Para generar nuevas alternativas en el manejo de enfermedades como helmintosporiosis, sarocladium y rizoctonia, utilizando la población PFB-1 se proyecta sintetizar una nueva población con base genética estrecha.

Otros trabajos de interés que se van a realizar son:

- Generar nuevas poblaciones diversificando el citoplasma, a través de retrocruzamientos a partir de la generación F_1, con el fin de reducir el aporte genético de la fuente de androesterilidad.
- Intensificar la evaluación, selección y extracción de líneas fijas.
- Implementar los ensayos de evaluación a nivel nacional para ampliar el alcance y proyección de las poblaciones y líneas generadas, pues hasta el momento se han trabajado bajo un esquema regional.
- Generar poblaciones de mayor variabilidad, a partir de la población PFB-2\0\0\0, para enriquecer las fuentes de resistencia existentes a factores bióticos y abióticos adversos, involucrándolos en proyectos de evaluación y selección para enfermedades, y en el proyecto de formación de nuevas líneas A para el proyecto de arroz híbrido de Fedearroz.

Referencias

Corredor, E. y Holguín, J. 1997. Nueva Variedad "FEDEARROZ 50" La Semilla del Cambio. Arroz 46(411):6-10.

Cuevas-Pérez, F.; Guimarães, E. P.; y Martínez, C. 1992. Status of rice improvement in Latin América and the Caribbean. En: Cuevas-Pérez, F. (ed.). Rice in Latin America: Improvement, management, and marketing. Proceedings of the VIII International Rice Conference for Latin America and the Caribbean. Villahermosa, Tabasco, México. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. p. 13-28.

Guimarães, E. P. 1997. Selección Recurrente en Arroz. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. 240 p.

IRRI (International Rice Research Institute). 1988. Standard evaluation system for rice. 3a. ed. Los Baños, Philippines. 54 p.

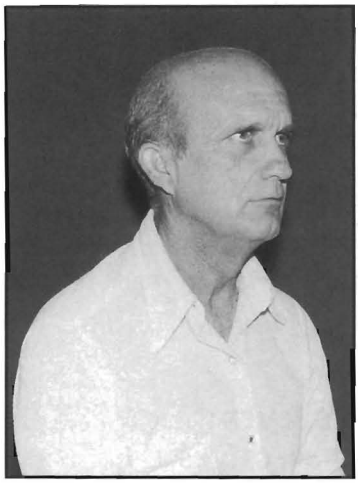
Leal, D. 1988. Mejoramiento Varietal del Arroz en Colombia. Instituto Colombiano Agropecuario (ICA). Subgerencia de Investigación y Transferencia.

Rangel, P. H. N. y Neves, P. de C. F. 1997. Selección recurrente aplicada al arroz de riego en Brasil. En: Guimarães, E. P. (ed.). Selección recurrente en arroz. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. p. 79-97.

Sarkarung, S. 1991. A simplified crossing method for rice breeding: A manual. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. 32 p.

Capítulo 8

Mejoramiento Poblacional del Arroz en Cuba: Situación Actual y Perspectivas



René Pérez Polanco

René Pérez Polanco[1]
Marc Chatel[2]
Elcio P. Guimarães[3]

[1]Investigador de la Estación Experimental del Arroz Sur del Jíbaro, Sancti Spíritus, Cuba. Correo electrónico: lucy@yayabo.inf.cu;
[2]Investigador del Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement-Département des cultures anuelles (CIRAD-CA), en el Proyecto Arroz del CIAT, Apdo. Aéreo 6713, Cali, Colombia;
[3]Investigador de Embrapa Arroz e Feijão de la EMBRAPA, Caixa Postal 179, 75375-000 Santo Antonio de Goiás, Goiás, Brasil
con el apoyo del CNPq

Contenido

Resumen

Abstract

Introducción

Desarrollo del Trabajo

Caracterización y Mantenimiento de la Población y del Acervo Genético

Desarrollo de Líneas Fijas

Mejoramiento Poblacional para Piricularia

Desarrollo de Nuevas Poblaciones

Plan de Utilización del Mejoramiento Poblacional

Conclusiones

Recomendaciones

Referencias

Resumen

En la Estación Experimental del Arroz Sur del Jíbaro, Sancti Spíritus, Cuba, del Instituto de Investigación del Arroz entre la época húmeda de 1996 y la seca de 1999 se efectuó el estudio y la caracterización de las poblaciones PCT-4 y PCT-7 y del acervo genético GPIRAT-10. El objetivo fundamental del trabajo fue caracterizar los materiales así como trabajar en el mejoramiento poblacional respecto a piricularia (*Pyricularia grisea* Sacc.), además de derivar líneas fijas de esos germoplasmas. De las tres poblaciones introducidas, por plantas se seleccionaron 400 líneas de las cuales 13 homocigóticas se encuentran en ensayos de observación de rendimiento en todo el país. Se realizaron cruzamientos entre variedades cubanas, el acervo genético GPIRAT-10 y la población PCT-4, respectivamente, para desarrollar dos poblaciones locales identificadas como PIACuba-1 y PIACuba-2. Se elaboró una estrategia de mejoramiento poblacional para desarrollar germoplasma con resistencia a piricularia.

Cuban Rice Population Improvement: Current Situation and Perspectives

Abstract

We studied and characterized populations PCT-4 and PCT-7 and gene pool GPIRAT-10 at the Instituto de Investigación del Arroz at rice experiment station, situated south of Jíbaro in the Province of Sancti Spíritus, Cuba, between the 1996 wet season and the 1999 dry season. We aimed not only to characterize the germplasm but also to develop a population improvement strategy to increase blast (*Pyricularia grisea* Sacc.) resistance and to derive fixed lines. Of the three introduced germplasm materials, 400 lines were derived. Of these, 13 homozygous lines are being evaluated in observational yield trials across the country. GPIRAT-10 and PCT-4 were crossed with Cuban commercial varieties to produce local populations called PIACuba-1 and PIACuba-2, respectively. A plan was drawn up to use population improvement by recurrent selection to develop blast-resistant germplasm.

INTRODUCCIÓN

En Cuba los primeros trabajos de mejoramiento genético de arroz se realizaron en 1968, cuando se introdujeron variedades del tipo de planta moderno o semi-enano (tipo IR). Sin embargo, sólo hasta los años 70 el programa comenzó a tomar fuerza cuando, además de introducir germoplasma del International Rice Research Institute (IRRI), Filipinas, y del Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Colombia, contó con su propio programa de cruzamiento. Desde entonces predomina el uso de métodos tradicionales para el mejoramiento de las plantas autógamas como el genealógico, el masal y el de retrocruzamiento. En 1989 se empezó a utilizar la inducción de mutaciones. En la actualidad también se emplea el cultivo de tejidos para fijar los materiales.

La variedad J-104, obtenida por el Programa de Mejoramiento Genético de Arroz (PMGA) de Cuba mediante el método genealógico, se liberó para producción comercial en 1982 y hasta ahora no se ha obtenido un genotipo con mayor rendimiento de granos. No obstante sus problemas de susceptibilidad a piricularia y con dificultades en rendimiento industrial, es la principal variedad que se siembra en el país.

A pesar de que esta variedad se ha empleado en el PMGA a través de múltiples cruzamientos con otros materiales, en sus descendencias no se ha podido combinar su alto potencial de rendimiento con la buena calidad de grano de otras variedades. Esto puede ser porque muchas de las características que se deben reunir en una variedad están determinadas por caracteres poligénicos, lo cual dificulta la tarea del fitomejorador. Bajo estas circunstancias tal como lo propone Pérez-Polanco y Reyes-Llorentes (1998), el mejoramiento poblacional podría jugar un papel importante pues se sabe que, además de incrementar de manera gradual la frecuencia génica para aquellos caracteres que se están seleccionando, posibilita la combinación de numerosos progenitores genéticamente distantes en las poblaciones y, en consecuencia, en líneas obtenidas de éstas (Chatel y Guimarães, 1995). Estudios teóricos de Hanson (1959) y ejemplos de Geraldi (1997) afirman que otra ventaja de la selección recurrente es la mayor ruptura de los bloques génicos. Ello permite incrementar la frecuencia de algunas combinaciones génicas, liberar la variabilidad presente en los progenitores e incrementar la misma en la población bajo mejoramiento.

Por esas razones el mejoramiento poblacional puede constituirse como una importante herramienta adicional de trabajo para el PMGA de Cuba, pues brinda la oportunidad de contar a corto plazo con poblaciones con una amplia variabilidad genética utilizando pocos recursos. Además, ofrece a mediano plazo poblaciones con frecuencias génicas elevadas para los alelos de los caracteres específicos que están bajo selección. Esos

germoplasmas van a permitir obtener líneas mejoradas para el proceso de desarrollo de variedades tal como se presenta más adelante.

El trabajo que se discute en este capítulo presenta las siguientes actividades de investigación:

- Caracterización y mantenimiento de las poblaciones y del acervo genético introducidos.
- Selección de plantas fértiles para el desarrollo de líneas.
- Mejoramiento poblacional para piricularia mediante la selección recurrente masal.
- Creación de poblaciones locales.
- Descripción del plan de mejoramiento poblacional para obtener resistencia a piricularia.

Desarrollo del Trabajo

El empleo del mejoramiento poblacional como un método de mejoramiento genético de arroz se comenzó a utilizar en Cuba, en el segundo semestre de 1996, con la introducción, desde el CIAT, de las poblaciones PCT-4 y PCT-7, así como del acervo genético GPIRAT-10. Se continuó el trabajo durante 1997 y 1998 y en el primer semestre de 1999. Para caracterizar los materiales éstos se sembraron en parcelas de 700 m^2 y las plantas se transplantaron separadas unas de otras para facilitar la identificación, evaluación y selección de androestériles y fértiles. Además, cada población se aisló con una barrera de plantas de arroz de ciclo largo para evitar el cruzamiento natural con plantas que no fueran de la misma población. Las labores agrotécnicas se realizaron de acuerdo con el Instructivo Técnico del Arroz (UCAIA, 1994). Los parámetros utilizados para la caracterización de cada población y acervo genético fueron altura de planta, longitud de panícula, ciclo a cosecha, peso de 1000 granos y largo y ancho de granos.

Además de ello, para generar líneas fijas con potencial para ser consideradas variedades comerciales, en cada semestre se seleccionaron plantas S_0 fértiles en las poblaciones y en el acervo genético. Como una de las prioridades del programa es desarrollar líneas con resistencia a piricularia, en la época húmeda de 1998, el material segregante seleccionado se sometió a una fuerte presión de la enfermedad.

Con el objetivo de crear las primeras poblaciones locales —identificadas como PIACuba-1 y PIACuba-2— se realizaron cruzamientos entre algunas variedades cubanas con los germoplasmas GPIRAT-10 y PCT-4, respectivamente. Las características que se buscaba incorporar a los materiales eran tipo de planta y ciclo a la cosecha. Esos nuevos germoplasmas son la base para los trabajos de mejoramiento poblacional en Cuba.

A continuación se presentan y discuten con más detalle cada uno de los aspectos ya mencionados.

Caracterización y Mantenimiento de la Población y del Acervo Genético

El mejoramiento poblacional a través de la selección recurrente tiene muchas posibilidades de éxito en Cuba pues la base genética de los materiales actuales es bastante estrecha. Además, no se cuenta con resistencia varietal a enfermedades como piricularia y existe un techo en los rendimientos de granos. El método es una alternativa para esos problemas ya que permite construir y trabajar poblaciones de amplia base genética y con genes de resistencia a una o varias enfermedades.

Ceballos (1996) sugiere que el éxito del mejoramiento poblacional depende de numerosos factores, uno de ellos, quizás el más obvio, es que exista suficiente variabilidad genética para permitir el progreso en la dirección deseada. Por eso la primera etapa del programa fue la introducción y caracterización de la variabilidad genética.

Las poblaciones PCT-4 y PCT-7 y el acervo genético GPIRAT-10 se sembraron y caracterizaron en dos épocas de siembra. En estos materiales se pudo apreciar una amplia variabilidad fenotípica para cada uno de los caracteres evaluados. Entre las plantas S_0 fértiles del germoplasma base, que segrega de manera similar a una generación F_2 de un cruce triple o múltiple, se pudo observar algunas de interés inmediato para el programa. Estas se escogieron para iniciar el proceso de generación de líneas fijas y posiblemente el desarrollo de nuevas variedades.

Los germoplasmas evaluados, en general, presentaron plantas pequeñas que sólo alcanzaron 109 cm de altura. En la longitud de panículas se pudo apreciar algunas muy cortas con sólo 11 cm no obstante que algunas alcanzaron hasta 34 cm. En el acervo genético GPIRAT-10 se encontraron ambos extremos y, aunque en las poblaciones existieron menos diferencias, se mantuvo la gran variabilidad fenotípica. En cuanto al ciclo a cosecha la población PCT-7 y el acervo genético fueron los más precoces, en ambas épocas. El peso de 1000 granos varió de cerca de 20.1 g a 37.8 g. En el largo y ancho de los granos también se pudo apreciar una alta variabilidad: de granos muy largos a muy cortos y de muy finos a muy gruesos. En el Cuadro 1 se puede observar los rangos obtenidos para cada una de las características evaluadas en esta etapa de caracterización.

Con el objetivo de mantener activo lo anterior, es decir multiplicar semilla y conservar la variabilidad genética y el gen de androesterilidad, en las poblaciones y en el acervo genético introducidos, en cada

Cuadro 1. Rango de variación de las características agronómicas de los germoplasmas PCT-4, PCT-7, y GPIRAT-10 estudiados en Cuba.

Carácter	Germoplasma		
	PCT-4	PCT-7	GPIRAT-10
Altura de planta (cm)	45 - 105	46 - 100	47 - 109
Longitud de panícula (cm)	17 - 28	12 - 28	11 - 34
Ciclo a cosecha – primera época (días)	110 - 120	75 - 90	77 - 86
Ciclo a cosecha – segunda época (días)	117 - 140	80 - 130	90 - 140
Peso de 1000 granos (g)	23.5 - 30.5	26.1 - 37.8	20.1 - 35.6
Largo del grano (mm)	7.9 - 10.6	8.7 - 10.7	7.6 - 10.4
Ancho del grano (mm)	2.8 - 3.5	3.1 - 4. 2	2.9 - 3.7

una de las siembras se identificaron y cosecharon las plantas androestériles. En cada germoplasma, las semillas cosechadas en cada planta se mezclaron en iguales proporciones y se almacenaron para uso futuro en el programa. Este proceso siguió la metodología propuesta por Chatel y Guimarães (1995). De cada material se cosecharon por lo menos 200 plantas, cifra que está de acuerdo con los resultados presentados por Geraldi y Souza Jr. en el Capítulo 1 de esta publicación para la conservación de la variabilidad genética.

Desarrollo de Líneas Fijas

Con la descripción detallada del proceso inicial de desarrollo y fijación de líneas a partir de los materiales básicos introducidos en el país, se pretende explicar la ventaja mencionada al principio de este capítulo en cuanto que el manejo de poblaciones proporciona al país, además de una perspectiva de largo plazo, la oportunidad a corto plazo y bajo costo de explotar una amplia y distinta variabilidad genética cuando se compara con la existente en el país. Para aprovechar de manera inmediata la variabilidad disponible en los materiales introducidos, se seleccionaron plantas S_0 fértiles para iniciar el desarrollo y la fijación de líneas por el método genealógico.

De la población PCT-4, en el año 1996, se cosecharon 11 plantas S_0 (semillas S_1). La generación S_1 se sembró en surcos en la estación seca de 1996/97. A partir de las líneas S_1 se seleccionaron 18 plantas S_1 fértiles (semillas S_2). La generación S_2 se sembró en la época húmeda de 1997, período favorable para la aparición de enfermedades; de esos materiales sólo se seleccionaron dos plantas (semillas S_3). Con la siembra del material original realizada en el año 1997 de la misma población PCT-4 se escogieron otras 18 plantas S_0 fértiles.

Del acervo genético GPIRAT-10 sembrado en 1997 se seleccionaron 17 plantas S_0 fértiles. La generación S_1 se sembró en la estación seca de 1997/98 y se escogieron 14 plantas S_1 fértiles. La generación S_2 se sembró en la estación húmeda de 1998 y se seleccionaron 14 plantas. De la segunda época de siembra del acervo genético fue posible derivar 17 plantas S_0 fértiles que se sembraron en la estación seca de 1999.

De la población PCT-7, en la estación húmeda de 1997, se seleccionaron 18 plantas S_0 fértiles. La generación S_1 se sembró en la estación seca de 1998 y se seleccionaron 13 plantas S_1 fértiles. De la generación S_2 que se sembró en la estación húmeda de 1998 se escogieron 15 plantas fértiles. De manera similar a lo observado con los dos materiales anteriores, la segunda época de siembra permitió escoger 19 plantas S_0 fértiles en esa población.

Durante el período 1996/99 se estudiaron 216 líneas en diferentes generaciones segregantes. A partir de ellas se fueron seleccionando 400 plantas, de las cuales 13 líneas que se consideraron uniformes (probablemente homocigóticas), pasaron a diferentes ensayos de observación de rendimiento de granos (Cuadro 2).

Mejoramiento Poblacional para Piricularia

Correa-Victoria *et al.* (1997) consideran que el desarrollo de variedades resistentes al patógeno *Pyricularia grisea* Sacc. ha sido una de las medidas preferidas para el control de la enfermedad, no obstante que la resistencia ha tenido poca duración en el campo de los agricultores. Una razón de la ruptura de esa resistencia podría ser el surgimiento de nuevos patotipos del hongo compatibles con los genes de resistencia liberados.

Cuadro 2. Plantas y líneas estudiadas y seleccionadas en las poblaciones y en el acervo genético trabajados por el proyecto de mejoramiento poblacional cubano en el período de 1996 hasta 1999.

		Selecciones (#)		Distribución de las selecciones (#) en los diferentes ensayos observacionales		
Germoplasma	Líneas estudiadas	Por planta	Ensayo de observación	Ciclo medio	Ciclo corto	Bajo insumo
PCT-4	89	145	4	2	1	1
PCT-7	65	141	4	-	2	2
GPIRAT-10	62	114	5	-	3	2
Total	216	400	13	2	6	5

Otra razón muy común podría ser la falta de métodos de campo adecuados para la evaluación y la selección de plantas y líneas segregantes. Con frecuencia los métodos más utilizados para seleccionar materiales segregantes resistentes permiten que algunas líneas escapen a la infección del hongo. En consecuencia se observa que al liberar una nueva variedad resistente, inmediatamente ésta se vuelve susceptible al patógeno.

En la actualidad, un amplio número de investigadores trabaja con el mejoramiento poblacional, mediante el uso de la selección recurrente, para obtener germoplasma resistente a piricularia. Entre ellos se puede citar Vales (1994), Courtois *et al.* (1997) y Guimarães y Correa-Victoria (1997).

Ospina *et al.* (1998) utilizaron la selección recurrente masal en ambos sexos en tres poblaciones (PCT-4, PCT-5, y PCT-A) para mejorarlas para resistencia a piricularia en la hoja, y además seleccionar para características como precocidad y calidad de grano. Después del primer ciclo de recurrencia masal se observó una gran disminución en el porcentaje de plantas susceptibles a piricularia en la hoja, la cual se mantuvo después del segundo ciclo.

Con el propósito de desarrollar materiales resistentes a la enfermedad, los investigadores del PMGA de Cuba decidieron añadir a sus estrategias el mejoramiento poblacional a través de la selección recurrente. Para ello en 1998 sembraron alrededor de 10,000 semillas S_0 obtenidas de plantas fértiles de cada una de las poblaciones PCT-4 y PCT-7 y del acervo genético GPIRAT-10.

La siembra se realizó en septiembre (segundo semestre) porque la siembra de este mes, junto con la de agosto, presenta la mayor incidencia. Además se le crearon las condiciones de densidad de siembra y fertilización nitrogenada para que se produjera el ataque del hongo.

A los 40 días de la siembra se evaluaron y se escogieron las plantas que resultaron resistentes. Estas plantas sanas seleccionadas en cada una de las poblaciones y del acervo genético se transplantaron en lotes separados correspondientes a cada germoplasma. El transplante facilita la posterior identificación de las plantas androestériles y fértiles para la fase de recombinación.

A la madurez del grano las semillas de las plantas androestériles recombinadas se cosecharon y mezclaron en igual proporción (semillas de la población mejorada con un ciclo de selección recurrente masal–población ciclo 1). Esta mezcla se sembró en el primer semestre de 1999. Las plantas androestériles al florecer y recibir el polen de las fértiles produjeron semillas recombinadas de las poblaciones PCT-4\BI\2\1, PCT-7\BI\2\1 y del acervo genético GPIRAT-10\BI\2\1. Por lo tanto, hasta julio de 1999 se había realizado un ciclo de selección masal para piricularia y

una recombinación para los tres germoplasmas. El segundo ciclo de selección recurrente masal se iniciará en el segundo semestre del año 1999.

Ello se llevará a cabo con el propósito de someter el material a fuerte incidencia de la enfermedad, hasta que el número de plantas resistentes en las poblaciones y en el acervo genético mejorado esté dentro de los objetivos deseados y permita obtener, con relativa facilidad, futuras variedades resistentes a esa enfermedad.

En cada ciclo de selección recurrente se pueden seleccionar plantas S_0 fértiles para el desarrollo de líneas fijas resistentes a piricularia. A continuación se describe el esquema general que se utilizará para el desarrollo de ellas a partir del germoplasma mejorado.

Las plantas S_0 seleccionadas como resistentes a la enfermedad, después de ser transplantadas y en el momento de la floración, pueden identificarse como fértiles (Msms) o androestériles (msms). En su momento se seleccionan las fértiles que presentan buenas características morfológicas y que hayan mostrado en condiciones de campo resistencia a otras enfermedades y plagas.

Estos materiales fértiles (Msms), que se siembran en surcos por familias, van a presentar segregación de plantas fértiles (MsMs y Msms) y androestériles (msms). Durante el proceso de selección de plantas (método genealógico) se seleccionan entre y dentro de familias las mejores plantas fértiles y se siembran sus descendencias para dar continuidad al proceso. Sin embargo, para el trabajo de obtención de líneas sólo resultan de interés aquellas fértiles que no segregan androestériles.

Como algunas familias, después de sembradas en la generación siguiente, continúan segregando plantas androestériles (aquellas originarias de plantas fértiles de genotipo Msms), éstas se eliminan en su totalidad. Como las demás familias, aquellas que provienen de plantas fértiles MsMs, no presentan segregación de plantas androestériles seguirán bajo selección para otras características agronómicas de interés para el programa. De esa manera, en cada ciclo del mejoramiento poblacional por selección recurrente es posible derivar y fijar nuevas líneas.

Desarrollo de Nuevas Poblaciones

Uno de los objetivos de este trabajo es, al mismo tiempo que se mantiene el gen de androesterilidad en los germoplasma, introducir nueva variabilidad genética. Para ello se realizaron cruzamientos entre dos germoplasmas introducidos y algunas variedades cubanas que están bien adaptadas a las condiciones del país. Además se introdujeron genes que mejoran las características de las plantas y la evolución de cada población.

Cuadro 3. Características agronómicas de los materiales introducidos a la población PCT-4 y al acervo genético GPIRAT-10.

Variedad y Progenitor	Rend.(t/ha) Seca	Hum.	Ciclo (días) Seca	Hum.	Resistencia[1] Lg	Bl	So	VHB.	Caract.del grano Peso	Crist.	Ent.	Altura (cm)
J-104 IR930/IR480	8.6	5.9	137	119	R	S	MR	S	31.4	59.7	48.9	80-100
Perla Desconocidos	7.1	5.3	129	105	R	MR	R	MR	28.7	90.4	55.8	80-100
IACuba-14 CP_1C_8/ECIA-22-8-163	8.2	5.8	136	116	R	MR	R	MR	29.9	89.2	55.0	80-100
IACuba-19 J-104//J-104/CICA-8	9.2	5.9	137	119	R	MR	MR	MS	31.2	61.0	50.6	80-100
IACuba-20 ICA-10/ECIA-31-104	7.1	5.2	128	106	MR	MR	R	MR	29.2	91.3	57.8	80-100
IACuba-21 Mutante de J-104	7.2	5.2	129	106	R	MR	R	MR	29.8	90.0	56.0	80-100

1. Seca: Estación seca; Hum.: Estación Húmeda; Lg: Acame; Bl: Piricularia; So: Sogata; VHB: Virus de la hoja blanca; Peso: Peso de 1000 granos; Crist.: Cristalinidad; y Ent.: Enteros.

Como fuente de variabilidad se escogieran las siguientes variedades, cuyas características agronómicas se presentan en el Cuadro 3:

- J-104: la más sembrada en Cuba y con un alto potencial de rendimiento de granos.
- IACuba-14: alto potencial de rendimiento, buena calidad de grano y medianamente resistente a piricularia y al insecto sogata.
- Perla: buena calidad de grano y resistente a la sogata.
- IACuba-19: alto potencial de rendimiento de granos y reacción intermedia a la piricularia.
- IACuba-20: ciclo corto, buena calidad de grano y la de más alto rango de cosecha existente en el país.
- IACuba-21: con ciclo corto, grano largo y buena calidad de grano es un mutante de la J-104.

Como germoplasma fuente de androesterilidad se escogió el acervo genético GPIRAT-10, pues no sólo presenta un amplio número de progenitores de diferentes regiones, sino plantas muy precoces y tolerantes al frío.

Además, se escogió la población PCT-4 que presentó buena resistencia a piricularia y a la sequía. El acervo genético se cruzó con las variedades IACuba-14, IACuba-19, Perla, y J-104 y se obtuvo la población local identificada como PIACuba-1.

Una estrategia similar se utilizó con la población PCT-4 que se cruzó con IACuba-19, IACuba-20, IACuba-21, Perla, y J-104 para obtener la población local identificada como PIACuba-2.

La metodología utilizada para los cruzamientos y creación de las poblaciones se basó en la propuesta de Borrero *et al.* (1997).

Plan de Utilización del Mejoramiento Poblacional

Con la experiencia adquirida en los dos primeros años de manejo de los materiales introducidos, en septiembre de 1998 se decidió establecer un proyecto de mejoramiento poblacional a través de la selección recurrente para obtener resistencia a piricularia. El flujograma de estas actividades se presenta en el Cuadro 4.

Con este propósito se escogieron alrededor de 10,000 semillas de cada una de las poblaciones PCT-4 y PCT-7 y del acervo genético GPIRAT-10 según se mencionó antes, y se realizó la primera recombinación de plantas resistentes. En enero de 1999 se obtuvieron las poblaciones mejoradas por un ciclo de selección masal. Aquí se efectúo el segundo ciclo de recombinación, y además se cosecharon las plantas androestériles para en septiembre de 1999 iniciar el segundo ciclo de selección masal.

En enero del 2000 se va obtener la recombinación en las plantas androestériles para formar tres nuevos germoplasmas con dos ciclos de selección recurrente, y una frecuencia de genes favorables de resistencia a piricularia más elevada.

Las plantas F_1 de la futura población PIACuba-1 —obtenidas a partir del cruzamiento entre el acervo genético GPIRAT-10 y cuatro variedades cubanas— se sembraron en el segundo semestre de 1998. Se cosechó y se mezclaron sus semillas F_2 para formar la población base (PIACuba-1\0\0\0) que se sembró en el primer semestre de 1999 para evaluación y caracterización.

Las plantas androestériles de la población base se cosecharon y mezclaron para obtener la población recombinada PIACuba-1\0\0\1. Su siembra se efectuó en el segundo semestre de 1999 y se cosecharon las plantas androestériles para obtener el segundo ciclo de recombinación. En el segundo semestre del mismo año 2000 se iniciará el mejoramiento poblacional con la PIACuba-1\0\0\2.

Las plantas F_1 de la futura población PIACuba-2 —obtenidas a partir del cruzamiento entre la población PCT-4 y cinco variedades cubanas— se sembraron en enero de 1999 cosechando las semillas F_2 para mezclarlas en igual proporción y formar la población base (PIACuba-2\0\0\0) que se

Cuadro 4. Resumen del flujo de materiales para el mejoramiento poblacional y el desarrollo de líneas resistentes a *Pyricularia grisea* Sacc. en el Programa de Mejoramiento Genético de Arroz de Cuba.

Año	Población o acervo genético		
	PCT-4, PCT-7, y GPIRAT-10	PIACuba-1	PIACuba-2
Segundo semestre 1998	**Siembra**: PCT-4\0\0\1; PCT-7\0\0\1, y GPIRAT-10\0\0\1 **Selección y transplante:** Obtención del germoplasma seleccionado: PCT-4\BI\0\1; PCT-7\BI\0\1, y GPIRAT-10\BI\0\1 **Recombinación:** Cosecha (Enero 1999) de plantas androestériles. Obtención del primer ciclo de selección recurrente PCT-4\BI\1\1; PCT-7\BI\1\1, y GPIRAT-10\BI\1\1 **Desarrollo líneas**: selección de plantas S_0 fértiles en el germoplasma introducido.	**Siembra:** Semillas F_1 de los cruces entre las variedades cubanas y GPIRAT-10 **Cosecha:** Semilla F_2 y mezcla. Obtención de la población base PIACuba-1\0\0\0	
Primer semestre 1999	**Siembra**: PCT-4\BI\1\1; PCT-7\BI\1\1, y GPIRAT-10\BI\1\1 **Recombinación**: Cosecha de las plantas androestériles. Obtención del segundo ciclo de recombinación de la poblacion mejorada PCT-4\BI\2\1; PCT-7\BI\2\1, y GPIRAT-10\BI\2\1	**Siembra y evaluación:** Población base PIACuba-1\0\0\0 **Cosecha**: Semillas de plantas androestériles. Obtención de la población básica recombinada PIACuba-1\0\0\1	**Siembra:** Semillas F_1 de los cruces entre las variedades cubanas y PCT-4. **Cosecha:** Semilla F_2 y mezcla. Obtención de la población base PIACuba-2\0\0\0
Segundo semestre 1999	**Siembra:** PCT-4\BI\2\1; PCT-7\BI\2\1, y GPIRAT-10\BI\2\1 **Selección y transplante**: Obtención del germoplasma seleccionado: PCT-4\BI\2\1,BI\0; PCT-7\BI\2\1, BI\0, y GPIRAT-10\BI\2\1,BI\0 **Recombinación:** Cosecha de las plantas androestériles (Enero 2000). Obtención del segundo ciclo de selección recurrente PCT-4\BI\2\1,BI\1; PCT-7\BI\2\1,BI\1, y GPIRAT-10\BI\2\1,BI\1 **Desarrollo de líneas**: selección de plantas S_0 fértiles en las poblaciones ciclo 1	**Siembra:** Población PIACuba-1\0\0\1 **Cosecha**: Plantas androestériles. Obtención de la segunda recombinación PIACuba-1\0\0\2	**Siembra y evaluación**: Población básica PIACuba-2\0\0\0 **Cosecha**: Semillas de plantas androestériles. Obtención de la población básica recombinada PIACuba-2\0\0\1
Primer Semestre 2000			**Siembra**: Población PIACuba-2\0\0\1 **Cosecha:** Plantas androestériles. Obtención de la segunda recombinación PIACuba-2\0\0\2
Segundo Semestre 2000		**Siembra**: Población base con dos recombinaciones PIACuba-1\0\0\2 Primer ciclo de selección recurrente masal: Evaluación, selección de plantas, transplante y recombinación.	**Siembra**: Población base con dos recombinaciones PIACuba-2\0\0\2 Primer ciclo de selección recurrente masal: Evaluación, selección de plantas, transplante y recombinación.

sembró en julio de 1999. Se evaluaron sus principales características y se cosecharon las semillas en las plantas androestériles para obtener la primera recombinación (PIACuba-2\0\0\1).

En el primer semestre del año 2000 se sembrará la población con una recombinación y se cosecharán las plantas androestériles, lo cual representa la segunda recombinación (PIACuba-2\0\0\2). A partir del segundo semestre del año 2000 se llevará a cabo un proceso similar al que fueron sometidas las poblaciones PCT-4 y PCT-7 y el acervo genético GPIRAT-10 para el mejoramiento poblacional con relación a la piricularia.

Conclusiones

- La caracterización de los materiales introducidos permitió observar la amplia variabilidad genética disponible en estos germoplasmas, la cual aporta nuevas oportunidades a corto y mediano plazo para el PMGA de Cuba. Los resultados preliminares del manejo de la selección recurrente permitieron concebir expectativas de ganancias para caracteres de difícil progreso como la piricularia.
- Con base en los materiales introducidos fue posible crear dos nuevas poblaciones (PIACuba-1 y PIACuba-2), con una mayor contribución de materiales adaptados a las condiciones de cultivo del país.
- A partir de las poblaciones introducidas se han derivado líneas que se estudian bajo el método genealógico y que como ya han pasado las etapas iniciales de selección, se encuentran en la fase de ensayos de observación de rendimiento de granos.

Recomendaciones

De acuerdo con la experiencia inicial del manejo de poblaciones en Cuba se recomienda:

- Caracterizar con cuidado el material introducido para fines ulteriores.
- Formar nuevas poblaciones, en lo posible mejor adaptadas a las condiciones locales, para iniciar el mejoramiento poblacional.
- Incrementar el número de líneas fijas derivadas de las poblaciones en cada etapa de la selección recurrente.
- Buscar una forma para difundir este nuevo método de mejoramiento en otras zonas del país capacitando a otros mejoradores.

Referencias

Borrero, J.; Ospina, Y.; Guimarães, E. P.; y Chatel, M. 1997. Ampliación de la base genética de los acervos de arroz, mediante la introducción de variabilidad. En: Guimarães, E. P. (ed.). Selección recurrente en arroz. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. p. 55-66.

Ceballos, H. 1996. Variabilidad genética en arroz. Curso de selección recurrente. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. 30 p.

Chatel, M. y Guimarães, E. P. 1995. Selección recurrente con androesterilidad en arroz. Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement-Département des cultures anuelles (CIRAD-CA) y Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. 70 p.

Correa-Victoria, F.; Guimarães, E. P.; y Martínez, C. P. 1997. Caracterización de la estructura genética y la virulencia de *Pyricularia grisea* Sacc. para desarrollar variedades resistentes al añublo del arroz. En: Guimarães E. P. (ed.). Selección recurrente en arroz. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. p. 203-215.

Courtois, B; Nelson, R.; y Roumen, E. 1997. Creación de un acervo genético para mejorar la resistencia parcial a piricularia en arroz de secano, mediante selección recurrente. En: Guimarães E. P. (ed.). Selección recurrente en arroz . Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. p. 189-202.

Geraldi, I. O. 1997. Selección recurrente en el mejoramiento de plantas. En: Guimarães, E. P. (ed.). Selección recurrente en arroz. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. p. 3-11.

Guimarães, E. P. y Correa-Victoria, F. 1997. Utilización de la selección recurrente para desarrollar resistencia a *Pyricularia grisea* Sacc. en arroz. En: Guimarães, E. P. (ed.). Selección recurrente en arroz. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. p. 165-175.

Hanson, W. D. 1959. The breakup of initial linkage blocks under selection mating systems. Genetics 44:857-868.

Ospina, Y.; Chatel, M.; y Borrero, J. 1998. Mejoramiento pablacional de arroz de sabanas para *Pyricularia grisea* Sacc. I Encuentro Internacional de Arroz. Junio 1998, La Habana, Cuba. p. 56-57.

Pérez-Polanco, R. y Reyes-Llorentes, H. 1998. Selección recurrente, resultados preliminares de su empleo en el mejoramiento genético del arroz en Cuba. I Encuentro Internacional de Arroz. Junio 1998, La Habana, Cuba. p. 160.

UCAIA. 1994. Instructivo Técnico del Arroz. Ministerio de la Agricultura, La Habana, Cuba. 79 p.

Vales, M. 1994. Rapport project CEE estudie des relationes *Oryza sativa. Magnoporte grisea* et strategies de selection de varietes pourvues de une resistance durable. Institut des Savannes-Centre de coopération en recherche agronomique pour le développement-Département des cultures annuelles (IDSSA- CIRAD-CA). 19 p.

Capítulo 9

Yunnan, China: Mejoramiento Poblacional del Arroz para Rendimiento de Granos, Resistencia a Piricularia, Tolerancia al Frío y Calidad de Grano



Tao Dayun

Tao Dayun
Fengyi Hu
Youqiong Yang
Peng Xu
Jing Li

Investigadores del Food Crops Research Institute, Yunnan Academy of Agricultural Sciences, Kunming 650205, The People's Republic of China; Correo electrónico: taody12@public.km.yn.cn

Contenido

Resumen

Abstract

Retos, Limitantes y Estrategias

Situación del Arroz en Yunnan

Mejoramiento Poblacional

- Introducción y creación de las poblaciones
- Estrategia de manejo de las poblaciones

Comentario Final

Referencias

Resumen

Después de los dos eventos determinantes de las variedades semienanas en los años 50 y del arroz híbrido en los 70, los rendimientos de granos alcanzaron un techo que ha sido muy difícil de romper. Para alimentar la población que crece con tanta rapidez, en China los fitomejoradores buscan alternativas que rompan esa barrera. Los factores limitantes para lograrlo son ausencia de nueva variabilidad genética; oportunidades limitadas de recombinación; inhabilidad para identificar combinaciones alélicas positivas y dificultades para eliminar los genes indeseables que se pegan a las combinaciones positivas ('linkage drag'). Este capítulo describe cual podría ser la contribución del mejoramiento poblacional a través de la selección recurrente, un novedoso método de mejoramiento en arroz, para lograr superar las limitantes planteadas. Esa alternativa ofrece la posibilidad de expandir la base genética, incrementar la recombinación y seleccionar varios caracteres de baja heredabilidad al mismo tiempo y, por lo tanto, puede ayudar a romper el techo de rendimiento. Con base en estas consideraciones el programa de mejoramiento genético creó una población (PYN-1) y un acervo genético (GPYN-2) para explorar la selección recurrente. Estos germoplasmas se crearon utilizando poblaciones introducidas. Con el gen de androesterilidad presente en la PCT-5 fue posible introducir 32 líneas elites *japónica* de riego de Yunnan, y crear una nueva población. También se creó el acervo genético GPYN-2 para riego con base en líneas *japónica*. Después de por lo menos tres ciclos de recombinación se utilizará el mejoramiento poblacional para tratar de romper el techo de rendimiento de granos y se buscarán, además, características como resistencia a piricularia, tolerancia al frío y buena calidad de grano. La exploración se llevará a cabo en tres sitios en la provincia de Yunnan.

Yunnan, China: Rice Population Improvement for Grain Yield, Blast Resistance, Cold Tolerance, and Grain Quality

Abstract

After the breakthroughs of semi-dwarf varieties in the 1950s and hybrid rice in the 1970s, rice yields have reached a plateau that is proving difficult to overcome, and is of great concern to China, who must feed its fast-growing population. Constraints include absence of new genetic variability, limited capacity for genetic recombination, inability to identify positive allelic combinations, and difficulties in eliminating linkage drag. This chapter describes how population improvement can, through recurrent selection (an innovative breeding method in rice), help solve these limitations. This alternative can help simultaneously expand the genetic base, increase capacity for recombination, and select for traits with low heritability, thus helping to break through the yield barrier. To explore the recurrent selection approach, the local breeding program created population PYN-1 and gene pool GPYN-2, using introduced populations. To create population PYN-1, we used the male-sterile gene present in population PCT-5, and introduced 32 elite irrigated *japónica* rice cultivars from Yunnan. Gene pool GPYN-2, for irrigated conditions, was also created, using *japónica* lines. When at least three cycles of recombination are completed, a population improvement strategy will be implemented to overcome the yield plateau while searching for other traits such as blast resistance, cold tolerance, and improved grain quality. The strategy will be carried out at three sites in Yunnan.

Retos, Limitantes y Estrategias

La población de China en el año 2000 será de 1.3 mil millones de personas. Para poder alimentar esa población será necesario incrementar la producción de arroz de 187.5 millones de toneladas, en 1991, a 214.5 millones, en el 2000, lo cual significa un aumento del 14% de la producción en diez años. Si miramos más adelante, al año 2025 por ejemplo, la población del país será de alrededor de 1.6 mil millones y, por lo tanto, la producción de arroz deberá ser de 264.7 millones de toneladas, que corresponde a un incremento del 41% comparado con 1991 (IRRI, 1994). Este es el mayor reto de los Programas de Mejoramiento Genético de Arroz de (PMGA) de China.

Esa proyección asigna a los fitomejoradores una gran responsabilidad, en particular, porque después de los dos eventos determinantes en arroz —las variedades semienanas en 1950 y el arroz híbrido en los años 70— el rendimiento de granos del cultivo alcanzó un techo que es difícil de romper (Kroptt *et al.*, 1994; Yuan, 1998). Además de los factores bióticos y abióticos que presentan las variedades como restrictivos al rendimiento de granos, los PMGA en China están buscando, de manera convencional, superar las siguientes limitaciones técnicas:

- Ausencia de variabilidad genética nueva, lo que equivale a decir que se utilizan pocos progenitores y que rara vez se explora germoplasma exótico.
- Oportunidades limitadas de recombinación génica impuestas por el sistema reproductivo del cultivo.
- Inhabilidad de los métodos de mejoramiento y de los investigadores para identificar alelos o combinaciones alélicas raras.
- Dificultades para eliminar los genes o las combinaciones génicas indeseables que se pegan a las combinaciones favorables en el proceso de selección (*linkage drag*).

Para solucionar estas limitaciones, en la actualidad la estrategia de mejoramiento genético utilizada por el programa chino consiste en:

- Ampliar la base genética del germoplasma a través de la utilización de materiales del tipo *japónica* originario de Taiwan o de áreas tropicales (sudeste de Asia, África y América Latina), o de variedades tradicionales de Yunnan, y de especies silvestres con genoma del grupo AA (en especial de *Oryza glaberrima*).
- Utilizar métodos innovativos como rescate de embriones de hibridaciones entre progenitores distantes genéticamente; cultivo de anteras para acelerar la producción de líneas fijas y sobrepasar esterilidad entre híbridos distantes; mejoramiento poblacional para piramidar los genes menores que controlan rendimiento de granos, resistencia y calidad; marcadores moleculares como SSR, STS, etc. Con ellos se apoya la selección y

es posible efectuar tres generaciones al año en Sanya, Yunnan, para acelerar la fijación de los materiales.

- Aumentar el área cosechada a través del rebrote.

En este capítulo se presentará la estrategia que va a utilizar PMGA de Yunnan para trabajar con el mejoramiento de poblaciones que segregan para el gen de androesterilidad.

Situación del Arroz en Yunnan

Algunos autores consideran la provincia de Yunnan, el lugar de origen del arroz que se cultiva en Asia, la especie *Oryza sativa* (Watabe, 1973; Nakagahra y Hayashi, 1977). La riqueza y la diversidad genética del germoplasma de arroz local ha atraído la atención de todo el mundo. En la provincia se encontraron tres especies silvestres (*O. rufipogon, O. meyeriana, y O. officinalis*), y más de 5000 entradas de germoplasma de arroz que se colectaron y preservaron.

Yunnan presenta algunas complicaciones en su clima y topografía que hacen que las regiones productoras de arroz abarquen un rango de altitudes que van de 76 msnm en Hekou hasta los 2700 msnm en Yonening Fair. El área de arroz cosechada anualmente es de alrededor de un millón de hectáreas incluyendo unas 600 mil ha del tipo *japónica* (dentro de este total 100 mil ha son de secano). Los 400 mil restantes son del tipo *índica*, principalmente híbridos, que ocupan alrededor del 65% de esa área (Jiang, 1995).

El cultivo del arroz en Yunnan presenta innumerables y diversos aspectos en cuanto a la distribución de las variedades y practicas culturales que, a su vez, determinan cinco grandes regiones:

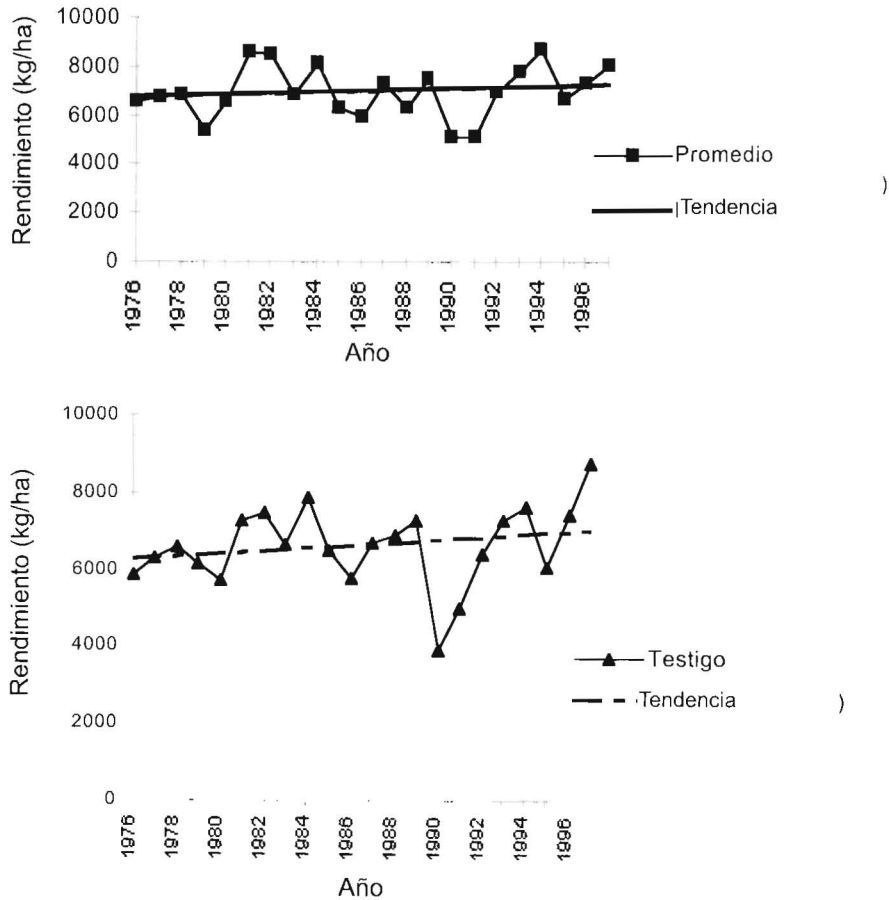
- Región fría con siembra de variedades del tipo *japónica*. Está ubicada entre los 2200 y los 2700 msnm y posee un área sembrada de 40,000 ha.
- Región que a pesar de registrar temperaturas superiores a las anteriores, presenta un cierto grado de frío. Ubicada entre los 1850 y los 2200 msnm, es allí donde se siembran 180,000 ha con variedades del tipo *japónica*.
- Clima caliente que se localiza entre los 1450 y los 1850 msnm con alrededor de 300,000 ha cultivadas con el cereal.
- Región baja pero con clima caliente. Las altitudes varían entre 396 y 1450 msnm con un área total de producción de arroz de 320,000 ha.
- Región sur marginal con cultivos de riego y secano, altitudes entre 76 y 1899 msnm y 180,000 ha.

En los últimos años el PMGA de Yunnan ha enfrentado dificultades que han afectado la eficiencia del mismo. Entre éstos figuran dos factores, el primero, común a muchos programas de mejoramiento, está relacionado con la baja

probabilidad de combinar en un sólo germoplasma, características como alto rendimiento de granos, resistencia a enfermedades (como piricularia), tolerancia al frío y calidad de grano, todas controladas por varios genes. El segundo factor se refiere a que desde 1985 la producción de arroz de Yunnan ha aumentado con disminución del área sembrada, lo cual indica incrementos en el rendimiento por hectárea. Sin embargo, los resultados de las pruebas regionales de Yunnan para el arroz *japónica,* en el período 1976 a 1997, en Kunming, con el mismo testigo Yun Jing No. 9 indicaron un muy limitado avance (Figura 1).

El análisis de los ancestros de los materiales utilizados por el programa de mejoramiento mostró que el 75% del arroz del tipo *japónica* de riego sembrado, depende de una base genética compuesta por cuatro variedades: Xinan 175, Keqing 3, Remei y Todorokiwase.

Figura 1. Cambios en los rendimientos de granos de materiales *japónica* en los ensayos regionales de Yunnan realizados en Kunming en 1976/97, utilizando siempre el testigo Yun Jing No. 9.



Mejoramiento Poblacional

El mejoramiento poblacional se plantea como una de las estrategias del PMGA de Yunnan para resolver los anteriores limitantes y permitir lograr los objetivos fijados. Las razones para optar por ésta son las siguientes:

- El uso de poblaciones y del mejoramiento mediante la selección recurrente, permite expandir la base genética del germoplasma que utiliza el PMGA, a través de la creación y manejo de poblaciones compuestas por un gran número de progenitores.
- Se incrementan las oportunidades de recombinación por la constante alternancia de ciclos de selección y cruzamientos entre las mejores líneas.
- Posibilita la selección de genotipos que combinen y acumulen genes favorables para características de baja heredabilidad (Chatel *et al.*, 1996).

Dado lo anterior, la estrategia parece ofrecer condiciones para superar las limitantes y romper el techo de rendimiento de granos, además de que combina al mismo tiempo y en un solo material varios caracteres.

Introducción y creación de las poblaciones

En 1998 algunas poblaciones y acervos genéticos (PCT-4, PCT-5, PCT-11, PCT-12, PCT-13, GPIRAT-11, y PQUI-1) se introdujeron en China del Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Colombia. Sólo las poblaciones PCT-4 y PCT-5 se sembraron en condiciones de secano en la localidad de Simao. Después de algunas observaciones se concluyó que ambas presentaban elevados índices de plantas estériles (27.5% para la PCT-4 y 37.6% para la PCT-5). Además la PCT-5 presentó un marcado vigor. Con base en estos datos visuales se escogieron tres plantas androestériles para cruzarlas con 32 líneas élites *japónica* de Yunnan. Estos materiales poseen alto potencial de rendimiento de granos, tolerancia al frío, buena calidad de grano y amplia base genética (incluyen germoplasma de regiones tropicales y templadas).

Cada una de las 32 líneas se combinó con tres plantas androestériles de la PCT-5 para un total de 96 combinaciones. En 1999, en Hainan, el resultado de estos cruzamientos (semillas F_1) se sembró bajo condiciones de riego. Una cantidad igual de semillas de cada una de las 96 combinaciones se mezcló para originar la población de amplia base genética (combinación de germoplasma tropical y templado) denominada PYN-1. La constitución de la nueva población incluyó 50% de los genes de la PCT-5 y 50% del germoplasma elite de Yunnan (Cuadro 1).

Para el ecosistema de secano el objetivo es introducir tolerancia al frío y buen tipo de planta; para el de riego, introducir el germoplasma *japónica* tropical, resistencia a piricularia y buena calidad de grano. Para el mejoramiento del arroz de riego del tipo *japónica* es necesario

Cuadro 1. Composición de la población PYN-1.

Progenitor	Origen	Participación (%)	Observación
Li Jing No. 2	-	1.56	Tolerancia al frío
Li Jing No. 3	-	1.56	Tolerancia al frío
Li Jing No. 686	-	1.56	Tolerancia al frío
Hei Xuan No. 5	-	1.56	Tolerancia al frío
He 16	76174/50-701/Jinglin 768	1.56	Tolerancia al frío y alto potencial de rendimiento
Dian Yu No. 1	Zimi/Keqing No. 3	1.56	Alto potencial de rendimiento
Dian Jun No. 8	-	1.56	Tolerancia al frío y alto potencial de rendimiento
Xinan 175	-	1.56	Amplia adaptabilidad
Kunming Xiao Bei Gu	Tradicional de Yunnan	1.56	Tolerancia al frío
Ban Jimang	Tradicional de Yunnan	1.56	Tolerancia al frío
Jing Diao No. 3	Selección de Dabaigu	1.56	Tolerancia al frío y alto potencial de rendimiento
Kun Jing No. 4	Jing Lin 768/Remei	1.56	Tolerancia al frío y alto potencial de rendimiento
Yun Jing No. 9	Selección de Xinan 175	1.56	Tolerancia al frío
Yun Jing No. 23	78-220/BL4	1.56	Tolerancia al frío y alto potencial de rendimiento
Yun Jing No. 33	Zhannongai/4/Chenbao No. 2// Hanzinuo/Fu 127(-)///672//716	1.56	Tolerancia al frío y alto potencial de rendimiento
Yun Jing No. 38		1.56	Tolerancia al frío y alto potencial de rendimiento
Yun Jing No. 135	Todorokiwase/Jinglin 768	1.56	Tolerancia al frío y alto potencial de rendimiento
Yun Jing No. 136	Selección de Xinan 175	1.56	Tolerancia al frío y alto potencial de rendimiento
Cheng Bao No. 1	-	1.56	Resistente a piricularia
He Xi No. 2	Todorokiwase/Jinglin Hong No.1	1.56	Tolerancia al frío y alto potencial de rendimiento
He Xi No. 4	Todorokiwase/Yun Jing 135	1.56	Tolerancia al frío y alto potencial de rendimiento
He Xi No. 22-2	Xifong/Cu Jing No. 4	1.56	Alto potencial de rendimiento
He Xi No. 24	Todorokiwase/Cu Jing No. 4	1.56	Alto potencial de rendimiento
He Xi No. 35	He Xi No. 2/He Xi No. 15	1.56	Tolerancia al frío y alto potencial de rendimiento
He Xi No. 39	Cu Jing No. 3/Yunqing No. 3	1.56	Alto potencial de rendimiento
He Xi No. 40	He Xi No. 15/Yunnen No. 15	1.56	Tolerancia al frío y alto potencial de rendimiento
He Xi No. 41	Dian Jun No. 8/He Xi No. 21	1.56	Tolerancia al frío y alto potencial de rendimiento
He Xi No. 42	He Xi No. 24/ He Xi No. 21	1.56	Alto potencial de rendimiento
Dian Xi No. 1	He Xi No. 34//Cu Jing No.7/ Yunqing No. 3	1.56	Tolerancia al frío y alto potencial de rendimiento
Cu Jing No. 17	Cu Jing No.8/25-3-1	1.56	Alto potencial de rendimiento
Cu Jing No. 22	Cu Jing No.7/85-54	1.56	Alto potencial de rendimiento
Cu Jing No. 23	25-3-3/Cu Jng No. 9	1.56	Alto potencial de rendimiento
PCT-5	Población de secano	50.00	*Japónica* tropical, resistente a piricularia, buena calidad de grano

reducir el aporte tropical de la población PCT-5 e incrementar la constitución genética con *japónica* de Yunnan. Por lo tanto, 28 líneas (84 combinaciones) se retrocruzaron para el material élite y se sembraron las semillas $RC1F_1$ en 1999, en Hainan. Igual cantidad de semillas de los 84 retrocruces se mezclaron para crear el acervo genético GPYN-2 que tiene en su constitución 25% de la PCT-5 y 75% de 28 líneas élite *japónica* de Yunnan (Cuadro 2).

Después de por lo menos tres ciclos de recombinación se iniciará un proyecto de mejoramiento poblacional mediante la selección recurrente, para elevado potencial de rendimiento de granos, resistencia a piricularia, tolerancia al frío y buena calidad de grano utilizando tres sitios de evaluación en la provincia de Yunnan. El objetivo principal es romper el techo de rendimiento de granos y combinar las características mencionadas antes.

Estrategia de manejo de las poblaciones

Antes de iniciar el proceso de mejoramiento poblacional, la población PYN-1 y el acervo genético GPYN-2 se van a someter a tres ciclos de recombinación mediante la siembra y cosecha de semillas en las plantas androestériles. Todos los tres ciclos se efectuarán en la localidad de Hainan, el primero entre marzo y junio (cultivo precoz), el segundo entre julio y octubre (cultivo tardío) y el tercero en invierno, entre noviembre y febrero. Sólo entonces se iniciará el proceso de mejoramiento para las características deseadas. Cabe resaltar que en cada generación de recombinación se van a seleccionar plantas fértiles para la fijación y desarrollo de variedades.

A partir del año 2001, en Kunming, esos germoplasmas se someterán a ciclos de recurrencia basados en selección masal en busca de plantas con tolerancia al frío. A su vez, esas nuevas poblaciones mejoradas se utilizarán como fuentes de plantas fértiles para el desarrollo de nuevas variedades. La misma estrategia se utilizará con ambos germoplasmas, en Chuxiong, pero el caracter bajo selección en ese ambiente será resistencia a piricularia.

Comentario Final

La posibilidad de trabajar nuevos germoplasmas introducidos de otras regiones —como por ejemplo de América Latina— combinada con la utilización de una metodología como el mejoramiento poblacional aporta una nueva estrategia al PMGA de Yunnan.

Referencias

Chatel, M.; Guimarães, E. P.; Ospina, Y.; y Borrero, J. 1996. Improvement of upland rice using gene pools and populations with recessive male-sterility gene. En: Piggin, C.; Courtois, B.; y Schmit, V. (eds.). Upland rice research in partnership. IRRI Discussion Paper Series No.16. International Rice Research Institute (IRRI), Los Baños, Philippines. p. 284-298.

Cuadro 2. Composición del acervo genético GPYN-2.

Progenitor	Origen	Participación (%)	Observación
Li Jing No. 2	-	2.68	Tolerancia al frío
Li Jing No. 3	-	2.68	Tolerancia al frío
Li Jing No. 686	-	2.68	Tolerancia al frío
Hei Xuan No. 5	-	2.68	Tolerancia al frío
He 16	76174/50-701/Jinglin 768	2.68	Tolerancia al frío y alto potencial de rendimiento
Dian Yu No. 1	Zimi/Keqing No. 3	2.68	Alto potencial de rendimiento
Dian Jun No. 8	-	2.68	Tolerancia al frío y alto potencial de rendimiento
Xinan 175	-	2.68	Amplia adaptación
Ban Jimang	Tradicional de Yunnan	2.68	Tolerancia al frío
Kun Jing No. 4	Jung Lin 768/Remei	2.68	Tolerancia al frío y alto potencial de rendimiento
Yun Jing No. 9	Selección de Xinan 175	2.68	Tolerancia al frío
Yun Jing No. 23	78-220/BL4	2.68	Tolerancia al frío y alto potencial de rendimiento
Yun Jing No. 33	Zhannongai/4/Chenbao No.2// Hanzinuo/Fu 127(-)///672//716	2.68	Tolerancia al frío y alto potencial de rendimiento
Yun Jing No. 38	-	2.68	Tolerancia al frío y alto potencial de rendimiento
Yun Jing No. 135	Todorokiwase/Jinglin 768	2.68	Tolerancia al frío y alto potencial de rendimiento
Yun Jing No. 136	Selección de Xinan 175	2.68	Tolerancia al frío y alto potencial de rendimiento
Toride No. 1	-	2.68	Tolerancia a piricularia
He Xi No. 2	Todorokiwase/Jing Hong No.1	2.68	Tolerancia al frío y alto potencial de rendimiento
He Xi No. 4	Todorokiwase/Yun Jing 135	2.68	Tolerancia al frío y alto potencial de rendimiento
He Xi No. 24	Todorokiwase/Cu Jing No. 4	2.68	Alto potencial de rendimiento
He Xi No. 35	He Xi No. 4/Hi Xe No. 15	2.68	Tolerancia al frío y alto potencial de rendimiento
He Xi No. 39	Cu Jing No. 3/Yunqing No. 3	2.68	Alto potencial de rendimiento
He Xi No. 41	Dian Jun No. 8/He Xi No. 21	2.68	Tolerancia al frío y alto potencial de rendimiento
He Xi No. 42	He Xi No. 24/ He Xi No. 21	2.68	Alto potencial de rendimiento
Dian Xi No. 1	He Xi No. 34//Cu Jing No.7/ Yunqing No. 3	2.68	Tolerancia al frío y alto potencial de rendimiento
Cu Jing No. 17	Cu Jing No. 8/25-3-1	2.68	Alto potencial de rendimiento
Cu Jing No. 22	Cu Jing No. 7/ 85-54	2.68	Alto potencial de rendimiento
Cu Jing No. 23	25-3-3/Cu Jing No. 9	2.68	Alto potencial de rendimiento
PCT-5	Población de secano	25.00	*Japónica* tropical, resistente a piricularia, buena calidad de grano

IRRI (International Rice Research Institute). 1994. Rice facts. Los Baños, Philippines. Folder.

Jiang, Z. 1995. Rice in Yunnan (In Chinese). Yunnan Science and Technology Press, Kunming, China. p. 1-11.

Kroptt, M. J.; Cassman, K. G.; Peng, S.; Matthews, R. B.; y Setter, T. L. 1994. Quantantitave understanding of yield potential. En: Cassman K. G. (ed.). Breaking the yield barriers. Proceedings of a Workshop on Rice Yield Potential in Favorable Environments, IRRI, 29 November-04 December 1993. International Rice Research Institute (IRRI), Los Baños, Philippines. p. 21-38

Nakagahra, M. y Hayashi, K. I. 1977. Origin of cultivated rice as detected by isoenzyme variations. Jpn. Agric. Res. Q. 11(1):1-5.

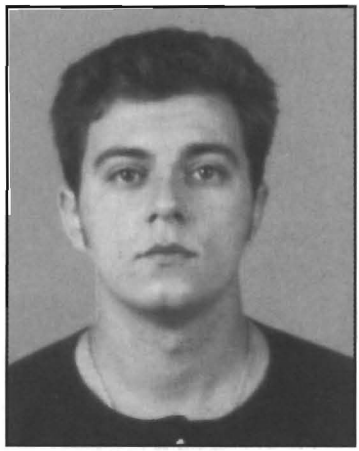
Watabe, T. 1973. Alteration of cultivated rice in Indochina. Jpn. Agric. Res. Q. 7(3):160-163.

Yuan, L. P. 1998. Hybrid rice breeding in China. En: Virmani, S. S.; Siddiq, E. A.; y Muralidharan, K. (eds.). Advances in hybrid rice technology. Proceedings of the 3rd International Symposium on Hybrid Rice, 14-16, November 1996. Hyderabad, India. International Rice Research Institute (IRRI), Los Baños, Philippines. p. 27-33.

Experiencias en Manejo de Poblaciones de Arroz de Riego en Condiciones Templadas

Capítulo 10

Mejoramiento Poblacional del Arroz en Uruguay: Caracterización y Desarrollo de Germoplasma



Fernando B. Pérez de Vida

Fernando B. Pérez de Vida[1]
Pedro H. Blanco[1]
T. Abadie[2]
O. Guerra[3]
M. Tais[3]
Marc Chatel[4]
Jaime Borrero[5]

[1]Investigador del Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), Ruta 8 km 281, Treinta y Tres, Treinta y Tres, CP33000, Uruguay;
Correo electrónico fperez@inia.org.uy;
[2 y 3]Investigador y Estudiantes de la Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Uruguay, respectivamente;
[4]Investigador del Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement-Département des cultures annuelles (CIRAD-CA), en el Proyecto Arroz del CIAT, Apdo. Aéreo 6713, Cali, Colombia;
[5]Asistente de Investigación del Proyecto Arroz del CIAT

Contenido

Resumen
Abstract
Introducción
Caracterización Fenotípica del Acervo Genético GPIRAT-10
Estrategia para la Utilización del Acervo Genético
    Desarrollo de líneas fijas
    Desarrollo de nuevas poblaciones
Manejo de las Poblaciones
Expectativas Futuras
Referencias

Resumen

El Programa de Mejoramiento Genético de Arroz (PMGA) de INIA ha utilizado los métodos tradicionales para desarrollar variedades que atiendan las necesidades del mercado interno y externo. No obstante que estos métodos han resultado exitosos, estudios recientes han indicado un estancamiento en el rendimento de granos. Como estrategia complementaria en 1996 se inició un proyecto de mejoramiento poblacional con el objetivo de ampliar la base genética del germoplasma uruguayo, y generar un material de alto potencial para el desarrollo de líneas en el mediano plazo. En 1996 se introdujo del Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Colombia, el acervo genético GPIRAT-10. Después de su evaluación y caracterización se concluyó que había necesidad de desarrollar poblaciones locales con mayor potencial para lograr los objetivos del PMGA. En colaboración con el proyecto de selección recurrente del CIAT/CIRAD se desarrollaron cuatro nuevas poblaciones: PURG-1\0\0\0, PURG-2\0\0\0, PURG-3\0\0\0, y PURG-4\0\0\0. En este trabajo se discute la estrategia para el desarrollo y manejo de esos germoplasmas.

Uruguayan Rice Population Improvement: Characterization and Germplasm Development

Abstract

In Uruguay, the varieties required by local and external markets are developed, using traditional breeding methods, by the Rice Breeding Program of the Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA). Although these methods have been successful, recent studies have shown a yield plateau. As a complementary strategy, a population improvement project was launched in 1996 to broaden the genetic base of Uruguayan germplasm, and to generate a much-improved source for developing lines over the medium term. Gene pool GPIRAT-10 was introduced from the Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Colombia, in 1996. After evaluating and characterizing it, we saw a need to develop local populations with higher potential to achieve the goals of the national breeding program. In collaboration with the CIAT/CIRAD Recurrent Selection Project, we developed four new populations: PURG-1\0\0\0, PURG-2\0\0\0, PURG-3\0\0\0, and PURG-4\0\0\0. This paper discusses the strategy for developing and handling these germplasm materials.

Introducción

En un ambiente de clima templado (30° a 35° latitud sur) la incidencia de agentes patógenos es menor a la que se da en condiciones tropicales y por lo tanto, el promedio de vida de una variedad es mayor. La variedad Bluebelle, introducida en el país, se sembró durante 25 años hasta que se obtuvieron nuevas variedades de mayor potencial de rendimiento de granos y similar calidad de grano. En la actualidad dos variedades locales —El Paso 144 e INIA Tacuarí— ocupan el 95% del área de siembra en el país (MGAP, 1998).

El Programa de Mejoramiento Genético de Arroz (PMGA) del Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), Uruguay, ha concentrado sus esfuerzos en el desarrollo de variedades que posean grano largo, temperatura de gelatinización y contenido de amilosa intermedio y perfil amilográfico estándar; todos estos patrones conocidos como 'calidad americana'. Además, obviamente se trabaja en mejorar las características agronómicas requeridas por los agricultores del país.

Dentro de este marco general se ha trabajado de manera intensa en la obtención de variedades que permitan al sector productivo e industrial de Uruguay, adquirir un claro perfil exportador para satisfacer la demanda de mercados regionales como Brasil y otros extra regionales. Con la reciente apertura de los mercados internacionales, el PMGA ha ampliado sus objetivos a la búsqueda de variedades de grano corto o medio para una posible participación en mercados del sudeste y este asiático.

El objetivo general del programa es obtener variedades de excelente calidad de grano aptas para su comercialización en mercados de alta exigencia. Además de ese esfuerzo existe la necesidad de superar algunos de los problemas identificados en fecha reciente, como son el techo en el potencial de rendimiento de granos y la incidencia creciente de enfermedades de tallos.

Para lograr esos objetivos las investigaciones adelantadas por el PMGA han utilizado básicamente el método genealógico con cruzamientos manuales, incluyendo líneas experimentales, variedades locales e introducciones. En particular, se han utilizado cruces simples entre *japónicas* y en menor grado entre *índicas*. Se ha intentado la combinación de *índica* y *japónica* pero con menor frecuencia. En fechas recientes se iniciaron trabajos de mutaciones inducidas, buscando mejorar el tipo de planta y duración de crecimiento (ciclo) en variedades de reconocida calidad de grano pero con algunos aspectos agronómicos deficientes. A pesar de que no se cuenta con estudios que cuantifiquen la variabilidad genética del PMGA, se asume una situación similar a la que plantean estudios que señalan un importante estrechamiento de la base genética utilizada en programas de desarrollo

de variedades de América Latina (Cuevas-Pérez *et al.*, 1992), con un posible compromiso de la ganancia genética en productividad. Rangel *et al.* (1996) presentan el caso del arroz de riego en Brasil, donde la base genética identificada en las variedades cultivadas es estrecha y las ganancias de los programas de mejoramiento son pequeñas.

Mediante el análisis de datos experimentales, Pérez de Vida y Blanco Barral (1996) observaron que el rendimiento de granos promedio de las cinco líneas experimentales de mayor potencial de rendimiento de cada año en el período 1985-1995 fue estable, lo cual indica un estancamiento en la productividad. La inclusión de nueva variabilidad genética con la incorporación de nuevas fuentes, asociada a un método de mejoramiento que proporcione un amplio número de cruzamientos, podría contribuir a revertir tal situación.

Para el PMGA una alternativa interesante de diversificación de métodos, es el mejoramiento poblacional a través de la selección recurrente y poblaciones variables con el gen de androesterilidad. El trabajo tendría un especial énfasis en el mejoramiento de características de base genética cuantitativa, como la obtención de resistencia a enfermedades de tallos (*Rhizoctonia* y *Sclerotium*), así como en la inclusión de nueva variabilidad a través de la síntesis de poblaciones de amplia base genética.

El empleo del método de selección recurrente es relativamente nuevo en arroz, y ha adquirido importancia a partir de la obtención por mutación de un gen recesivo de androesterilidad en la variedad IR36 (Singh e Ikehashi, 1981). La inclusión de este gen en una población de arroz permite el uso de la selección recurrente al incrementar de manera sustancial la tasa de cruzamientos entre individuos. Según Fehr (1987) ello siempre había sido una limitante en el mejoramiento poblacional de plantas autógamas.

Dadas las ventajas ya mencionadas del método de selección recurrente (Geraldi, 1997), se empezó a trabajar con éste en el año agrícola 1995/96. El primer paso fue el análisis de poblaciones ya creadas y de la posibilidad de que se adaptara a un ambiente templado como las condiciones de Uruguay. Sobre esta base se decidió comenzar a trabajar con el GPIRAT-10 sintetizado por el Centre de coopération intenationale en recherche agronomique pour le développement (CIRAD) en 1995 (Chatel y Guimarães, 1996).

En este trabajo se presentan y discuten los datos de la caracterización del acervo genético introducido; se describe la creación y composición de nuevas poblaciones para uso por el PGMA y se muestra el flujo de los materiales en los trabajos con selección recurrente.

Caracterización Fenotípica del Acervo Genético GPIRAT-10

Antes de iniciar un proyecto de mejoramiento poblacional es fundamental conocer el potencial de la población base del trabajo, que en este caso fue introducida del CIAT. Es importante identificar la base genética del germoplasma y su adaptación a las condiciones locales para tener una idea de su uso potencial directo, o su uso como fuente para obtención de líneas experimentales para el PMGA o incluso reconocer la necesidad de incluir nueva variabilidad.

La decisión de introducir el acervo genético GPIRAT-10 se tomó debido a que ese germoplasma se sintetizó para ecosistemas templados de arroz de riego similar a las condiciones de cultivo de Uruguay. Los progenitores de ese acervo se escogieron considerando objetivos similares a los del PMGA, esto es, potencial de rendimiento de granos, tolerancia al frío y calidad de grano. Además, este acervo está constituido por una amplia base genética de genotipos del grupo *japónica* y con el aporte del gen de androesterilidad de la variedad IR36.

Para caracterizar ese material desde el punto de vista fenotípico, en el año agrícola 1996/97 en la Unidad Experimental Paso de La Laguna, en la ciudad de Treinta y Tres, se sembraron en bandejas semillas (recibidas del CIAT) que se trasplantaron a los 25 días para generar un grupo de 3000 plantas pertenecientes al GPIRAT-10.

La siembra en invernadero se realizó en tres fechas distanciadas siete días, manteniendo tal diferencia a la fecha de transplante no sólo para permitir el cruzamiento de individuos con diferencias en ciclo a floración sino para preservar el acervo a través del mantenimiento activo. El transplante se realizó ubicando una planta por sitio con una distancia entre plantas de 0.3 m y de 0.5 m entre surcos.

Para la caracterización se utilizó una muestra al azar de 300 plantas marcadas que se evaluaron en 26 características. Se incluyeron evaluaciones cuantitativas (días a floración, altura de planta, rendimiento de granos, etc.) y categóricas (tipo de macollamiento, ángulo de la hoja bandera, fertilidad, esterilidad, etc.). Para el análisis se utilizaron parámetros estadísticos como promedio, varianza fenotípica, coeficiente de variación (CV%) y valores máximos y mínimos. Los resultados para 18 de las 26 características evaluadas se presentan en el Cuadro 1.

Estos resultados indican que la población presentó en promedio, excesiva altura de plantas (106 cm), ciclo largo a la floración (123 días), tipo de planta con arquitectura no deseable por macollamiento abierto y hojas poco erectas (Cuadro 1). En estos dos últimos casos los datos presentan una importante variabilidad aunque deben considerarse como

Cuadro 1. Parámetros estadísticos de caracteres evaluados en el acervo genético GPIRAT 10 en la Unidad Experimental Paso de La Laguna, Treinta y Tres, Uruguay, en 1996/97.

Parámetro	Altura (cm)	Floración (días)	Macollas (#)	Macollamiento (tipo)[1]	Angulo de la hoja bandera[2]	Area foliar (cm^2) Hoja bandera + anterior	Panículas (#)	Granos por panículas (#)	Granos llenos panícula (#) (PAF)[3]	Granos estériles panícula (%) (PAF)[3]	P1000[4] (g)	Materia seca total/ planta (g)	Rendimiento por planta (g) (PAF)	IC (%) (PAF)	Relación L/A (con cáscara)	Dispersión en alcali	ISD[5] Rhizo	ISD[5] Scl
Media	106	123	24.9	2.8	3	61.2	24.8	134	99	27.5	25.2	133	57.5	44.5	3.2	3.9	7.7	54
Varianza	122	51.5	85.3	1.3	1.4	232.3	81.9	1122	872.6	183.7	15.0	3256	635.3	100.8	0.1	1.6	239	135
CV (%)	10.4	5.9	36.9	41.1	40.0	24.8	36.5	25.0	29.8	49.5	15.4	42.9	43.8	22.6	11.9	32.3	199.7	21.5
Máximo	138	137	54	5	5	117.3	54	278	195	85.4	44.7	416.4	130.9	64.6	5.0	7	80.5	100
Mínimo	65	106	5	1	1	24.5	5	34	15	4.7	15.8	18.9	10.2	15.3	1.9	1.7	0	30.2
Número	300	235	285	298	279	280	279	248	100	100	247	278	101	111	278	275	278	278

1. 1: Compacto y 5: Abierto.
2. 1: Erectas y cortas y 5: Largas y caídas.
3. Plantas androfértiles.
4. Peso de 1000 granos.
5. ISD: Índice de severidad de daño; Rhizo:*Rhizoctonia orizae sativae;* Scl:*Sclerotium orizae.*

relativos al tratarse de variables categóricas con un rango acotado que, por ende, presenta valores extremos.

Por otra parte, se caracterizó por alto macollamiento por planta (Cuadro 1), alta fertilidad de tallos (24.8 panículas por planta) y por buen tamaño de panícula (134 granos). En el primer caso se asocia una interesante variabilidad con genotipos de amplia respuesta a las condiciones de espaciamiento. Esto se ha considerado como un factor de estabilidad para los cultivares, aún en condiciones de siembra directa (Pérez de Vida *et al.*, 1998).

En el Cuadro 1 se observa que la esterilidad de granos en plantas androfértiles fue moderada (28%), lo cual indica una aceptable adaptación a las condiciones locales. Sin embargo, se presentaron evidencias de susceptibilidad a problemas fisiológicos que ocasionan 'espiga erecta' (Figura 1). Estos componentes del rendimiento presentan así mismo, una interesante variabilidad fenotípica con valores extremos que alcanzan los 278 granos por panícula. El rendimiento de granos por planta, por consiguiente, presenta uno de los más altos valores para la varianza fenotípica, que deben considerarse como relativos a las condiciones de amplio espaciamiento utilizadas y a la unidad de evaluación (rendimiento por planta).

El Indice de Cosecha (IC) en plantas androfértiles fue en promedio 44.5% lo cual, no obstante que la varianza fenotípica observada fue relativamente alta (635.3) y que se obtuvieron valores extremos superiores a 60%, refleja el predominio de plantas poco eficientes en el rendimiento de granos. Además una importante proporción (cerca del 50%) presentó valores superiores al 50% (Figura 2). Las dimensiones de grano obtenidas indican la posibilidad de seleccionar genotipos de grano corto medio con frecuencias un poco menores que las de los genotipos de grano largo (Figura 3).

El Índice de Severidad de Daño (ISD) estimado para la ocurrencia de *Rhizoctonia oryzae sativae,* indica que fue de baja incidencia promedio en la población, quizás debido al amplio espaciamiento de las plantas y a un bajo predominio en el campo. En contraste, para *Sclerotium oryzae* el ISD presenta una incidencia promedio superior (54%) y un valor mínimo de 30% (Cuadro 1). Así mismo genotipos de superior sanidad serían de baja frecuencia (Figura 4).

Mediante un estudio multivariado se pudo establecer relaciones entre las variables caracterizadas para lo cual se realizó un análisis de componentes principales (Figura 5). En un primer grupo de variables, que integra el componente principal 1, se destacan el porcentaje de esterilidad de granos (%Est.) e IC con 25% de la variabilidad retenida. En el segundo componente resultan número de panículas, materia seca y rendimiento de granos (Rend.) con 16% de la variabilidad. A partir de este estudio surge, como era de esperarse, una asociación alta y

Figura 1. Frecuencias de porcentaje de granos estériles en plantas del GPIRAT-10.

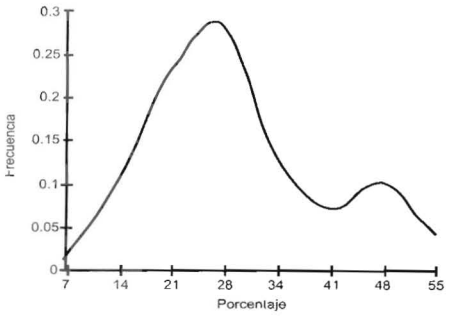


Figura 2. Frecuencias de porcentaje IC en plantas del GPIRAT-10.

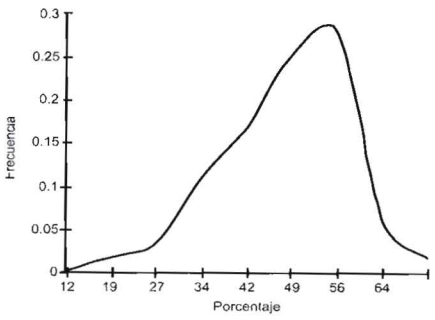


Figura 3. Frecuencias de medida de largo/ancho de granos con cáscara.

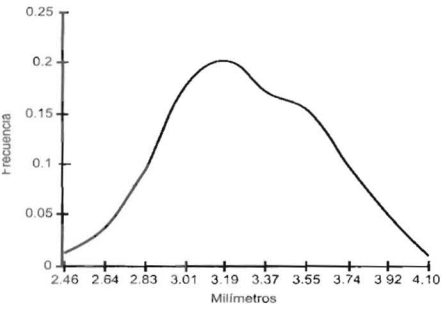
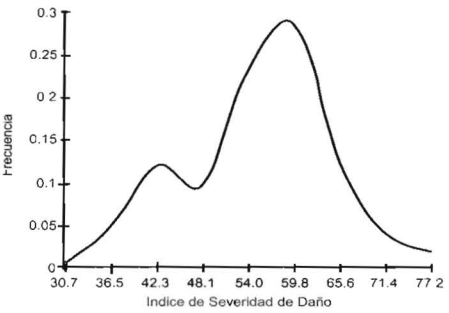


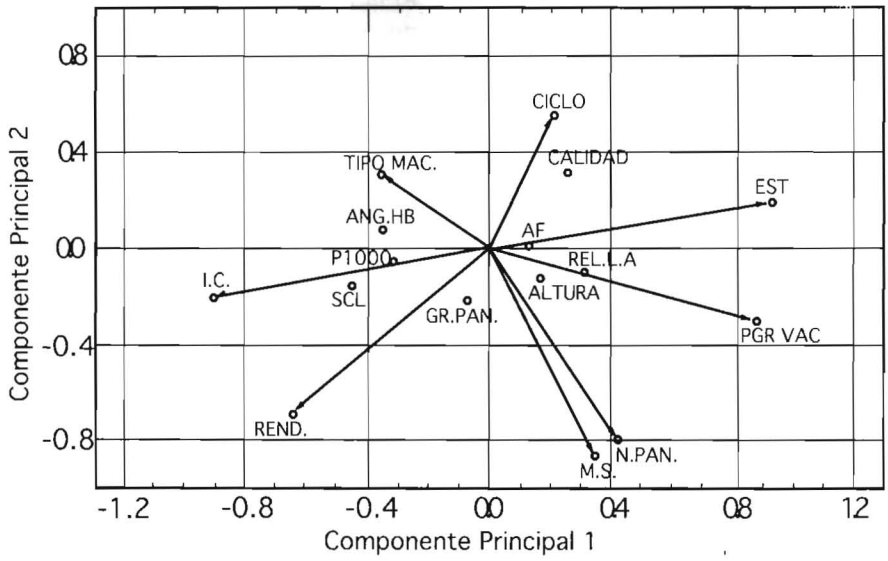
Figura 4. Frecuencias de ISD de *Sclerotium oryzae* en plantas del GPIRAT-10.



negativa de Rend. e IC con %Est., mientras los primeros se asocian positivamente. Así mismo, individuos de mayor ciclo (días a floración) presentaron el más bajo rendimiento de granos.

Incluyendo la variable categórica tipo de macollamiento (con valores de 1 a 5) se obtuvo una muy baja asociación con Rend. En contraste ésta fue mayor con IC. En plantas aisladas, como las del presente trabajo, aparece como promisoria la relación cuantificada entre tipo de macollamiento e IC como elemento para la selección de plantas. La evaluación del Rend. por planta en tales condiciones sobreevalúa el potencial de plantas altas y competitivas, que en condiciones de cultivo pueden ser menos productivas aún sin volcamiento. Se plantea como hipótesis de trabajo la evaluación productiva de diferentes tipos de plantas a través de la evaluación de su familia.

Figura 5. Principales componentes considerados para caracterizar el acervo genético GPIRAT-10.



El análisis combinado de esos resultados indica que el potencial del acervo genético GPIRAT-10 tiene escaso valor para uso directo. Para que ello fuera posible, habría que someterla a una alta presión de selección hacia los genotipos deseables, que podría significar un estrechamiento de la base genética del acervo con el cual se pretende iniciar un programa de mediano plazo utilizando la selección recurrente.

Por otra parte, se observó un escaso valor general en resistencia a *Sclerotium* —característica de interés para el PMGA — y sin embargo presentó rangos de variación interesantes para casi todas las características evaluadas. Esto permite considerar su utilización como base para la introducción de nueva variabilidad.

Estrategia para la Utilización del Acervo Genético

Las actividades se iniciaron con la introducción del acervo genético en la cosecha 1996/97: se sembró y transplantó un grupo de 3000 plántulas del GPIRAT-10 para seleccionar plantas S_0, desarrollar líneas fijas y crear nuevas poblaciones a través de la introducción de nueva variabilidad genética en el acervo genético. Como ya se mencionó, GPIRAT-10 se seleccionó por la participación mayoritaria de cultivares del grupo *japónica*, de mayor adaptación a condiciones templadas. A continuación se discuten esos dos procesos.

Desarrollo de líneas fijas

En el año agrícola 1996/97 se seleccionaron 120 plantas S_0 androfértiles del GPIRAT-10. Los criterios utilizados para ello fueron: tipo de grano corto y medio, plantas mejoradas o modernas, ciclo a floración de 90 a 110 días y buen omportamiento general. Ese número de plantas (4% del total), representa una alta presión de selección que implica un posible estrechamiento de la base genética original del acervo.

En 1997/98, provenientes de cada planta S_0 seleccionada en el año anterior, se realizó la siembra del grupo de panículas S_1 (familias de panículas S_1), una por surco aislada de la siguiente familia. El propósito era realizar selección fenotípica entre y dentro de familias S_1. En las 45 S_1 seleccionadas se cosecharon panículas de plantas fértiles para su seguimiento generacional (S_2, S_3, ...) hasta la fijación por el método genealógico.

En la cosecha 1998/99, originarias de esas selecciones se sembraron unas 1100 panículas S_2 en surcos para dar continuidad al proceso de desarrollo de líneas.

Desarrollo de nuevas poblaciones

La estrategia seguida para el desarrollo de las poblaciones fue la de incorporar nueva variabilidad en el acervo genético GPIRAT-10. Esto se llevó a cabo a través de la inclusión de nuevos progenitores con caracteres de interés al PMGA, de acuerdo con lo planteado por Borrero *et al.* (1997) y manteniendo el gen de androesterilidad original.

Formación de poblaciones de granos cortos y medios. Se utilizaron plantas androestériles del GPIRAT-10 para incorporar nueva variabilidad por aporte de polen de 16 progenitores del grupo *japónica* —variedades introducidas de grano corto y medio— (Cuadro 2). Este grupo se seleccionó por su adaptación a condiciones locales, tolerancia al frío, potencial de rendimiento de granos y tipo y calidad de grano de reconocida aceptación en mercados asiáticos.

Las semillas F_1 obtenidas se sometieron a una etapa de adelanto generacional en el CIAT. En el año agrícola 1998/99, el *pool* de semillas F_2 mezcladas en las proporciones indicadas en el Cuadro 2 constituyeron la PURG-1\0\0\0. En el segundo semestre de 1999 se va a sembrar en CIAT la población básica para la primera recombinación (identificación PURG-1\0\0\1).

Como ya se mencionó se procederá a la síntesis de una nueva población de base genética un poco más amplia. Para ello en el segundo semestre de 1999, en Colombia, se mezclarán las semillas de la PURG-1\0\0\1 y de plantas seleccionadas entre y dentro de las 45 familias del GPIRAT-10 ya anotadas para dar origen a la población PURG-3\0\0\0.

Cuadro 2. Origen y características de interés de los progenitores incorporados en el acervo genético GPIRAT-10 para crear la población PURG-1\0\0\0.

Progenitor	Origen	Cont. %	Caracaterísticas de interés
Bengal	Mars*2/M-201	5.88	Rendimiento, tipo de planta
Hourey	-	5.88	Tipo y calidad de grano
Kaoshiung 68	-	5.88	Sanidad de tallos
Koshihikari	Norin22/Norin1	5.88	Tipo y calidad de grano
Pecos	CI9545//Gulfrose/Tainanlku 487	5.88	Tipo de planta
RU8801121-229	-	5.88	Tipo de planta
S-201	Calrose 76/CS-M3//S 6	5.88	Rendimiento, tipo de grano
Sasanishiki	Hatsunishiki/Sasahigure	11.76	Tolerancia al frío, calidad molinera
Taichung 169	-	5.88	Calidad de grano
Yamabico	-	5.88	Calidad de grano
INIA Tacuarí	Newbonnet/Newrex L79	5.88	Rendimiento, tolerancia al frío
C-108	IRI 326/BB//BB///Lmnt/4/L 370	5.88	Tipo de planta, sanidad de tallos
L 201	Merc//Merc/Kosh	5.88	Calidad de grano
L 202	Merc/Akihikari	5.88	Calidad de grano
L 203	Merc//Merc/Kosh	5.88	Calidad de grano
C-110	IRI 326/BB//BB///Lmnt/4/L 370	5.88	Tipo de planta, sanidad de tallos

Formación de poblaciones de grano largo fino y 'calidad americana'. En el año agrícola 1997/98, se realizaron cruzamientos de 57 líneas experimentales y variedades de tipo de grano largo-fino y 'calidad americana' con plantas androestériles provenientes de familias originadas en un ciclo de selección del GPIRAT-10 (Cuadro 3).

El grupo de materiales incluidos presenta una amplia adaptación a las condiciones locales, excelente calidad de grano —en función de los objetivos del programa— tolerancia a enfermedades de tallos y potencial de rendimiento de granos. La semilla F_1 obtenida se multiplicó en el CIAT para avance generacional. En el año agrícola 1998/99 se mezclaron semillas F_2 para la síntesis de la nueva población (PURG-2\0\0\0) (según proporciones indicadas en el Cuadro 3), y se cumplió con la primera etapa de recombinación de ese germoplasma para la obtención de la PURG-2\0\0\1.

El grupo de materiales incluidos en PURG-2\0\0\1 se seleccionó como una muestra representativa de las poblaciones que maneja en la actualidad el PMGA. Sin embargo,

Cuadro 3. Orígenes y progenitores incorporados en el acervo genético GPIRAT-10 para crear la población PURG-2\0\0\0.

Progenitor	Participación % [1]	Origen	Progenitor	Participación %	Origen
L 1745	3.51	CT6584-1-7-2-9/ L 435	L 2500	1.75	IRI326/BB//BB///Lmnt/4/L 370
L 1764	1.75	CT6584-1-7-2-9/ L 435	L 2530	1.75	EP 48//EP48/i16///L 371
L 2652	1.75	CT6584-1-7-2-9/L 435	L 2531	1.75	EP 48//EP 48/i16///L 371
L 1860	3.51	L 264 Nwbt/ L 435	L 2732	1.75	Leah/L58//EP 144
L 1855	1.75	L 264 Nwbt/ L 435	L 1849	1.75	Nwbt/ EP 48//EP 94
L 1857	1.75	L 264 Nwbt/ L 435	L 2712	1.75	L 38//L75/Tx23
L 1966	1.75	L 226/C 190F3	L 2726	1.75	L 67/L 137//1115-3
L 1968	1.75	L 226/C 190F3	L 2729	1.75	L 67/L 137//Lmnt
L 1970	1.75	L 226/C 190F3	L 2666	1.75	L 43/C241F2
L 1971	1.75	L 226/C 190F3	L 2427	1.75	L 90(15)/LmntF4//EP 144/BB
L 2688	1.75	L 226/C 190F3	L 2745	1.75	M 18 a
L 2596	1.75	L 122//L 130Tx/L 67///L 360	L 2526	1.75	EP 144/L 58//Nwbt/Nrx L79
L 1844	1.75	L 43/C190F3	L 2546	1.75	i16/EP 48//EP 48///EP 94
L 1813	1.75	L 43/C190F3	L 2584	1.75	Nwbt/EP 144//Lmnt///L 410
L 1815	1.75	L 43/C190F3	L 2586	1.75	Nwbt/EP 144//Lmnt///L 410
L 1831	1.75	L 43/C190F3	NN	1.75	-
L 1804	1.75	L 43/C190F3	L 1796	1.75	L 58/EP 144
L 2675	1.75	L 43/C190F3	L 1919	1.75	L 43/C 185
L 2068	1.75	L 90/Lmnt//L 360	L 1991	3.51	1115-3/EP 48//EP 227
L 2111	1.75	L 90/Lmnt//L 360	OrizicaYacú 9	1.75	PDR 34/P 3790//P 5746
L 2618	1.75	L 371/ EP 227	L 1816	3.51	Leah/1115-3
L 2217	1.75	Nrx L79/V2-84//Lmnt///L 370	Alan	1.75	Labelle/L- 201
L 2221	1.75	Nrx L79/V2-84//Lmnt///L 370	Gulfmont	1.75	Lbnt//CI9881/PI331581
L 2385	1.75	Nrx L79/V2-84//Lmnt/EP 94	Rosemont	1.75	CI9881/PI331581//L 201
L 2308	1.75	Nrx L79/V2-84//Lmnt/EP 94	El Paso 144	1.75	PB 790-B441T
L 2637	1.75	L 435/L 177	Cuaró	1.75	MtBrIRGA409/EP 144
L 2630	1.75	L 435/L 177	Bluebelle	1.75	Rexark Rogué/CP 231 CI9122
L 2689	1.75	1115-3/EP 48//EP 227	Tacuarí	3.51	Newbonnet/NewrexL79
			Caraguatá	7.00	L 38//L75/Tx 23

1. %: Estimación de contribución porcentual sobre el total de progenitores incorporados al GPIRAT 10.

tal como se mencionó antes, aceptando el supuesto de un relativo estrechamiento de la base genética se plantea la necesidad de una estrategia que contemple la ampliación de la misma con objetivos a más largo plazo. Para ello se procederá a mezclar en partes iguales semilla de PURG-2\0\0\1 con una muestra del GPIRAT-10, que dará origen a una nueva población PURG-4\0\0\0 de indudable mayor amplitud genética.

Manejo de las Poblaciones

Las poblaciones inicialmente sintetizadas, PURG-1 y PURG-3, que tuvieron una primera recombinación para el segundo semestre de 1999 se seguirán manejando en CIAT. De acuerdo con la propuesta del INIA se busca comenzar un primer ciclo de selección con la siembra del 2002/03. Para esa época se espera que las poblaciones lleven al menos tres ciclos de recombinación que podrían efectuarse en CIAT.

En el caso de las restantes dos poblaciones, PURG-2 y PURG-4, cuya síntesis y posterior primera recombinación se culminaría en CIAT en el segundo semestre de 1999, se espera realizar, también en ese Centro Internacional, tres ciclos de recombinación en los cinco semestres disponibles. De esta manera estarían disponibles para el segundo semestre del año 2002 y podrían trasladarse a Uruguay para el inicio de la siembra 2002/03.

En fecha posterior y ya en las condiciones locales, con solo una siembra o semestre por año disponible se seguirá la siguiente estrategia:

- Primer año: Selección fenotípica de plantas (S_0) conservando semilla original.
- Segundo año: Multiplicación de semilla (S_1) y primera evaluación.
- Tercer año: Evaluación de familias (S_2).
- Cuarto año: Primera recombinación de familias.

Por la imposibilidad de realizar dos generaciones al año, dadas las características climáticas de la región, el proyecto requiere cuatro años para completar cada ciclo de recurrencia, lo cual es una desventaja del país con respectos a otras regiones. Los cálculos de las ganancias genéticas anuales tendrán que dividirse por cuatro disminuyendo los progresos de la selección obtenidos con el método.

Expectativas Futuras

Las actividades realizadas y las planificadas para los próximos dos años con el trabajo en selección recurrente, tienen como objetivo general ofrecer al PMGA oportunidades de nueva variabilidad a dos de sus mayores esfuerzos: el mejoramiento en *japónica* de grano largo-fino y de granos medios y/o cortos.

Para lograr los objetivos es necesario definir una estrategia a largo plazo sobre la base de la introducción de nueva variabilidad. Tal estrategia, que puede implicar un posible sacrificio de resultados en plazos breves y que contempla la posibilidad de continuar la introducción de nuevos materiales, se realizaría con base en las poblaciones sintetizadas PURG-3\0\0\0 y PURG-4\0\0\0.

Por otra parte, se buscará realizar un manejo de las poblaciones PURG-1\0\0\0 y PURG-2\0\0\0 —de acuerdo con una base genética menos amplia— para obtener resultados a más corto plazo con una fuerte concentración en aspectos de calidad de grano. Como éste ha sido un concepto fundamental en la elección de los progenitores, se espera una baja variabilidad en esas características pero orientadas dentro de los parámetros de interés. Se espera generar nueva variabilidad por lo menos después de tres ciclos de recombinación en CIAT para el rompimiento de ligamientos como lo recomienda Hanson (1959), y aprovechar las ventajas de la androesterilidad en la obtención de semillas híbridas a partir de material elite del PMGA.

Así mismo, se considera posible obtener ganancias significativas en el tipo de plantas y en el ciclo de la población para grano corto (PURG-1\0\0\0). En el caso de la PURG-2\0\0\0 se espera avanzar a una tasa menor, en la medida en que los objetivos principales serán mejorar características cuantitativas, como resistencia a enfermedades de tallos, para lo cual será necesario ajustar metodologías de evaluación.

Con la exploración programada de esas nuevas fuentes de variabilidad combinada con la metodología convencional de mejoramiento genético, se espera ofrecer al PMGA de Uruguay alternativas que permitan lograr los objetivos planteados sin los problemas discutidos en el inicio de este capítulo.

Referencias

Borrero, J.; Ospina, Y.; Guimarães, E. P.; y Chatel, M. 1997. Ampliación de la base genética de los acervos de arroz, mediante la introducción de variabilidad. En: Guimarães, E. P. (ed.). Selección recurrente en arroz. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. p. 55-66.

Chatel, M. y Guimarães, E. P. 1996. Catalogue registration to manage rice gene pools and populations improvement. Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement–Département des cultures annuelles (CIRAD-CA) y Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. CIRAD/CIAT. Mimeografiado. 52 p.

Cuevas-Pérez, F. E.; Guimarães, E. P.; Berrio, L. E; y Gonzales, D. I 1992. Genetic base of irrigated rice in Latin America and the Caribbean, 1971 to 1989. Crop Sci. 32:1054-1059.

Fehr, W. R. 1987. Principals of cultivar development. Vol. 1: Theory and technique. MacMillan Publishing, Nueva York, USA. 536 p.

Geraldi, I. O. 1997. Selección recurrente en el mejoramiento de plantas. En: Guimarães, E. P. (ed.). Selección recurrente en arroz. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. p. 3-11.

Hanson, W. D. 1959. The breakup of initial linkage blocks under selection mating systems. Genetics 44:857-868.

MGAP (Ministerio de Ganadería, Agricultura y Pesca-Uruguay). 1998. Boletín Informativo. Encuesta Arrocera, Zafra 1997/98. Indicadores tecnológicos y de producción. Agosto,1998. Serie Encuestas No. 191.

Pérez de Vida, F. B. y Blanco Barral, P. H. 1996. El Cultivo de Arroz en Uruguay. Recursos Genéticos disponibles. En: Grupo Técnico de Trabajo de Híbridos de Arroz para América Latina y El Caribe (GRUTHA). Memorias II. Reunión. Ibagué, Colombia. 17p.

Pérez de Vida, F. B.; Ferreira, E.; y Montauban, F. 1998. Arroz, Resultados Experimentales 1997-98. Actividades de Difusión No. 166.

Rangel, P. H. N.; Guimarães, E. P.; y Neves, P. de C. F. 1996. Base genética das cultivares de arroz (*Oryza sativa* L.) Irrigado do Brasil. Pesq. Agropec. Bras. 31(5):349-357.

Singh, R. J. e Ikehashi, H. I. 1981. Monogenic male-sterility in rice: Induction, identification and inheritance. Crop Sci. 21:286-289.

Capítulo 11

Desarrollo de Poblaciones de Arroz en Argentina[1]



Juan E. Marassi

Juan E. Marassi[2]
Maria A. Marassi[3]
Marc Chatel[4]
Jaime Borrero[5]

[2]Profesora de la Universidad Nacional de La Plata, Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, C. C. 31, 1900 La Plata, Buenos Aires, Argentina;
[3]Profesor de la Universidad Nacional del Nordeste, Facultad de Ciencias Agrarias, C. C. 209, 3400 Corrientes, Corrientes, Argentina;
[4]Investigador del Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement-Département des cultures annuelles (CIRAD-CA), en el Proyecto Arroz del CIAT, Apdo. Aéreo 6713, Cali, Colombia;
[5]Asistente de investigación del Proyecto Arroz del CIAT

Contenido

Resumen
Abstract
El Cultivo del Arroz en Argentina
Mejoramiento Genético del Arroz
Introducción y Evaluación de Poblaciones
Creación de Nuevas Poblaciones
- Población de base genética 'estrecha'
- Población de base genética amplia
- Introducción de variabilidad en la PCT-8

Obtención de Líneas y Recombinación
Planes Futuros
Referencias

1. Parte de este trabajo recibió el apoyo financiero del Apoio a Cultura, Educación y Promoción Social (Vitae). Programa de Cooperação Científico-Acadêmico Argentina, Brasil e Chile.

Resumen

Por la ubicación geográfica de Argentina el arroz se cultiva solamente una vez al año. Existen dos zonas principales de cultivo: la región norte con características de clima subtropical-templado y la región sur con características netamente templadas. El mejoramiento genético de este cultivo se inició en la década del 40 con selección de material introducido. En 1996 surge la inquietud de utilizar el mejoramiento poblacional mediante el método de selección recurrente en busca de una forma de ampliar la variabilidad presente en el cultivo. Se introducen y caracterizan las poblaciones PCT-6, PCT-7, y PCT-8, esta última la más adaptadas a nuestras condiciones. Con las tres poblaciones se realizaron ciclos de recombinación. Con las poblaciones PCT-6 y PCT-7, que no mostraron buena adaptación, se crearon dos poblaciones para obtener líneas fijas: una de base 'estrecha' (PARG-1\0\0\0) y otra de base amplia (PARG-2\0\0\0). A partir de la población PCT-8\0\0\2 y por introducción de nueva variabilidad surge la población PARG-3\0\0\0. Se extrajeron plantas fértiles para el desarrollo de líneas fijas a partir de las poblaciones originales, de las cuales 94 líneas derivadas se van a evaluar durante la cosecha 1999/2000. En 1998 se introdujo de Chile la población PQUI-1 para estudiar su adaptación a la región mas sur del área arrocera. Se describen además los planes futuros para iniciar las otras etapas del proyecto de mejoramiento poblacional para Argentina.

Rice Population Development in Argentina

Abstract

Because of Argentina's geographical location, rice is cultivated only once a year. The two major production areas are the northern region, which has a subtropical to temperate climate, and the temperate-climate southern region. Genetic improvement of rice began in the 1940s with the selection of introduced materials. Population improvement by recurrent selection began to be used in 1996 as a way of broadening the crop's genetic variability. Populations PCT-6, PCT-7, and PCT-8 were introduced and characterized. Population PCT-8 adapted the most readily to our conditions. All three populations went through recombination cycles. From populations PCT-6 and PCT-7, which had not adapted well, two more populations were created to obtain fixed lines: one with a narrow genetic base (PARG-1\0\0\0) and the other with a broad genetic base (PARG-2\0\0\0). Population PARG-3\0\0\0 was derived from the introduction on new germplasm into population PCT-8\0\0\2. Fertile plants were derived to develop fixed lines from the original populations. Of these derived lines, 94 are to be evaluated in 1999/2000. Population PQUI-1, from Chile, was introduced in 1998 to study its adaptability to the southern rice-producing region. The paper also describes future plans for the next stages in rice population improvement for Argentina.

El Cultivo del Arroz en Argentina

El arroz en Argentina se cultiva desde la época del virreinato. Las teorías respecto a su introducción al país son variadas: pudo ser cultivado por los lusitanos a orillas del río Mocoretá cuando gobernaron los jesuitas misioneros (teoría de Carbalho Mardones); ser introducido por Jaumet Prats, contramaestre de Garay en el asentamiento de Cayastá (teoría ampurdana); o ser oriundo de las provincias del noroeste argentino (Salta, Tucumán). Apenas en el siglo XX ingresa a la provincia de Corrientes a través de productores brasileños en la zona de Paso de los Libres, desde donde se expande.

En el sur se inicia el cultivo con el desarrollo de nuevas variedades producidas en la Estación Experimental de Arroz de la Universidad Nacional de La Plata, siendo la primera de ellas Chacarero P. A.

En el período 1966/68 el área cultivada alcanzó 60,000 ha, una producción de 220,000 toneladas y un rendimiento medio nacional de 3.7 t/ha (CIAT, 1997). Durante la década del 70 y 80 esta área se estabilizó en 100,000 ha, una producción de 400,000 t y un rendimiento medio de 4.0 t/ha. En la década del 90 ocurre un crecimiento sostenido del sector para alcanzar en la cosecha 1994/95, 173,000 ha, una producción de 838,000 t y un rendimiento medio de 4.8 t/ha (Begenisic, 1998).

El crecimiento continúa en la segunda mitad de la década. Durante el antepenúltimo período agrícola (1997/98) las expectativas de producción superaban el millón de toneladas, un récord histórico nacional que no se pudo alcanzar debido a las adversas condiciones climáticas causadas por el fenómeno de El Niño. Durante la última cosecha (1998/99) se superaron todos los valores históricos y se llegó a 250,000 ha cultivadas, con una producción de 1,400,000 t. Más del 70% de la producción está destinada a la exportación y el principal mercado es Brasil. El consumo local per capita se mantiene en 5.0 kg por año.

La totalidad del arroz se cultiva bajo irrigación con diversas fuentes de aprovisionamiento de agua y modalidades de manejo. El área de cultivo involucra por lo menos dos regiones con características diferentes: la región norte y la región sur que abarca las provincias de Entre Ríos y Santa Fé (Cuadro 1).

La región norte está ubicada entre los 25° y 30° latitud sur y abarca las provincias de Chaco, Formosa y Corrientes. Esta última, con 85,000 ha cultivadas, es la más importante de la región y la segunda a nivel nacional (en superficie y producción). Chaco y Formosa totalizan unas 20,000 ha cultivadas. El clima subtropical húmedo y templado cálido, determina una amplitud de siembra de agosto a fines de diciembre. En siembras tempranas se puede lograr una segunda cosecha sobre el rebrote con relativa seguridad.

Cuadro 1. Principales características de las regiones productoras de arroz en Argentina.

Característica	Región norte	Región sur
Clima	Subtropical húmedo Templado cálido	Templado
Fechas de siembra	Agosto a diciembre	Septiembre a noviembre
Suelos	Alfisoles	Vertisoles
Topografía	Relieve llano	Relieve ondulado
Riego	Por bombeo de los ríos por represas	Bombeo de las napas o subterráneas,
Explotaciones	400 a 3000 ha	50 a 100 ha
Plagas	*Oebalus sp., Oryzophagus sp., Diathraea sp.*	*Oebalus sp.*
Enfermedades	Piricularia, *Sclerotium*	Piricularia, *Sclerotium*
Variedades	Largo fino	Largo fino (LF), largo ancho (LA) y medio
Comercio	Exportación a Brasil	Mercado interno (LA) exportación a Brasil y otros destinos (LF)

En esa región se observan problemas de toxicidad de hierro y el 'straighthead' o espiga erecta (vaneo fisiológico asociado a problemas de suelo y manejo del riego). Las principales plagas son los chinches *(Oebalus sp.)* en el llenado de grano; el gorgojo acuático *(Oryzophagus sp.)* durante el establecimiento del cultivo y el barrenador del tallo *(Diathraea sp.)* durante la madurez. Las enfermedades más relevantes son piricularia *(Pirycularia grisea);* podredumbre del tallo (*Sclerotium oryzae)* y algo de añublo (*Rhizoctonia sp.).*

Para producir en esas condiciones los agricultores siembran variedades de tipo comercial largo fino con características tropicales como las originarias de Brasil: Embrapa 7-Taim, BR-IRGA 409 y otras (Cuadro 2).

La región sur está ubicada entre 30° y 33° latitud sur y comprende la provincia de Entre Ríos, principal zona productora a nivel nacional con 145,000 ha cultivadas, y Santa Fé con 15,000 ha. En esas latitudes el clima es templado y determina una amplitud de siembra de septiembre a noviembre.

Hay probabilidad de bajas temperaturas (10°C o menos) en el mes de febrero que coincide con la etapa de floración. Bajo esas condiciones se observa presencia de chinche (*Oebalus sp.*) durante la etapa de llenado de granos y algo de *Pirycularia grisea* y *Sclerotium oryzae.*

Las variedades más cultivadas son las de grano largo fino de tipo tropical con predominio de la

Cuadro 2. Distribución de las siembras de los distintos tipos comerciales por regiones en la cosecha 1997/98.

Tipo comercial	Área sembrada en el país (%)			Región sur (%)	Región norte (%)
Largo fino	92.0			58.4	41.6
Tropical		82.0		54.7	45.3
El Paso 144			41.0	87.2	12.8
Embrapa 7-Taim			20.8	25.6	74.4
Otros[1]			38.2	15.5	84.5
Americano		10.0		91.8	8.2
Bluebelle			52.9	99.0	1.0
Don Juan INTA			36.7	99.2	0.8
Otros[2]			10.4	29.5	70.5
Largo ancho	7.9			82.4	17.6
Fortuna INTA		53.4		71.2	28.8
Yeruá P. A.		46.5		95.5	4.5
Otros[3]		0.1		0.06	0.4
Mediano	0.04			100	-
Itapé P.A		0.04		100	-
Corto	0.09			91.4	0.6
Yamaní		0.09		91.8	8.2

1. BR-IRGA 409, CT6919, Embrapa 6-Chuí, IR1529, IRGA 416, IRGA 417, BR-IRGA 410, Colombiano, R. P. 2, EPAGRI 106, IRGA 412, Villaguay P. A., Colonia Mascias 5, EPAGRI 107, y Palmar P.A.
2. Cypress, Maybelle, Tacuarí, Jackson, Bluebonnet, Kaybonnet, y Teebonnet.
3. Arroyo Grande, El Encuentro, y R. P. 1.

variedad El Paso 144 de origen uruguayo y de Bluebelle del tipo americano. En cuanto al tipo largo ancho (Doble Carolina) predomina la variedad Yeruá P. A. (UNLP, 1978), en particular para consumo interno.

Subsiste muy poca producción del tipo medio y para consumos especiales predominan las variedades Yamani e Itapé F. A. (UNLP, 1970). En la subcuenca de San Javier (Santa Fé) y La Paz (Entre Ríos), a ambos lados del río Paraná, es tradicional la siembra de la variedad Fortuna de tipo comercial largo ancho destinada a mercado interno (Cuadro 2).

Mejoramiento Genético del Arroz

El mejoramiento genético del arroz en Argentina se inicia durante la década de los años 40. En la Provincia de Salta (latitud 25°) en el noroeste del país, se liberan variedades basadas en selecciones realizadas de preferencia sobre material proveniente de Brasil y Estados Unidos: Japonés Gigante M. A.; Yamaní M. A. y Blue Rose M. A. bajo responsabilidad del Ing. Agr. E. Bragadin, del Ministerio de Agricultura y Ganadería.

En el sur (Provincia de Buenos Aires, latitud 34°) se trabaja con materiales procedentes de altas latitudes, en especial de Italia y es donde se obtienen las primeras variedades latinoamericanas por cruzamiento —Chacarero F. A., Victoria F. A., y Cumeman F. A. — en trabajos ejecutados por el Ing. Agr. J. Hirschhorn y su colaborador el Ing. Agr. C. Court, de la Facultad de Agronomía, Universidad Nacional de La Plata. Las variedades liberadas en el norte se difundieron en esa región del país (Corrientes, Salta y Tucumán) y las variedades del sur se incorporan por la provincia de Entre Ríos al mapa arrocero de la época.

En 1957 nace el Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA) que absorbe las actividades de investigación del Ministerio de Agricultura. Los trabajos en arroz se realizan a partir de entonces en las Estaciones Experimentales de Oliveros y Colonia Mascias (Santa Fé), El Sombrerito (Corrientes) y Concepción del Uruguay (Entre Ríos). En estos trabajos de investigación participaron en Oliveros el Ing. Agr. J. J. N. Marassi; en Colonia Mascias el Ing. Agr. G. Westergaar y R. Vicino; en Corrientes los Ing. Agr. H. Speroni y W. Jetter; y en Concepción del Uruguay los Ing. M. Gondel, M. Montinori y J. C. Haure.

En la actualidad el mejoramiento genético del arroz se adelanta en las siguientes Estaciones Experimentales:

- Facultad de Agronomía de La Plata (Buenos Aires).
- INTA - El Sombrerito (Corrientes).
- INTA - Concepción del Uruguay (Entre Ríos).

En los últimos años se incorporó la empresa privada por intermedio de La Arrocera Argentina S. A. con su campo experimental en Villaguay (Entre Ríos) y de la Pilagá S. A. ubicada en Mercedes (Corrientes). Estos centros han liberado aproximadamente 40 variedades, entre las cuales se destacan en orden cronológico: Gualeyán F. A.; Itapé F. A.; Fortuna INTA; Colonia Mascias 5 M. A.; San Miguel INTA; Villaguay F. A., y Yeruá F. A.

Los objetivos del mejoramiento para ambas regiones son rendimiento de granos, calidad de grano adaptada a los mercados de exportación y tolerancia a piricularia. Los objetivos específicos para la región norte son tolerancia a toxicidad de hierro y a 'straighthead' o espiga erecta. Para la región sur son tolerancia al frío, tolerancia a podredumbre de tallos y tolerancia a salinidad y alcalinidad en suelos y aguas.

Al evaluar el material genético derivado de las estrategias de mejoramiento de ambas regiones, resulta imprescindible evitar el riesgo de la uniformidad, responsable de grandes reducciones en la producción de algunos cultivos como resultado de la aparición de enfermedades y plagas. La utilización masiva de materiales de introducción procedentes en su

mayoría del Programa de Arroz del Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Colombia, confirma esta posibilidad que se asemeja a lo ocurrido en otros países de la región (Gonzalez *et al.*, 1991; Cuevas-Pérez *et al.*, 1992).

La utilización del mejoramiento poblacional mediante la utilizacíon de las ventajas del método de selección recurrente destacada por Geraldi (1997), además de ser una alternativa del mejoramiento convencional de este cultivo, es una herramienta útil para aumentar la variabilidad genética de los materiales (creación de poblaciones de amplia basea genética). Así mismo posibilita la obtención de combinaciones nuevas y potencialmente más productivas.

El objetivo de este capítulo es dar a conocer los trabajos realizados para ampliar la base genética del cultivo del arroz en el país, mediante la caracterización de poblaciones con amplia base genética para en ellas utilizar el método de selección recurrente. De otro lado, ese germoplasma se utilizará para derivar líneas como complemento del mejoramiento convencional en uso.

Introducción y Evaluación de Poblaciones

Durante la cosecha 1996/97 se introducen del CIAT las poblaciones PCT-6, PCT-7, y PCT-8. Luego, en 1998/99 del Instituto de Investigaciones Agropecuarias (INIA), Chile, se introduce la población PQUI-1. Esos materiales se seleccionaron, en particular, por su ciclo a floración que permitiría que se adaptarán al ciclo de cultivo del país, y por las características de grano (predominante largo fino y con calidad norteamericana).

Las poblaciones PCT-6, PCT-7, y PCT-8 se sembraron en 1996/97 y la PQUI-1 en 1998/99 en el Campo Experimental de Villaguay, Provincia de Entre Ríos. Las siembras se realizaron en surcos de 10.0 m de longitud separados a 0.20 m, con máquina de siembra directa en suelo seco. Una vez las plantas alcanzaron una altura de 0.15 m se inicio el riego manteniendo una lámina de agua de 0.10 m hasta madurez del grano, cuando se retiró el agua. No se aplicaron fertilizantes y los herbicidas e insecticidas se aplicaron en forma conjunta en el resto del campo experimental.

Se realizó una sola siembra para que los cruzamientos naturales entre plantas fértiles con androestériles, sólo fuera posible con aquellas que florecían dentro del ciclo de cultivo de la región y dentro de cada población. Si bien esto podría haber reducido la variabilidad genética, permitió que las poblaciones recombinadas al cosecharse sobre las plantas androestériles se ajustaran más al ciclo requerido en el país. Como este fue el primer contacto con las poblaciones se decidió efectuar evaluaciones visuales para caracterizar las mismas. Las informaciones tomadas fueron vigor, ciclo, tipo de planta y de grano, altura de planta, tolerancia a hierro y reacción a enfermedades (Cuadro 3).

Cuadro 3. Características evaluadas en las poblaciones PCT-6, PCT-7, y PCT-8 en 1996/97 y en la PQUI-1 en 1998/99.

Característica	PCT-6	PCT-7	PCT-8	PQUI-1
Vigor	5	5 - 7	7	5
Ciclo	Intermedio a tardío	Intermedio a tardío	Precoz a intermedio	Precoz
Altura de planta	Normal	Alta	Semienana a normal	Normal
Tipo de planta[1]	Abierto	Abierto	Semiabierto a cerrado	Semiabierto a cerrado
Tipo de grano	Largo fino	Largo fino	Largo fino	Largo fino-medio
Tolerancia a hierro	Buena	Regular	Buena	Buena
Sanidad	Sana	Sana	Sana	Sana

1. Abierto: aquella cuyas macollas formaron un ángulo superior a 70° respecto de la vertical; Semi-abierto: cuando el ángulo fue entre 45 y 70°; y Cerrado: aquellas con ángulos menores a 45°.

Para determinar el vigor de los materiales se realizó la evaluación de acuerdo con la escala de 1 a 9 (IRRI, 1988), donde el grado 1 indica muy bueno de nacimiento y el 9 muy bajo. El comportamiento de las poblaciones fue razonable, excepto el de PCT-8 que estuvo muy cerca del extremo bajo (grado 7).

Respecto al ciclo se realizó una observación general de las poblaciones y se clasificaron en tres tipos: precoces (menos de 85 días a floración), intermedias (entre 85 y 95) y tardías (más de 100 días). Cabe mencionar que la población introducida de Chile se comportó como muy precoz bajo nuestras condiciones.

Por otro lado, PCT-6 y PCT-7 fueron más tardías lo cual, hasta cierto punto, hace inviable su utilización en proyectos de mejoramiento para el país.

La población PCT-8 fue la que presentó mayor proporción de plantas semienanas (menores que 1.0 m) y normales (entre 1.0 m y 1.2 m), mientras que la PCT-7 presentó plantas altas en su mayoría. Este es otro aspecto que limita la utilización de esa población.

Para el tipo de planta las poblaciones se dividieron en dos grupos, uno de poco interés para continuar la investigación pues presentaba plantas abiertas (PCT-6 y PCT-7) y otro de mayor potencial con plantas semiabiertas y cerradas (PCT-8 y PQUI-1).

El tipo de grano es una característica importante para los programas nacionales de mejoramiento por lo que se analizó en las cuatro poblaciones. La clasificación utilizada fue largo fino, largo ancho, medio y corto. En todas las poblaciones se observaron los

cuatro tipos con una gran proporción de grano largo fino, excepto la PQUI-1 que presentó muchos granos medianos lo cual podría limitar su utilización en el proyecto (Cuadro 3).

Como la tolerancia a toxicidad de hierro es una condición deseable en el germoplasma que maneja el mejorador, también se hicieron evaluaciones de campo sobre las poblaciones.

Se evaluó la presencia o no de anaranjamiento (toxicidad indirecta) en las hojas debido a la precipitación del hierro en exceso sobre las raíces de la planta. En general, las cuatro poblaciones se comportaron bien aunque la PCT-7 mostró algunas plantas con síntomas de toxicidad (Cuadro 3).

No se pudo observar presencia de enfermedades en ninguna de las poblaciones. Las observaciones se efectuaron al momento de la cosecha de las mejores plantas S_0 fértiles. Con los datos obtenidos en estas primeras observaciones se consideró la población PCT-8 como la mejor adaptada a las condiciones de Argentina.

Como las características observadas en esta población no contemplaron todos los objetivos del programa de mejoramiento, se decidió utilizar ésta como germoplasma base y fuente de androesterilidad para la introducción de nueva variabilidad e iniciar un proceso de mejoramiento poblacional a través de la selección recurrente.

Creación de Nuevas Poblaciones

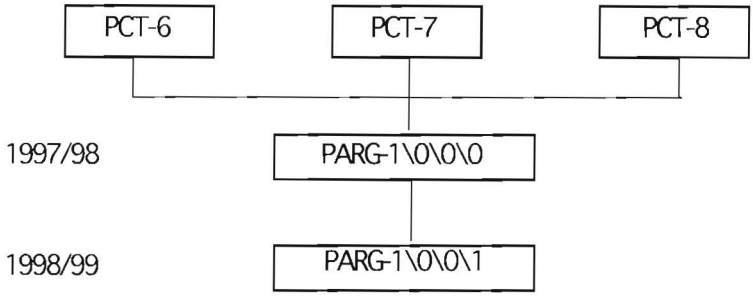
Se seleccionó la PCT-8 por presentar ciclo a floración más corto, plantas de menor altura y más cerradas y buen tipo de grano. Para no eliminar la PCT-6 y la PCT-7 se decidió crear dos nuevas poblaciones, una de base 'estrecha' y otra de base amplia, y mantenerlas para extracción de plantas S_0 fértiles y para el desarrollo de líneas fijas. Por esta razón, durante la cosecha 1998/99 se seleccionaron 30 y 15 plantas de esas dos poblaciones, respectivamente.

Población de base genética 'estrecha'

Con las dos poblaciones que no presentaron tan buena adaptación como la PCT-8, se decidió crear la población de base genética 'estrecha'. Ello se logró a través de la mezcla de semillas de las plantas androestériles cosechadas dentro de las mejores líneas fértiles derivadas de plantas S_0 fértiles —seleccionadas en Villaguay durante 1997/98 (5 y 3 líneas de la PCT-6 y PCT-7, respectivamente)— con las 15 mejores líneas de la PCT-8 en proporciones iguales de cada una. La población resultante se denominó PARG-1\0\0\0.

Durante 1998/99 se cosecharon las plantas androestériles para obtener el primer ciclo de recombinación que se identificó como PARG-1\0\0\1 (Figura 1).

Figura 1. Creación y recombinación de la población PARG-1 de base genética 'estrecha'.



Población de base genética amplia

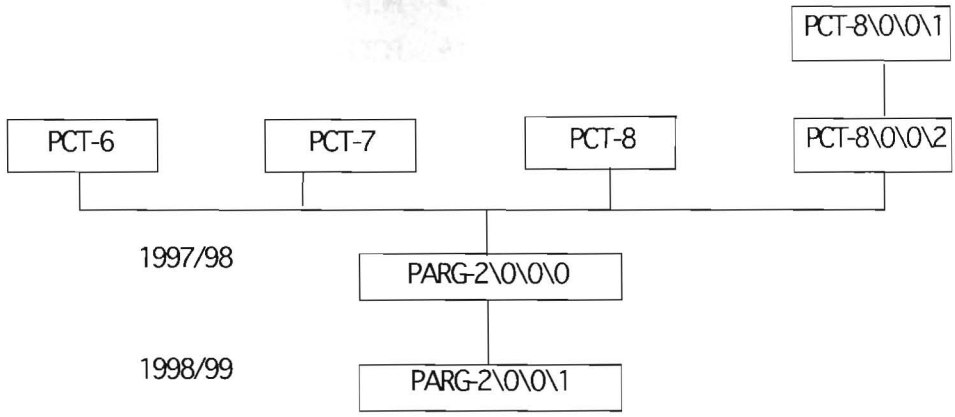
Las semillas de las 80 plantas androestériles seleccionadas de las mejores descendencias de las plantas S_0 fértiles de las tres poblaciones originales (25 de la PCT-6, 18 de la PCT-7, y 37 de la PCT-8), se mezclaron en iguales proporciones con las del segundo ciclo de recombinación de la población PCT-8, identificada como PCT-8\0\0\2. La mezcla se preparó con igual cantidad de semillas de los dos grupos (PCT-6, PCT-7, y PCT-8 con PCT-8\0\0\2), y la nueva población se identificó como PARG-2\0\0\0. Durante 1998/99 se sembró la mezcla y se cosecharon plantas androestériles para obtener el primer ciclo de recombinación de la población PARG-2 identificada como PARG-2\0\0\1 (Figura 2).

Introducción de variabilidad en la PCT-8

Para aprovechar la buena adaptación y la base genética de la PCT-8, de acuerdo con Borrero *et al.* (1997) se decidió introducir nueva variabilidad a la misma, mediante cruzamientos manuales y dirigidos con variedades con las características prioritarias de los programas de mejoramiento del país. Para ello se escogieron por su alta calidad de grano tipo norteamericano los progenitores Katty, Cypress y Don Juan INTA; y por su rendimiento de granos, ciclo a floración y características de planta R. P. 2, Embrapa 7-Taim e IRGA 417 (Cuadro 4).

Los cruzamientos manuales entre cada variedad fuente de nueva variabilidad y las plantas androestériles de la población PCT-8\0\0\2 se realizaron en el CIAT en 1998, para lo cual se sembró la población en dos fechas de siembra espaciadas unos 15 días. Luego se sembraron los progenitores en tres fechas diferentes (15 días antes de la primera siembra de la población, al momento de la primera siembra de ésta y 15 días después), para que coincidieran las plantas macho con las androestériles de la población. Se realizaron los cruzamientos y una vez identificadas las plantas androestérelis, se tomaron varias panículas por planta androestéril; se

Figura 2. Creación y recombinación de la población PARG-2 de base genética amplia.



Cuadro 4. Origen, progenitores y características de las variedades cruzadas con la población PCT-8 para la creación de la población PARG-3\0\0\0.

Variedad	Origen	Progenitor	Característica
Katy	USA	Bonnet73/CI9722//Starbonnet/ Tetep/3/Lebonnet	Tolerancia a piricularia Calidad de grano
Cypress	USA	L-202/Lemont	Calidad de grano
Don Juan INTA	Argentina	Arroyo Grande/Lemont	Calidad de grano
R. P. 2	Argentina	Línea IR665 (IR8//Peta/ Belle Patna)	Rendimiento de granos
Embrapa 7-Taim	Brasil	Desconocido	Rendimiento de granos
IRGA 417	Brasil	New Rex/IR 19743-25-2-2 //BR-IRGA 409	Ciclo corto, calidad de grano

realizó el corte de las florecillas (sin emascular para realizar de una sola vez el cruce y no tener que esperar a que estuvieran abriendo las florecillas); y se taparon las panículas de acuerdo con el método de Sarkarung (1991).

Las semillas F_1 cosechadas en las plantas androestériles con las cuales se realizaron los cruces, se sembraron en forma individual por surco, por cruce (transplante) para evaluar el cruce (entre progenitores y población), buscando aquellos sin problemas de compatibilidad, ciclo, tipo de grano, mezcla, etc. A la cosecha (semillas F_2) se tomaron las plantas de cada surco y se mezclaron de manera homogénea por cruce. También se mezcló en igual proporción (por peso de semilla) entre cruces para formar la población básica PARG-3\0\0\0.

Las semillas de la población básica PARG-3\0\0\0 se sembraron para su primera recombinación en el CIAT, y más adelante se enviarán a Argentina donde se van a sembrar durante 1999/2000 para la segunda recombinación.

Obtención de Líneas y Recombinación

Para aprovechar la siembra y la evaluación de las poblaciones se decidió realizar un ciclo de selección y recombinación en todos esos materiales, a través de la cosecha de las plantas androestériles de ciclo corto. Como PQUI-1 sufrió ataque de pájaros por su precocidad, se cosecharon semillas sobre plantas androestériles y fértiles para recuperarla y volver a sembrarla en la cosecha 1999/2000.

Durante las cosechas de 1996/97 y 1997/98 con la mezcla de la semilla de las plantas androestériles en cada población, se obtuvieron poblaciones con uno y dos ciclos de recombinación, respectivamente:

- PCT-6\0\0\1
- PCT-6\0\0\2
- PCT-7\0\0\1
- PCT-7\0\0\2
- PCT-8\0\0\1
- PCT-8\0\0\2

Los ciclos de recombinación de las poblaciones PCT-6 y PCT-7 se guardaron solamente para crear la población de base 'estrecha' PARG-1 y la de base amplia PARG-2 con el propósito único de obtener líneas fijas. Para la población PCT-8 se realizó un tercer ciclo de recombinación con el cual se obtuvo PCT-8\0\0\3, en Villaguay, durante 1998/99.

Así mismo, para aprovechar la segregación y la variabilidad presente en las poblaciones se escogieron plantas S_0 fértiles e iniciar el desarrollo de líneas fijas para el proyecto de producción de variedades. En el Cuadro 5 se observa el seguimiento que se ha dado a esos materiales desde 1996/97. En general, las líneas derivadas de éstas S_0 presentan tipo de planta más cerrado, panícula larga (más de 30 cm), y tipo de grano largo fino, tolerancia a hierro y poca susceptibilidad a enfermedades del tallo.

Cuadro 5. Número de plantas y líneas seleccionadas de 1996/97 a 1998/99 en las poblaciones PCT-6, PCT-7, y PCT-8, en Villaguay, Entre Ríos.

Población	Plantas S_0 fértiles (#)	Líneas S_1 derivadas (#)		Líneas S_2 derivadas (#)	
		Familias	Plantas	Familias	Plantas
PCT-6	11	7	58	18	30
PCT-7	6	4	30	9	10
PCT-8	20	15	77	40	64

Planes Futuros

El plan de trabajo en mejoramiento poblacional a través de la selección recurrente se basa en la evaluación y selección de plantas de la población PARG-3\0\0\1. En una muestra de alrededor de 100 plantas de ese germoplasma se van a evaluar en 1999/2000 las características tipo de planta, ciclo, tipo y calidad de grano y longitud de panícula.

La secuencia del trabajo es la siguiente:

- 2001/2002: Selección fenotípica de plantas (S_0) conservando la semilla original de las poblaciones PARG-3\0\0\1 y PCT-8\0\0\3.
- 2002/2003: Avance de generación, multiplicación de semilla (S_1) y primera evaluación mediante la utilización del modelo estadístico de bloques aumentados de Federer con testigos locales (Zimmermann, 1997).
- 2003/2004: Evaluación de familias (S_2).
- 2004/2005: Primera recombinación de progenies superiores.

Dada la imposibilidad climática de realizar dos generaciones al año, el proyecto requiere cuatro años para completar cada ciclo de recurrencia. Podría recurrirse al CIAT para adelantar la generación $S_{0:1}$, hacer la recombinación y de esa manera reducir el cronograma a la mitad. Así se podría evitar que los cálculos de las ganancias genéticas tengan que dividirse por cuatro y que disminuyan los progresos de la selección por año, lo cual es una desventaja con respecto a otros países de la región que sí pueden realizar dos ciclos de cultivo por año.

Además durante la cosecha 1999/2000 se inicia la caracterización y evaluación de la población PQUI-1 en Villaguay y en la Cuenca Deprimida del Salado. De acuerdo con los resultados obtenidos se evaluará la posibilidad de introducir nuevos progenitores, o realizar otros ciclos de recombinación y posterior evaluación de la generación S_0.

Referencias

Begenisic, F. 1998. Panorama Agrícola, Especial de Arroz. Secretaría de Agricultura Ganadería, Pesca y Alimentación de Argentina. Argentina. p. 1-48.

Borrero, J.; Ospina, Y.; Guimarães, E. P.; y Chatel, M. 1997. Ampliación de la base genética de los acervos de arroz, mediante la introducción de variabilidad. En: Guimarães, E. P. (ed.). Selección recurrente en arroz. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. p.55-66.

CIAT (Centro Internacional de Agricultura Tropical). 1997. Cifras del arroz en América Latina y el Caribe. Foro Arrocero Latinoamericano. Vol. 3 No. 1.

Cuevas-Pérez, F. E.; Guimarães, E. P.; Berrio, L. E.; y Gonzales, D. I. 1992. Genetic base of irrigated rice in Latin America and the Caribbean, 1971 to 1989. Crop Sci. 32:1054-1059.

Geraldi, I. O. 1997. Selección recurrente en el mejoramiento de plantas. En: Guimarães, E. P. (ed.). Selección recurrente en arroz. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. p. 3-11.

González, D. I.; Berrío, L. E.; Manosalva, N.; y Cuevas-Pérez, F. E. 1991. Origen de las variedades de arroz en Colombia, 1971-1989. Arroz 42(372):9-16.

IRRI (International Rice Research Institute). 1988. Standard evaluation system for rice. 3a. ed. Los Baños, Philippines. 54 p.

Sarkarung, S. 1991. A simplified crossing method for rice breeding: A manual. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. 32 p.

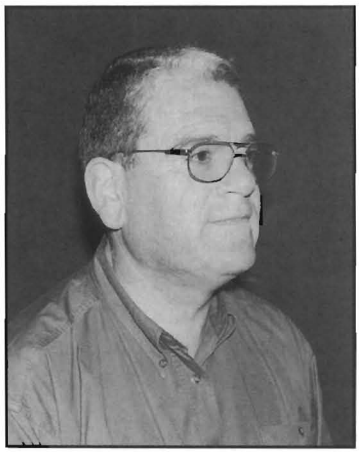
UNPL (Universidad Nacional de La Plata). 1970. Descripción y registro de la nueva variedad de arroz denominada Itapé F. A. 17 p.

UNPL (Universidad Nacional de La Plata). 1978. Descripción y registro de la nueva variedad de arroz denominada Yeruá P. A. 17 p.

Zimermann, F. J. P. 1997. Estadística aplicada a la selección recurrente. En: Guimarães, E. P. (ed.). Selección recurrente en arroz. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. p. 67-75.

Capítulo 12

Desarrollo de Poblaciones *Japónica* de Arroz para Chile[1]



Santiago I. Hernaiz-L

Santiago I. Hernaiz-L.[2]
José Roberto Alvarado-A.[2]
Marc Chatel[3]
Jaime Borrero[4]

[2]Investigadores del Programa de Arroz del Instituto de Investigaciones Agropecuarias (INIA), Centro Experimental Quilamapú, Casilla Postal 426, Chillán Chile; Correo electrónico: shernaiz@quilamapu.inia.cl; [3]Investigador del Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement-Département des cultures annuelles (CIRAD-CA), en el Proyecto Arroz del CIAT, Apdo. Aéreo 6713, Cali, Colombia; [4]Asistente de Investigación del Proyecto Arroz del CIAT

Contenido

Resumen
Abstract
Introducción
Desarrollo de Poblaciones
    Formación de la PQUI-1
    Obtención de PQUI-1\CH\0\1 y PQUI-1\CO\0\1
Selección de Plantas Fértiles
Ciclos de Recombinación
Mejoramiento de PQUI-1\CH\0\1 y PQUI-1\CO\0\1
Desarrollo de Líneas Fijas por Cultivo de Anteras
Resultados y Discusión
Referencias

1. Parte de este trabajo recibió apoyo financiero del Apoyo a Cultura, Educación y Promoción Social (Vitae). Programa de Cooperação Científico-Acadêmico Argentina, Brasil e Chile.

Resumen

El acervo genético GPIRAT-10 integrado por variedades y líneas de tipo *japónica* con tolerancia al frío y originarias de Francia, Italia, Estados Unidos y Chile, se cruzó con materiales desarrollados en el Programa de Mejoramiento Genético de Arroz (PMGA) del Instituto de Investigaciones Agropecuarias (INIA), Chile. Como resultado se obtuvo la nueva población PQUI-1 constituida por GPIRAT-10 (50%), Brillante-INIA (16.22%), Buli-INIA (13.3%), Diamante-INIA (10.3%), CINIA 606 (5.09%) y CINIA 609 (5.09%). PQUI-1 se caracteriza por su precocidad y tolerancia al frío. La nueva población se sembró en dos ecosistemas (Colchagua 34°38' LS y 71°24' LO, y Chillán 36°34' LS y 72°02' LO) donde se seleccionaron plantas androestériles con base en la adaptación al medio ambiente y a características agronómicas importantes para el PMGA de Chile. Como resultado se obtuvieron dos nuevas poblaciones: PQUI-1\CO\0\1 y PQUI-1\CH\0\1. Además se seleccionaron plantas S_0 fértiles para desarrollo de líneas fijas. Estas poblaciones se han sometido a dos ciclos de recombinación y se iniciará un trabajo de mejoramiento de poblaciones a través de la selección recurrente, buscando producir materiales con tolerancia al frío y con la calidad de grano exigida por el mercado nacional.

Japónica Rice Development Population for Chile

Abstract

Sterile plants of the rice gene pool GPIRAT-10, comprising cold-tolerant *japónica* varieties and lines originally developed in France, Italy, USA, and Chile, were manually crossed with genotypes developed by the Rice Breeding Program of the Instituto de Investigaciones Agropecuarias (INIA), Chile. Population PQUI-1 was developed from GPIRAT-10 (50%), Brillante-INIA (16.22%), Buli-INIA (13.3%), Diamante-INIA (10.3%), CINIA 606 (5.09%), and CINIA 609 (5.09%). Population PQUI-1, characteristically early maturing and cold tolerant, was planted in two ecosystems (Colchagua, 34°38' S and 71°24' W; and Chillán 36°34' S and 72°02' W). Male-sterile plants were selected on the basis of climatic adaptation and other agronomic traits of interest to the Rice Program. As a result, two new populations were developed: PQUI-1\CO\0\1 and PQUI-1\CH\0\1. Fertile S_0 plants were also selected for developing fixed lines. These populations were subjected to two recombination cycles, and population improvement by recurrent selection was initiated to develop cold-tolerant germplasm with the grain quality required by the domestic market.

Introducción

Las variedades generadas a través de la utilización de los métodos convencionales de mejoramiento de plantas han permitido el actual desarrollo del cultivo del arroz en Chile, y grandes avances en los niveles de productividad, en el mejoramiento de las características agronómicas y en la calidad culinaria e industrial de los granos. A pesar de esto no ha sido posible superar las nuevas necesidades de productividad de los próximos años y es imprescindible buscar nuevas metodologías que permitan alcanzar los niveles de producción requeridos.

En años recientes en otros países se ha intentado utilizar métodos de mejoramiento de plantas alógamas, tales como los híbridos, con el auxilio de la androesterilidad genético-citoplasmática (Virmani *et al.*, 1998), el mejoramiento de poblaciones a través de la selección recurrente (Guimarães, 1997) y de herramientas biotecnológicas (Khush y Toenniessen, 1991). Esas nuevas alternativas para el desarrollo de variedades de arroz abren otras posibilidades al mejoramiento genético de este cereal.

De las tres posibilidades anotadas, el mejoramiento de poblaciones parece ser una nueva respuesta a las inquietudes que existen entre los especialistas chilenos respecto a las urgentes necesidades de aumentar la productividad del cultivo y obtener variedades adaptadas a las condiciones del país. Esta metodología es una herramienta que contribuye a mediano plazo a la obtención de nuevas variedades de arroz en Chile por los siguientes factores:

- Implica trabajar con muchos progenitores sin tener que hacer una gran cantidad de cruzamientos manuales.
- Aumenta la variabilidad genética.
- Los ciclos de selección y recombinación permiten concentrar muchos genes favorables.

El uso de la selección recurrente en arroz ha sido posible gracias al descubrimiento de Singh e Ikehashi (1981) de un gen recesivo en un mutante de la variedad IR36 que produce androesterilidad. El método consiste en un proceso sistemático de evaluación y selección de individuos dentro de una población genéticamente heterogénea, y en la recombinación de un grupo selecto de individuos que cumplen con los objetivos de un programa de mejoramiento. Cuando los progenitores escogidos para componer la población base son distintos desde el punto de vista genético, el proceso cíclico permite explorar una amplia variabilidad genética concentrada en un solo germoplasma. Con esta metodología se incrementa de forma progresiva el valor genético de una o varias características agronómicas que están bajo selección, y se posibilita la obtención de líneas con una base genética más amplia que la que tienen las líneas con las cuales trabajan en la actualidad los programas de mejoramiento genético de arroz (Chatel *et al.*, 1997).

Con base en las consideraciones anteriores, los investigadores del Programa de Mejoramiento Genético de Arroz (PMGA) del Instituto de Investigaciones Agropecuarias (INIA) en Chile, decidieron usar el mejoramiento de poblaciones como método para aumentar el potencial de rendimiento de granos y así, a mediano plazo, lograr desarrollar variedades que posean los siguientes atributos:

- Tolerancia al frío.
- Elevado potencial de rendimiento de granos.
- Buena calidad industrial y culinaria de grano.
- Ciclo corto (materiales precoces).
- Tolerancia a enfermedades que causan pudriciones.

En Chile se inició el uso de la selección recurrente en 1994 con la introducción del acervo genético IRAT Med A/0/1, creado por el Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement (CIRAD), Francia, que se sembró en el Campo Experimental Quilamapu y en la localidad de Colchagua. No se pudo utilizar en forma directa por razones de fechas de siembra tardía ya que la floración se produjo muy tarde, coincidiendo con la época en que el frío tiene un marcado efecto en los materiales. Además las plantas presentaron un ciclo muy largo (Alvarado, 1997).

En 1996, el Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Colombia, entregó de nuevo al PMGA el mismo acervo genético pero con el nombre de GPIRAT-10 (tras su registro en el Catálogo de Germoplasma para Mejoramiento de Poblaciones) (Chatel y Guimarães, 1998), que fue la base para el desarrollo de los trabajos de mejoramiento de poblaciones del INIA.

El objetivo de este capítulo es presentar los avances logrados en la creación y mejoramiento de poblaciones en arroz adaptadas a las condiciones de Chile, utilizando el método de selección recurrente. La discusión se centrará en los resultados de la introgresión de nueva variabilidad en el acervo genético, y se darán a conocer los resultados obtenidos con las evaluaciones de las líneas extraídas de las poblaciones base y los planes para las etapas de mejoramiento de tales poblaciones.

Desarrollo de Poblaciones

Formación de la PQUI-1

El CIAT entregó al PMGA del INIA el acervo genético registrado como GPIRAT-10, antes IRAT Med A, constituido por seis líneas y 32 variedades provenientes de Francia, Italia, Estado Unidos y Chile (Chatel y Guimarães, 1998) obtenido por cruzamientos manuales a partir del acervo genético CNA-IRAT 5. La principal característica de este acervo es que está integrado por variedades y líneas de tipo *japónica* con tolerancia al frío que es el principal problema del cultivo del arroz en el país.

En el ciclo 1996/97 se sembraron 50 g de semillas del acervo genético GPIRAT-10 en el campo experimental de arroz del Centro Regional de Investigación Quilamapu (INIA, Chile), ubicado en Chillán (36°34' LS y 72°02' LO). Las plantas androestériles se identificaron en el momento de la floración, para cruzarlas con variedades y líneas chilenas escogidas para ampliar la base genética del germoplasma y contribuir a una mayor adaptación del acervo a las condiciones chilenas. Con ese propósito se utilizaron las variedades Diamante-INIA, Buli-INIA, Brillante-INIA y las líneas CINIA 606 y CINIA 609.

En el Cuadro 1 se presentan los progenitores de las variedades y líneas introducidas al acervo genético y los porcentajes de participación de cada material. Se observa que la variedad chilena Diamante-INIA es la que más aporta al nuevo acervo genético ya que forma parte de la genealogía de todos los materiales introducidos. Le siguen las variedades Lemont (USA) y Oryzella (italiana). De manera general se puede decir que los materiales introducidos, además de aportar genes para las características de adaptación a las condiciones de Chile, contribuyen con un nuevo grupo de genes aunque ya existiera parte en el acervo genético utilizado como fuente de variabilidad.

Para mostrar el potencial de la nueva población, en el Cuadro 2 se presentan algunas características agronómicas de las variedades y líneas introducidas en el GPIRAT-10. La variabilidad de esos progenitores permitirá ampliar la base genética de la nueva población introduciendo características muy importantes.

Cuadro 1. Porcentaje de participación de los progenitores de las variedades y líneas introducidas al acervo genético GPIRAT-10.

	Variedades/líneas introducidas (%)				
Progenitor	Diamante-INIA	Buli-INIA	CINIA 606	CINIA 609	Brillante-INIA
Agostano	0.125				
P6[1]	0.125				
Blue Rose	0.250				
RB[1]	0.375				
Balilla	0.125				
Lemont		0.250	0.1250	0.1250	
Cesariot		0.125	0.0625		
Oro		0.125	0.0625	0.1875	
Diamante-INIA		0.500	0.2500	0.4375	0.50
Oryzella			0.5000		
Estrella				0.2500	
Bozu					0.25
RR[1]					0.25

1. Denominación de los materiales cuando se introdujeron originalmente al proyecto.

Cuadro 2. Características de las variedades y líneas incorporadas al acervo genético GPIRAT-10.

Característica	Variedades/líneas introducidas				
	Diamante-INIA	Buli-INIA	CINIA 606	CINIA 609	Brillante-INIA
Altura (cm)	89 - 110	82 - 97	78-96	79-98	74-95
Ciclo	Semitardío	Semitardío	Semitardío	Semitardío	Semitardío
Largo del grano (mm)	7.1	7.4	6.8	7.4	7.3
Relación L/A[1]	2.8	3.3	2.8	3.2	2.8
Centro blanco	Bajo	Bajo	Bajo	Bajo	Bajo
Peso de 1000 granos	33	28	31.6	26.8-	33
Desgrane[2]	MR	MR	MR	MR	MR
Acame[2]	MR	MR	MR	MR	MR
Temperatura de gelatinización[3]	B	B	I	I	B
Rendimiento industrial	Bueno	Regular	Bueno	Bueno	Bueno

1. Relación L/A: Relación Largo/Ancho del grano.
2. R: Resistente, MR: Moderadamente resistente, MS: Moderadamente susceptible.
3. B: Baja; I: Intermedia.

El acervo genético y los genotipos chilenos se sembraron en almácigo en condiciones de invernadero en tres fechas (septiembre 3 y 23 y octubre 13) y se transplantaron 30 días después de la germinación. Las tres siembras se realizaron para lograr la coincidencia en la floración entre el material chileno y el acervo genético, y posibilitar combinaciones entre materiales de ciclos diferentes.

En el período agrícola 1996/97 se marcaron plantas androestériles del acervo genético y luego se realizaron cruzamientos manuales dirigidos con variedades y líneas chilenas, según la metodología propuesta por Sarkarung (1991). Esta consiste en cosechar macollas antes de la excersión de la panícula y trasladarlas a condiciones de invernadero donde se realiza la polinización manual. En el Cuadro 3 se incluyen los progenitores y su participación relativa en la nueva población.

En el primer semestre de 1997 las semillas F_1 (Msms) se enviaron al CIAT para una etapa de autofecundación. En esa oportunidad se cosecharon semillas F_2 que se mezclaron en igual cantidad y se enviaron a Chile para continuar con el proceso de formación de la nueva población. En la primavera 1997/98 las semillas F_2 (MsMs, Msms y msms) se sembraron para su primera recombinación en el Campo Experimental Quilamapu, ubicado en Chillán, y en la localidad de Colchagua. La cosecha de las

Cuadro 3. Participación de las variedades y líneas utilizadas como progenitores en la composición de la población PQUI-1\0\0\0.

Progenitor	Participación (%)
Brillante-INIA	16.22
Buli-INIA	13.30
Diamante-INIA	10.30
CINIA 606	5.09
CINIA 609	5.09
GPIRAT-10 (Población base portadora del gen **ms**)	50.00

plantas androestériles y su mezcla en iguales proporciones permitió obtener la nueva población que se denominó PQUI-1\0\0\0.

Obtención de PQUI-1\CH\0\1 y PQUI-1\CO\0\1

Durante la primera recombinación de la población PQUI-1\0\0\0 sembrada en Chillán y Colchagua, ecosistemas ubicados en el sur y en el extremo norte de la zona arrocera, se marcaron, seleccionaron y cosecharon respectivamente 535 y 245 plantas androestériles de dicha población.

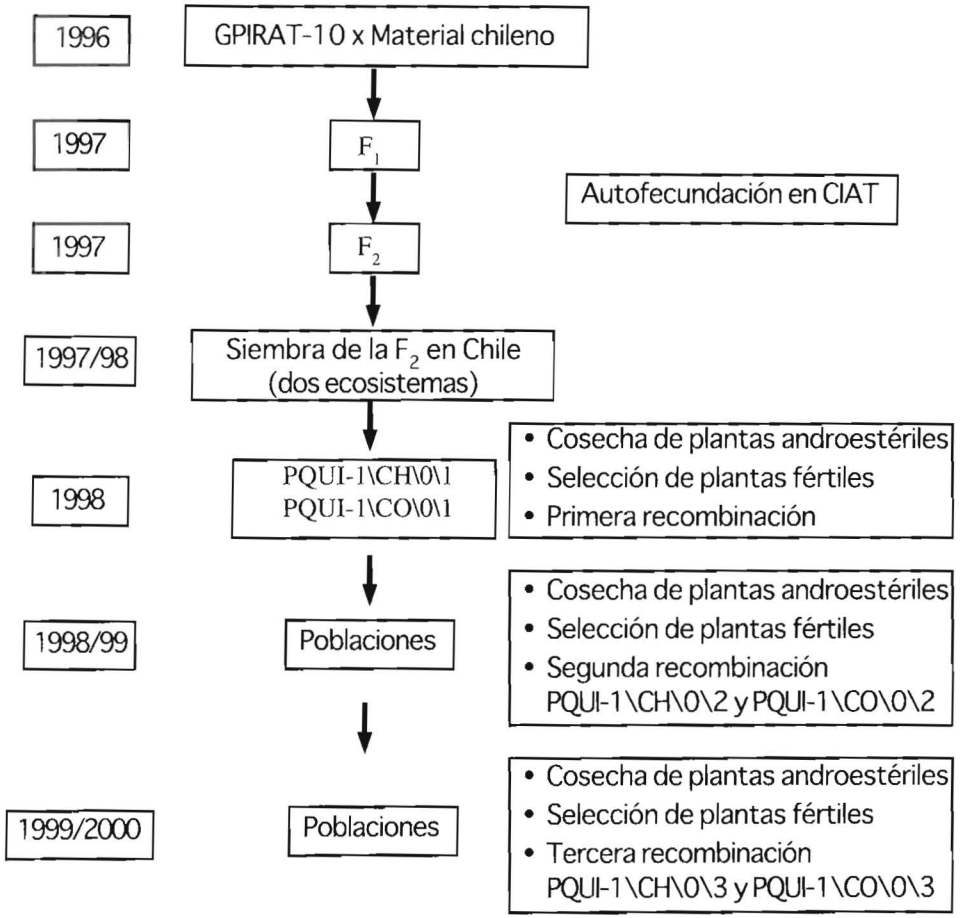
Debido a la notable diferencia que existe entre los dos ecosistemas y a las características de las plantas obtenidas en cada uno de ellos, se decidió crear dos poblaciones diferentes representativas. Teniendo en cuenta la localidad y la nomenclatura internacional descrita por Chatel y Guimarães (1995) las poblaciones se denominaron así: PQUI-1\CO\0\1, la del ecosistema de Colchagua, y PQUI-1\CH\0\1, la de Chillán. En la Figura 1 se describen los pasos que se dieron en la obtención de las dos poblaciones.

Selección de Plantas Fértiles

Para aprovechar la variabilidad genética disponible con la siembra de la PQUI-1\0\0\0 se procedió a seleccionar 114 y 180 plantas S_0 fértiles en las localidades de Chillán y Colchagua, respectivamente. Se seleccionaron aquellas que presentaron las características agronómicas y de grano de acuerdo con los objetivos del PMGA. Para dar continuidad al proceso de desarrollo de líneas fijas en 1997/98 esos materiales se incluyeron en un jardín de líneas segregantes sembrado en Chillán.

En el año agrícola 1998/99 la población PQUI-1\CH\0\1 se sembró en Chillán y la PQUI-1\CO\0\1 en Linares (ubicada al norte de Chillán y sur de Colchagua). Para constituir el jardín del ciclo 1999/2000 se seleccionaron en Chillán 295 plantas S_0 fértiles y en Linares 151. Es válido anotar que esos materiales aún se encuentran segregando para el gen de androesterilidad que se eliminará con el avance del proceso de fijación. La caracterización de las líneas S_1 escogidas en esas dos poblaciones se presenta en el Cuadro 4.

Figura 1. Flujo de material en la formación de las poblaciones PQUI-1\CH\0\3 y PQUI\CO\0\3.



Ciclos de Recombinación

Se han hecho dos recombinaciones a cada población mediante la cosecha de plantas androestériles en 1997/98 y 1998/99. En el ciclo 1999/2000 se realizará otra para completar los tres ciclos de recombinación. Las dos poblaciones serán los germoplasmas básicos para el inicio de la etapa de mejoramiento de poblaciones que utilizará el PMGA del INIA, a través de la selección recurrente.

Mejoramiento de PQUI-1\CH\0\1 y PQUI-1\CO\0\1

Paralelo a lo anterior se inició un proceso de mejoramiento en las dos poblaciones utilizando la selección recurrente masal, a través de la selección de plantas S_0 fértiles que coincidían con los objetivos del programa. La selección dio como resultado un grupo de 280 plantas S_0 seleccionadas en la población PQUI-1\CH\0\1 y de 240 en la PQUI-1\CO\0\1.

Cuadro 4. Caracterización de las líneas seleccionadas en las poblaciones PQUI-1\CH\0\1 y PQUI-1\CO\0\1 en el ciclo 1998/99.

Característica	Jardín de líneas					
	PQUI-1\CH\0\1			PQUI-1\CO\0\1		
Altura de plantas (cm)	50-70	71-90	91-120	50-70	71-90	91-120
%	13.2	65.8	21.1	15.0	63.3	21.7
Excersión de panículas[1]	3-4	5-6	7-8	3-4	5-6	7-8
%	26.3	43.9	29.8	20.6	44.4	34.4
Granos por panícula (No.)	60-120	121-181	182-242	60-120	121-181	182-242
%	62.2	34.4	3.3	54.4	43.0	2.6
Granos manchados (%)	<15	16-31	>32	<15	16-31	>32
%	78.3	18.9	2.8	80.7	15.8	3.5
Tipo de panícula	Compacta	Media	Laxa	Compacta	Media	Laxa
%	19.3	62.3	18.4	22.2	61.1	16.7
Tipo de hoja	Erecta	Media	Caída	Erecta	Media	Caída
%	36.0	52.6	11.4	36.1	51.1	12.8
Largo de la panícula (cm)	10-15	16-21	22-27	10-15	16-21	22-27
%	5.6	85.6	8.9	1.8	78.1	20.2
Ancho del grano paddy (mm)	2.4-2.7	2.8-3.1	3.2-3.5	2.4-2.7	2.8-3.1	3.2-3.5
%	36.7	56.1	7.2	13.2	67.5	19.3
Peso 1000 granos (g)	10-20	21-30	31-40	10-20	21-30	31-40
%	3.3	76.1	20.6	1.8	74.6	23.7
Esterilidad (%)	0-15	16-31	>32	0-15	16-31	>32
%	15.0	48.3	36.6	35.1	43.9	31.1
Largo/ancho paddy (mm)	2.5-3.2	3.3-4.0	4.1-4.8	2.5-3.2	3.3-4.0	4.1-4.8
%	31.7	62.2	6.1	55.3	43.9	0.9
Largo del grano paddy (mm)	<8.6	8.7-10	>10.1	<8.6	8.7-10	>10.1
%	13.4	60.6	26.1	18.4	67.5	14.0

1. La escala para excersión de panículas es la propuesta por el IRRI (1988) en la cual el grado 1 significa buena excersión y el 9 sin excersión.

En el proceso de mejoramiento poblacional para tolerancia al frío, la semilla destinada a la evaluación se divide en dos partes, una se guarda y la otra se utiliza en la prueba correspondiente.

La metodología de evaluación para la selección de plantas con tolerancia al frío la desarrolló el CIAT y fue empleada por Mejía (1998). Básicamente consiste en probar la tolerancia al frío del germoplasma en cápsulas petri en las cuales se colocan y se hacen germinar 50 semillas a una temperatura de 13°C.

El diseño que se empleará será el de completamente al azar con tres repeticiones. Con este procedimiento se eliminarán todas aquellas plantas que no presenten tolerancia al frío en el período de germinación y plántula. La semilla guardada de las plantas S_0 seleccionadas se mezclará en iguales proporciones y se sembrará para ser

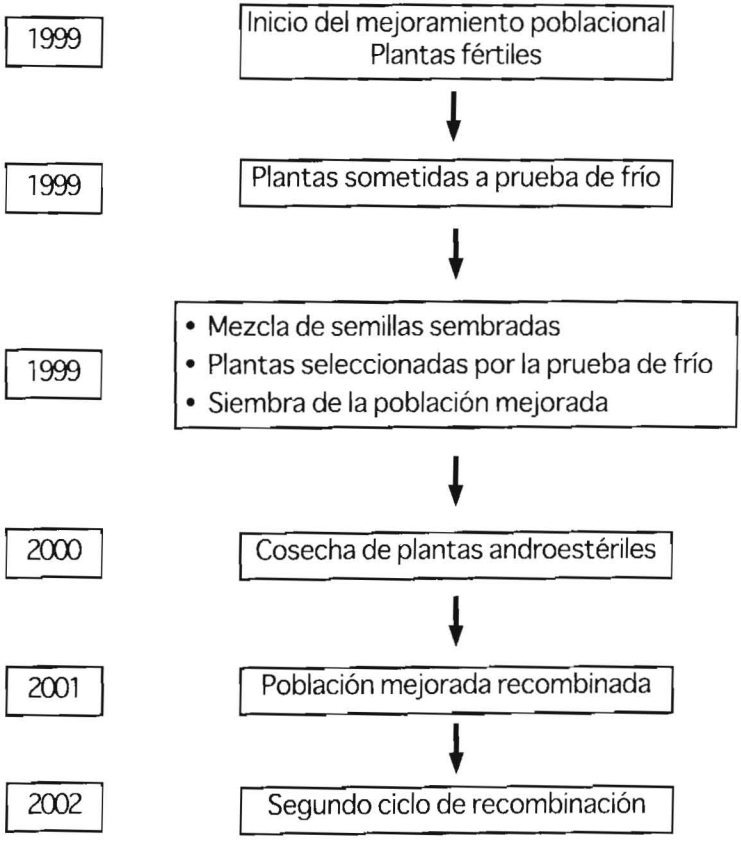
recombinada y producir una nueva población ya mejorada. De la población anterior se cosecharán las plantas androestériles, se mezclarán las semillas en iguales proporciones y se sembrarán para dar origen a la población mejorada con un ciclo de recombinación.

Se espera tener tres ciclos de recombinación y que este trabajo de selección recurrente sea una buena base para obtener líneas tolerantes al frío y con alto rendimiento de granos. La Figura 2 describe los pasos que se siguen en el desarrollo y mejoramiento de estas poblaciones.

Desarrollo de Líneas Fijas por Cultivo de Anteras

Para aprovechar el hecho de que estos germoplasmas son *japónica*, y que por lo tanto responden bien al cultivo de anteras, se está utilizando esa técnica para el desarrollo de líneas fijas. El trabajo se inició en el CIAT donde se seleccionaron plantas S_0 fértiles de las dos poblaciones (PQUI-1\CH\0\1 y PQUI-1\CO\0\1) para el proceso de desarrollo de líneas fijas y cuyas semillas se traerán luego a Chile para su evaluación en el jardín de líneas.

Figura 2. Flujo de material para el mejoramiento de las poblaciones PQUI-1\CH\0\1 y PQUI-1\CO\0\1.



Resultados y Discusión

La formación de una población adaptada a las condiciones chilenas, la extracción de líneas, el uso del cultivo de anteras para dar origen a líneas fijas y el mejoramiento de las poblaciones ha permitido obtener los siguientes resultados:

- Evaluación y selección de plantas androestériles del acervo genético GPIRAT-10.
- Introducción de variabilidad genética en GPIRAT-10 y creación de la población PQUI-1.
- Evaluación y selección de plantas de PQUI-1 en dos localidades y la consecuente creación de dos nuevas poblaciones (PQUI-1\CH\0\1 y PQUI-1\CO\0\1).
- Inicio del desarrollo de líneas fijas a partir de plantas S_0 fértiles seleccionadas en los ciclos de recombinación de las poblaciones.
- Inicio de un proceso de mejoramiento poblacional en dos germoplasmas con base en una selección para tolerancia al frío.
- Creación de una base de conocimientos y un germoplasma para que en un mediano plazo el PMGA de Chile logre los objetivos planteados al principio de este capítulo.

Referencias

Alvarado, J. R. 1997. Mejoramiento de arroz en Chile y utilización de la selección recurrente. En: Guimarães, E. P. (ed.). Selección recurrente en arroz. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. p. 117-123.

Chatel, M. y Guimarães, E. P. 1995. Selección recurrente con androesterilidad en arroz. Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement-Département des cultures annuelles (CIRAD-CA) y Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. 70 p.

Chatel, M.; Guimarães, E. P.; Ospina, Y.; y Borrero, J. 1997. Utilización de acervos genéticos y poblaciones de arroz de secano que segregan para un gen de androesterilidad. En: Guimarães, E. P. (ed.). Selección recurrente en arroz. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. p. 125-138.

Chatel, M. y Guimarães, E. P. 1998. Catalogue registration to manage rice gene pools and populations improvement. Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement-Département des cultures annuelles (CIRAD-CA) y Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. CIRAD/CIAT. Mimeografiado. 62 p.

Guimarães, E. P. 1997. Selección recurrente en arroz. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. 240 p.

IRRI (International Rice Rsearch Institute). 1988. Standard evaluation system for rice. 3a. ed. Los Baños, Philippines. 54 p.

Khush, G. S. y Toenniessen, G. H. 1991. Rice biotechnology. Biotechnology in agriculture No. 6. International Rice Research Institute (IRRI), Los Baños, Philippines. 320 p.

Mejía, M. O. M. 1998. Identificación de metodologias para la evaluación de tolerancia a temperaturas bajas en arroz. Tesis, Ing. Agr. Universidad Nacional de Colombia, Facultad de Ciencias Agropecuarias de Palmira, Palmira, Colombia. 123 p.

Sarkarung, S. 1991. A simplified crossing method for rice breeding: A manual. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. 32 p.

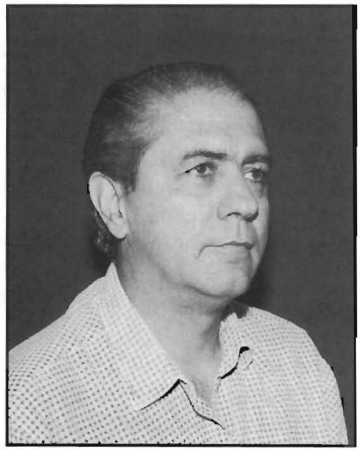
Singh, R. J. e Ikehashi, H. I. 1981. Monogenic male-sterility in rice: Induction, identification and inheritance. Crop Sci. 21:286-289.

Virmani, S. S.; Siddiq, E. A.; y Muralidharan, K. 1998. Advances in hybrid rice technology. Proceedings of the 3rd International Symposium on Hybrid Rice, 14-16, November 1996. Hyderabad, India. International Rice Research Institute (IRRI), Los Baños, Philippines. 443 p.

Experiencias en Manejo de Poblaciones de Arroz en Condiciones de Secano

Capítulo 13

Evaluación y Selección de los Progenitores: Población CG2 de Arroz de Tierras Altas



Orlando P. de Morais

Orlando P. de Morais[1]
Emilio da M. de Castro[1]
Evaldo P. Sant'Ana[1]
Francisco P. de M. Neto[2]

[1]Investigadores de Embrapa Arroz e Feijão de la Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuaria (EMBRAPA), Caixa Postal 179, 75375-000 Santo Antônio de Goiás, Goiás, Brasil;
Correo electrónico:
orlando@cnpaf.embrapa.br;
[2]Técnico de Nivel Superior de Embrapa Arroz e Feijão

Contenido

Resumen
Abstract
Introducción
Metodología para Selección de Progenitores
Selección de Progenitores
Conclusiones
Referencias

Resumen

Se evaluaron 196 familias (progenitores potenciales) de arroz de tierras altas (secano) derivadas básicamente por autofecundación de plantas S_0 o S_1 de ciclo medio, para iniciar un programa de mejoramiento poblacional utilizando la selección recurrente en búsqueda de mayor rendimiento de granos, mejor calidad de grano y resistencia al acame y enfermedades. Esas familias obtenidas a partir de un conjunto genético bajo mejoramiento convencional, se separaron en dos grupos de 100 utilizando cuatro de ellas como elementos comunes. Cada grupo se evaluó en Santo Antonio de Goiás (Goiás) y en Lucas do Río Verde (Mato Grosso) en área de *Cerrado* donde antes se cultivaba soya. Se seleccionaron 59 familias utilizando el índice de selección basado en ganancias deseables. Además se analizó la genealogía de las familias seleccionadas calculando la participación de los ancestrales en la composición genética de las mismas, el grado de relación genética de las familias involucradas en cruces dirigidos y deduciendo el nivel de heterozigocidad de la población S_0 resultante de la recombinación. Se concluyó que: 1) el conjunto de familias utilizadas presentó variabilidad genética para todas las características evaluadas; 2) el rendimiento de granos está negativamente correlacionado con la incidencia de piricularia en el cuello y manchado de grano; 3) al seleccionar para mayor rendimiento y calidad de grano y menor incidencia de manchado de grano se obtiene también respuesta indirecta favorable para menor altura de planta y menor incidencia de piricularia en el cuello y escaldado de la hoja; 4) las 59 familias seleccionadas para formar la población CG2 poseen 94 ancestrales, 10% de los cuales constituyen alrededor de 52% de la base genética de dichas familias; y 5) el cruzamiento dirigido de las familias seleccionadas permite la obtención de alta heterozigocidad y por lo tanto, una condición favorable para amplia recombinación genética en la población CG2.

Upland-Rice Population CG2: Evaluation and Selection of Parents

Abstract

To increase grain yield and quality in rice, and improve resistance to lodging and diseases, we started a program of population improvement by recurrent selection. We first evaluated 196 upland-rice families (potential progenitors), derived from self-fertilized, intermediately maturing, S_0 and S_1 plants. These families, obtained from a conventional breeding program, were separated into two groups of 100 families each, four of which were common to both groups. Field evaluations took place in areas of the *Cerrado* that had previously been cropped with soybean. We used a selection index based on yield gain to select 59 families, the genealogy of which was then analyzed to estimate the initial parents' contribution to each family. We also analyzed the degree of genetic relationship among families used in directed crosses, and the level of heterozygosity in the S_0 population generated by recombining these lines. Results suggested that (1) family group showed genetic variability for all the traits studied; (2) grain yield was negatively correlated with incidence of neck blast and grain discoloration; (3) by selecting for increased grain yield and quality and improved resistance to grain discoloration, a breeder will also indirectly select for the favorable traits of reduced plant height and diminished incidence of neck blast and leaf scald; (4) the 59 selected families, which formed population CG2, had 94 parents, 10% of which contributed 52% of this population's genetic base; and (5) directed crosses among the selected families resulted in high heterozygosity, thus favoring high genetic recombination in population CG2.

Introducción

Hasta principios de la década del 90 el Programa de Mejoramiento Genético del Arroz (PGMA) de Tierras Altas (secano) desarrollado por Embrapa Arroz e Feijão, concentraba sus recursos en la obtención y evaluación de líneas para atender la demanda de variedades con las características agronómicas que requerían los agricultores, sin otorgar la debida atención al mejoramiento del conjunto génico en explotación. Esa estrategia permitió el desarrollo —en colaboración con varias instituciones de investigación del país— de variedades que fueron ampliamente utilizadas por los agricultores. Sin embargo, tal estrategia no evitaba que un sinnúmero de genes útiles se perdiera por la alternativa utilizada para conservar en el proceso selectivo solamente los individuos que tenían todas las características agronómicas deseables.

En las publicaciones de Morais (1995) y Morais *et al.* (1997) se presentan detalles de la metodología utilizado y sus consecuencias en el manejo del conjunto de genes disponibles. Las principales observaciones se resumen como sigue:

- La utilización en cada ciclo de selección de un conjunto génico reducido representado por pocos progenitores bastante relacionados entre si.
- Este reducido conjunto génico se recombina a través de los cruzamientos realizados.
- Las etapas de evaluación y selección requieren un período extremadamente largo sin intercruzamiento de las unidades seleccionadas.
- Las recombinaciones génicas que ocurren en las diferentes fases de evaluación se originan sólo por la autofecundación de los individuos seleccionados, por lo que son efectivas únicamente en las primeras generaciones.
- A partir de la tercera generación de autofecundación las oportunidades de recombinación ya no compensan el incremento en la duración del ciclo de selección y, sin embargo, el proceso sigue hasta generaciones bastante avanzadas conservando solamente los individuos considerados aceptables en relación a todas las características agronómicas de interés.
- Sólo algunas pocas líneas de mejor comportamiento general que representan un reducido tamaño efectivo poblacional, vuelven a ser utilizadas para iniciar un nuevo ciclo.

El reducido tamaño efectivo de la muestra seleccionada sin duda lleva a la disminución de la variabilidad útil (Falconer, 1987; Vencovsky, 1987; Morais, 1997) y reduce las posibilidades de ganancias por selección en ciclos futuros. Ello, sumado a la larga duración del ciclo de selección, es la principal razón de los pequeños progresos para rendimiento de granos observados, en particular para el arroz cultivado bajo riego (Rangel, 1995; Rangel *et al.*, 1996; Rangel y Neves, 1997).

A su vez, son bien reconocidas las ventajas de promover el mejoramiento poblacional en el desarrollo de materiales básicos para la obtención de líneas superiores de mayor potencial productivo y de mejor comportamiento general —que además poseen las características de interés— (Vencovsky, 1987; Morais, 1995; Geraldi, 1997). Basado en ello, el PMGA de Tierras Altas (secano) de Embrapa Arroz e Feijão se reestructuró, y a partir de 1992, empezó a utilizar el mejoramiento poblacional como estrategia básica de generación de poblaciones. Esa alternativa deberá poco a poco, sustituir los cruzamientos simples o multiparentales como fuente para la extracción de líneas. Con ese objetivo se desarrollaron cuatro poblaciones (CG1, CNA-6, CNA-7, y CNA-10) a partir del intercruzamiento de progenitores especialmente seleccionados. Además de esas poblaciones, se utilizó el conjunto génico bajo mejoramiento (de la generación F_1 a líneas fijas) para la obtención de dos nuevas poblaciones. Ello se efectuó con base en la floración: una población consideró materiales con floración entre los 85 y 100 días —que resultó en la CG2— y otra más precoz, menos de 85 días después de la siembra, con la cual se produjo la población CG3 (Morais *et al.*, 1997).

El objetivo de este capítulo es presentar la metodología utilizada para la selección de los progenitores y los resultados de esa selección para composición de la población CG2 y caracterizar la composición génica de la misma.

Metodología para Selección de Progenitores

Para formar la nueva población CG2 en el año agrícola 1993/94 y en todas las generaciones del PMGA de Tierras Altas (secano) bajo evaluación en la Estación Experimental Capivara (EEC), Goiânia, se preseleccionaron como progenitores potenciales 196 familias de ciclo medio (85 a 100 días a la floración), incluyendo cinco líneas fijas (Cuadro 1). La preselección se basó en características fenotípicas evaluadas de manera visual como tipo de planta, estado fitosanitario, tamaño de grano y potencial de rendimiento de granos. La identificación de las familias (Cuadro 1) se originó en las generaciones segregantes en las cuales se utilizó el método de selección masal dentro de familias seleccionadas y derivadas de plantas F_1 (S_0) o F_2 (S_1). Las líneas evaluadas se obtuvieron de familias en generación F_5 ($S_{0:4}$ o $S_{1:4}$).

Las 196 familias seleccionadas se dividieron en dos grupos manteniendo cuatro de las cinco líneas fijas (L141, CNA 6724, CNA 6843-1, y P 6241-19-2-5-2-B) comunes a los dos grupos (100 entradas por grupo). Ambos grupos se evaluaron en 1994/95 en la EEC y en la Estación Experimental de Lucas do Rio Verde (EELRV). En cada grupo se utilizó un diseño experimental de latice triple 10x10 (100 tratamientos y tres repeticiones). Además del rendimiento de granos se evaluó el número de días a la floración media,

Cuadro 1. Número de familias o progenitores potenciales evaluados para la constitución de la población CG2, según clase de familia, en la Estación Experimental Capivara, Goiânia, 1994/95.

Clase de familia	Número
$S_{0B:2}$ [1]	11
$S_{0B:3}$	21
$S_{0:2}$	85
$S_{0:3}$	12
$S_{0:4}$	14
$S_{1:4}$	20
$S_{1:5}$	27
$S_{4:6}$	1
Líneas fijas	5
Total	196

1. Familias originarias de la selección masal de plantas S_0 dentro de cruzamientos triples o múltiples seguidas de dos generaciones de autofecundación.

altura de planta, intensidad de acame, clase de grano e incidencia de las principales enfermedades (piricularia en la hoja, piricularia en el cuello, manchado de grano, escaldado y helmintosporiosis). Los datos se colectaron con base en el Manual de Métodos de Investigación en Arroz (EMBRAPA, 1977).

En el análisis de varianza la localidad se consideró como factor aleatorio y las medias de las familias se ajustaron para efectos de grupos (ensayos) dentro de localidad y de bloques/repeticiones/grupo/localidad utilizando el Programa Estadístico SAS (SAS, 1985).

Además de las medias ajustadas y utilizando como cálculo de la varianza y covarianza ambiental el cuadrado medio y el producto medio relativo a la interacción familia *versus* localidad respectivamente, se calculó según Vencovsky (1987), coeficiente de variación genética, índice de variación, heredabilidad en el sentido amplio y correlaciones genéticas. Con el índice de selección de Pesek y Baker (1969), también se calcularon las ganancias para todas las características evaluadas con la selección de 59 familias y utilizando las ganancias deseadas de -2.1, -3.4, y 960 (kg/ha) para manchado, clase, y rendimiento de granos, respectivamente. Las demás características se consideraron secundarias, es decir que no se les especificaron las ganancias deseables. Para realizar esta selección se utilizó el Sistema de Análisis Estadístico y Genético GENES de la Universidade Federal de Viçosa (Cruz, 1997).

Con las informaciones disponibles en Martínez y Cuevas-Pérez (1995), en International Rice Research Institute (IRRI, 1985), con los libros de registro de cruzamientos de Embrapa Arroz e Feijão, se creó el árbol genealógico de cada una de las familias seleccionadas. Esta labor permitió estimar los coeficientes de endogamia de los progenitores inmediatos ($\mathbf{p}_1$ y $\mathbf{p}_2$), y los coeficientes de coancestralidad entre los mismos ($\mathbf{r}_{p1p2}$) según Falconer (1987). Con estos datos se estimó el tamaño efectivo de cada familia considerando que sólo las semillas de cinco plantas seleccionadas/familia se utilizaron para la recombinación.

Selección de Progenitores

El Cuadro 2 incluye los cálculos de los parámetros evaluados. El mayor coeficiente de variación experimental fue de 23.1% que, por relacionarse con piricularia en el cuello evaluada de manera visual y utilizando grados, puede considerarse dentro de niveles aceptables. Por los cálculos obtenidos de $\mathbf{D}_c$ (contraste entre la media original de la población y la media de dos líneas testigo — CNA 6724 y CNA 6843-1—) se observa que en término medio cuando se compararon las familias evaluadas con líneas elites del programa de mejoramiento genético, presentaron potencial de rendimiento de granos similar; no fueron diferentes en relación a los niveles de incidencia de enfermedades y de acame y sin embargo, fueron estadísticamente más precoces; produjeron granos menos delgados y presentaron mayor altura de planta.

El rendimiento medio de las familias en las dos localidades (2050 kg/ha) fue relativamente bajo. En ello contribuyó de manera más decisiva el desbalance nutricional ocurrido en la EELRV (1405 kg/ha, sólo 52% de la producción media observada en la EEC). Además se observó una fuerte interacción ($p < 0.01$) familias *versus* localidades, lo cual indica un comportamiento diferenciado de las familias en los dos ambientes. Esto mismo se observó con respecto a los niveles de incidencia de enfermedades como la piricularia (hoja y cuello), helmintosporiosis y manchado de grano, cuyas incidencias fueron más fuertes en la EELRV.

Estas observaciones enfatizan la importancia de que la selección se haya realizado para cada ambiente por separado lo cual, es obvio, permitiría la obtención de respuestas de mayor magnitud. Sin embargo, las familias se seleccionaron en ambos ambiente con base en la media porque las dos localidades se consideraron previamente como muestras representativas de una amplia área de la región del *Cerrado*. Para esta región es que se pretende mejorar el comportamiento general del arroz en sistemas agrícolas, cuyo componente principal es la soya.

Al efectuar el muestreo en áreas cultivadas con soya para el desarrollo de evaluaciones regionales típicas de un programa de selección recurrente en búsqueda de amplia adaptación, se espera utilizar suelos con diferentes niveles de saturación de base y, en consecuencia, con

Cuadro 2. Cálculos de coeficientes de variación experimental (CV), media original (M_o), media de las familias seleccionadas (M_s), diferencial de selección (DS), contraste entre media original y media de dos líneas control (D_c), coeficiente de variación genética (CV_g), índice de variación ($\hat{b}$), heredabilidad (h^2) y ganancias debido a la selección ($\hat{G}s$) para los caracteres evaluados de los progenitores potenciales de la población CG2.

Carácter	CV (%)	M_o	M_s	DS	D_c	CVg (%)	$\hat{b}$	h^2	$\hat{G}s$ (%)[1]
Floración media (días)	1.7	89.3	90.3	1.0**	-15.5**	8.53	5.00	96.2±0.5	1.1
Altura de planta (cm)	3.5	94.2	91.8	-2.4**	11.2**	8.94	1.76	86.2±2.0	-2.2
Acame (1-9)	6.6	1.7	1.7	0.0	0.2	9.41	1.01	67.0±4.7	0.0
Piricularia en la hoja (1-9)	11.7	1.7	1.7	0.0	0.3	6.86	0.42	25.7±10.6	0.0
Piricularia en el cuello (1-9)	23.1	2.8	2.4	-0.4**	0.9	14.42	0.44	28.1±10.2	-4.0
Helmintosporiosis (1-9)	15.3	3.2	3.2	0.0	0.7	26.35	1.21	74.6±3.6	0.0
Escaldado (1-9)	11.8	4.2	4.0	-0.2**	0.0	11.42	0.68	48.4±7.4	-2.3
Manchado de grano (1-9)	18.1	2.6	2.1	-0.5**	0.7	25.72	1.01	66.9±4.7	-12.9
Clase de grano (1-8)	12.9	4.9	4.0	-0.9**	1.3*	27.52	1.50	81.7±2.6	-15.9
Rendimiento de granos (kg/ha)	17.2	2050	2291	241**	100	12.91	0.75	53.0±6.7	6.2

1. $\hat{G}s:(h^2.DS/M_o)\ 100$.

* y **: significativos en niveles de 5 y 1% de probabilidad respectivamente, por la prueba de Tukey.

diferentes efectos en el rendimiento de granos y en el comportamiento general de las unidades de evaluación tal como ocurrió en este trabajo. Así es inevitable convivir con la interacción genotipo x ambiente, cuyas consecuencias sobre la magnitud de las respuestas a la selección, de acuerdo con Morais (1995), deberá ir disminuyendo a medida que el programa se desarrolle con sucesivas recombinaciones de individuos de mejor comportamiento general.

Los mayores coeficientes de variación genética (CV_g) (Cuadro 2) se observaron para clase de grano, helmintosporiosis y manchado de grano que son los caracteres más sujetos a los mayores cambios en relación a las respectivas medias con la continuidad del proceso selectivo (Morais *et al.*, 1995). Por otro lado, las características con menores CV_g fueron piricularia en la hoja, floración media, altura de planta y acame. De estos, sólo la primera presenta un bajo índice de variación ($\hat{b}$ = 0.42) por lo cual se encuentra bajo una condición poco favorable a la selección (Vencovisky, 1987). Los cálculos de $\hat{b}$ inferiores a la unidad también se observaron para piricularia en el cuello, escaldado y rendimiento de granos. El mayor índice de variación obtenido fue para floración media que se reconoce como una característica poco sujeta a errores de evaluación.

Al escoger las características rendimiento, clase y manchado de grano como las principales en el índice de selección de Pesek y Baker (1969), con las ganancias deseables mencionadas, el grupo de familias seleccionadas no fue diferente del grupo evaluado con respecto a acame, piricularia en la hoja y helmintosporiosis. No obstante lo anterior, el grupo presentó menores niveles de incidencia de piricularia en el cuello (-14.3%) y escaldado (-4.8%), además de menor altura de planta (-4.2%). Se observó que el grupo seleccionado es a la floración media un día mas tardío que el original. Como se esperaba, las mayores diferencias de selección se relacionan con las características consideradas como principales, muy relevantes para clase y manchado de grano. Para ellas se deseaba una respuesta en la reducción de los cálculos para producción de granos cuyas magnitudes fueron de -18.4%, -19.2%, y 11.8%, respectivamente, cuando se expresaron en porcentaje de la media original.

Todos los cálculos que se obtuvieron de heredabilidad (en el sentido amplio) pueden considerarse significativos por ser dos veces superiores a las respectivas desviaciones estándar (El-Roudy *et al.*, 1973). Los mayores valores se observaron para floración media, altura de planta y clase de grano. Los menores cálculos de heredabilidad, aunque significativos, correspondieron a piricularia en la hoja y en el cuello, mientras que rendimiento de granos se calificó como de heredabilidad intermedia en los niveles de media de familia (Cuadro 2).

En el Cuadro 3 se presentan los cálculos de las correlaciones genéticas. Para evaluar las implicaciones de esas correlaciones en el proceso selectivo, es necesario considerar que en las características evaluadas por grados (acame, Lg; piricularia en la hoja, Bl; piricularia en el cuello, NBl; escaldado, LSc; manchado de grano, Gd; y clase de grano, CG), los menores valores son los deseables. La piricularia en el cuello y el manchado de grano presentaron correlaciones genéticas negativas significativas de alta magnitud con rendimiento de granos. Eso significa que las familias más susceptibles a estas dos enfermedades son, en general, menos rendidoras.

Con respecto a clase de grano —otra característica fundamental en el mejoramiento genético del arroz de tierras altas— se observó una asociación positiva y relativamente fuerte con escaldado. Esto es que las familias de granos mas largos y delgados son, en general, menos susceptibles a escaldado. Otras asociaciones altamente significativas (Cuadro 3) son las relativas a manchado de grano con piricularia en la hoja y con piricularia en el cuello; escaldado con piricularia en la hoja; y acame con altura de planta. Sólo después de conocer las características generales de las familias con respecto a sus medias (Cuadro 2) y los niveles de asociación genética entre los caracteres evaluados (Cuadro 3) se decidió utilizar manchado, clase y rendimiento de granos como características principales en el proceso de selección utilizado para escoger los progenitores potenciales.

Cuadro 3. Correlaciones genéticas entre las características floración media (Fl), altura de planta (Ht), acame (Lg), piricularia en la hoja (Bl), piricularia en el cuello (NBl), helmintosporiosis (BS), escaldado (LSc), manchado de grano (Gd), clase de granos (CG) y rendimiento de granos (Yld) de los progenitores potenciales de la población CG2.

Carácter	Ht	Lg[1]	Bl[1]	NBl[1]	BS[1]	LSc[1]	Gd[1]	CG[1]	Yld
Fl	0.19	-0.25*	-0.08	-0.62**	-0.03	0.16	-0.20*	-0.10	0.04
Ht		0.35**	0.06	-0.12	-0.19*	-0.02	0.21*	0.18*	0.10
Lg			0.21	-0.10	-0.01	-0.23	0.07	0.11	0.21
Bl				-0.05	0.15	0.58**	0.42**	0.32*	0.09
NBl					0.23	0.20	0.78**	-0.19	-0.90**
MP						-0.12	0.36*	-0.03	-0.08
LSc							0.07	0.42**	0.17
MG								0.17	-0.54**
CG									0.00

1. Evaluación en grados en la cual el menor valor es el deseable.

* y **: significativos en niveles de 5% y 1% de probabilidad respectivamente, por la prueba de t.

Para aumentar la competitividad económica del arroz de tierras altas (secano) con los otros cultivos participantes del sistema agrícola en la región del *Cerrado* cuando se incrementa el rendimiento, la mejor calidad de grano se considera como factor fundamental. En la actualidad, el arroz de grano del tipo largo y delgado, elevado rendimiento de granos enteros, con endosperma translúcido y buena cocción es muy apreciado en el mercado, alrededor de 35% más que aquellos obtenidos de variedades tradicionalmente utilizadas en tierras altas. En este trabajo sólo se evaluó una característica de calidad y, naturalmente se aprovechó la oportunidad para obtener con ese carácter respuestas favorables y significativas.

Entre las enfermedades presentes en los ensayos, el manchado de grano es la que causa mayor perjuicio a la apariencia visual del producto con cáscara. Aunque sus niveles de incidencia se presentaron negativamente correlacionados con el rendimiento de granos, ello indica que se obtendrían ganancias para mayor resistencia a manchado de grano al hacerse selección para mayor rendimiento de granos. Se decidió también considerar ésta como una característica principal para obtener ganancias aún mayores para la misma.

Por los cálculos de correlación genética (Cuadro 3) es fácil observar que al seleccionar para mayor rendimiento de granos, menor tipo de grano (largo y fino) y menor incidencia de manchado de grano

deben esperarse respuestas favorables para escaldado, helmintosporiosis y piricularia (hoja y cuello). Además puede obtenerse alguna ganancia en la reducción de la altura de planta, un factor importante para mayor resistencia al acame (Jennings *et al.*, 1979).

Las ganancias deseadas de 960, -2.1, y -3.4, respectivamente para rendimiento, manchado y clase de granos corresponden a las diferencias máximas observadas en estas características entre las medias de por lo menos una familia y la media general de los ensayos. Este criterio se considera importante en el trabajo de Morais (1992).

El cálculo relativamente bajo de respuesta esperada con respecto al rendimiento de granos (6.2%), debe atribuirse en particular a la fuerte interacción genotipo x ambiente observada y a la leve intensidad de selección empleada. No se debe acreditar eso a la selección directa para esa característica. Si ese procedimiento hubiera sido adoptado con la misma intensidad de selección, la ganancia de selección esperada hubiera sido de 8.3 para esa característica pero sin respuesta favorable para clase de grano y escaldado, y con ganancias menores para manchado de grano, piricularia en el cuello y altura de planta.

Con los cálculos de respuesta de selección observada para tipo de grano, la media de la población mejorada debe estar próxima a 4, lo cual representa el limite superior del tipo largo y fino (patrón Metica 1).

En los ciclos futuros, además de considerar todas las características agronómicas de interés, se buscará obtener ganancias para todos los aspectos relevante de calidad de grano antes mencionados.

También se esperan respuestas indirectas favorables para piricularia en el cuello y escaldado. La primera es la enfermedad que causa los mayores daños al arroz en Brasil (Filippi y Prabhu, 1997), y la segunda, aunque menos perjudicial que la piricularia, también presenta importancia económica (Prabhu *et al.*, 1995).

Como resultado de la selección, para acame, piricularia en la hoja y helmintosporiosis no se esperan diferencias de resistencia entre las familias evaluadas y la población mejorada. Sus intensidades de ocurrencia fueron solamente moderadas y dentro de los niveles tolerables. Con respecto al ciclo dada la selección realizada debe obtenerse un pequeño incremento de su duración, pero la población aún deberá comportarse un poco mas precoz que las principales variedades de ciclo medio disponibles en el mercado en la actualidad. En los ciclos de selección que vendrán se buscará mantener el número de días para la floración media estabilizado alrededor de los 90 días.

En la selección de progenitores se debe estar seguro de que las medias sean favorables para todas las características de interés y, al mismo tiempo, garantizar la presencia de suficiente variabilidad

genética en la población resultante del intercruzamientos entre los mismos (Chaves, 1997). Con esos cuidados (adoptados en este trabajo) se reduce el tiempo para lograr los niveles deseables por la disminución de las distancias que se van a superar y se garantizan los medios para la obtención de mayores ganancias por ciclo de selección.

Se decidió por una baja intensidad de selección (p = 30.1%) pues se reconoció que el conjunto genético en uso había sido sometido sólo a un proceso parcial de recombinación, y también por la necesidad de mantener un tamaño efectivo poblacional que no reduzca las oportunidades de pérdidas de alelos favorables por derivación genética (Morais, 1997).

A pesar de la tendencia de reducción de la variabilidad genética, en la medida que se suceden los ciclos de selección, se espera obtener mejores expectativas de ganancias para rendimiento de granos debido a:

- La reducción de los efectos de la interacción genotipo x ambiente con incremento sucesivo de las frecuencias de los alelos favorables a la amplia adaptación.
- El incremento del número de observaciones para cada unidad de evaluación utilizando mayor número de localidades de prueba.
- El aumento de la intensidad de selección a través de la evaluación de un mayor número de familias.
- La pequeña reducción en el número de familias seleccionadas sin comprometer el potencial de la población para fines de mejoramiento y manteniendo la intensidad de endogamia a niveles tolerables.

Casi todas las familias seleccionadas tenían progenitores con grados variados de parentesco y de endogamia (Cuadro 4) y pertenecían a diferentes clases en cuanto a relación genética entre sus componentes. Alrededor de 85% de las familias seleccionadas se derivan de plantas S_0 o de S_1 por autofecundación. De otro lado, había cinco familias de hermanos completos autofecundadas ($S_{0B:2}$), una familia $S_{4:6}$ y cuatro líneas que pueden considerarse homocigotas. Los tamaños efectivos de las familias ($\mathbf{N_{ef}}$) consideradas aisladamente variaron de 0.5 (línea homocigota) a 1.27 (familia CNAx 5501-B-M2 derivada del cruce doble BR-IRGA 411/IRI 347 con Cuiabana/CNAx 1235-8-3). En el cálculo de esos tamaños efectivos se consideró que las unidades de recombinación eran familias de cinco plantas seleccionadas dentro de cada una del Cuadro 4 y, por lo tanto, con mas de una generación de autofecundación. El tamaño efectivo del grupo seleccionado no corresponde a la suma de los tamaños efectivos de las familias ya que ellas compartían muchos genes de origen idéntica, es decir que son parientes entre sí en grados variables.

Con la genealogía de cada familia seleccionada se obtuvo la relación de todos los ancestros

Cuadro 4. Clase de familia según el grado de relación genética de sus elementos. Coeficiente de endogamia (F) de los progenitores 1 (P_1) y 2 (P_2), coeficiente de parentesco entre P_1 y P_2 (r_{p1p2}) y tamaño efectivo (N_{ef}) de las familias seleccionadas para constitución de la población CG2.

Familia	Clase de Familia	F			
		P_1	P_2	r_{p1p2}	N_{ef}
CNAx 5337-13-M1	$S_{0:2}$	0.029	0.000	0.019	0.840
CNAx 5345-1-M2	$S_{0:2}$	0.000	0.000	0.016	0.842
CNAx 5452-2-M1	$S_{0:2}$	0.000	1.000	0.031	0.833
CNAx 5452-6-M2	$S_{0:2}$	0.000	1.000	0.031	0.833
CNAx 5473-6-M1	$S_{0:2}$	0.000	1.000	0.027	0.835
CNAx 5482-4-M2	$S_{0:2}$	0.023	0.000	0.042	0.827
CNAx 5493-5-M2	$S_{0:2}$	0.078	1.000	0.027	0.835
CNAx 5494-2-M2	$S_{0:2}$	0.250	0.000	0.074	0.809
CNAx 5494-3-M2	$S_{0:2}$	0.250	0.000	0.074	0.809
CNAx 5462-1-M1	$S_{0:2}$	0.000	0.078	0.074	0.808
CNAx 5501-B-M2	$S_{0B:2}$	0.052	0.000	0.000	1.273
CNAx 5503-1-M1	$S_{0:2}$	0.039	0.000	0.035	0.831
CNAx 5504-1-M2	$S_{0:2}$	0.039	0.000	0.043	0.826
CNAx 5522-1-M2	$S_{0:2}$	0.075	0.075	0.138	0.776
CNAx 5522-B-M1	$S_{0B:2}$	0.075	0.075	0.138	1.237
CNAx 5524-2-M2	$S_{0:2}$	0.150	0.000	0.119	0.786
CNAx 5578-1-M2	$S_{0:2}$	0.055	0.000	0.025	0.836
CNAx 5596-1-M2	$S_{0:2}$	1.000	0.000	0.065	0.814
CNAx 5596-B-M2	$S_{0B:2}$	1.000	0.000	0.065	1.024
CNAx 5598-3-M2	$S_{0:2}$	1.000	1.000	0.164	0.763
CNAx 5598-7-M1	$S_{0:2}$	1.000	1.000	0.164	0.763
CNAx 5600-2-M2	$S_{0:2}$	1.000	1.000	0.055	0.820
CNAx 5600-7-M2	$S_{0:2}$	1.000	1.000	0.055	0.820
CNAx 5591-1-M1	$S_{0:2}$	1.000	1.000	0.000	0.851
CNAx 5592-B-M2	$S_{0:2}$	1.000	1.000	0.141	0.774
CNAx 5626-2-M2	$S_{0:2}$	1.000	1.000	0.026	0.836
CNAx 4913-B-M2	$S_{0B:2}$	0.000	1.000	0.078	1.024
CNAx 5429-B-M2	$S_{0B:2}$	0.069	1.000	0.075	1.009
CNAx 4749-M3-M3	$S_{0:3}$	1.000	1.000	0.000	0.842
CNAx 3933-M-M2	$S_{0:3}$	1.000	1.000	0.000	0.842

Continúa...

Continuación...

Cuadro 4. Clase de familia según el grado de relación genética de sus elementos. Coeficiente de endogamia (F) de los progenitores 1 (P_1) y 2 (P_2), coeficiente de parentesco entre P_1 y P_2 (r_{p1p2}) y tamaño efectivo (N_{ef}) de las familias seleccionadas para constitución de la población CG2.

Familia	Clase de Familia	F			
		P_1	P_2	r_{p1p2}	N_{ef}
CNAx 4858-M-M3	$S_{0:3}$	1.000	1.000	0.195	0.743
CNAx 2942-37-M-M2	$S_{1:4}$	1.000	1.000	0.000	0.627
CNAx 4857-104-M-M2	$S_{1:4}$	1.000	1.000	0.031	0.622
CNAx 4885-5-M-M2	$S_{1:4}$	1.000	1.000	0.250	0.590
CT11240-33-6-BrM-M2	$S_{1:4}$	0.052	1.000	0.054	0.619
CT11245-28-4-BrM-M2	$S_{1:4}$	0.052	1.000	0.054	0.619
CT11608-6-8-BrM-M1	$S_{1:4}$	0.025	1.000	0.043	0.621
CT11608-6-9-BrM-M1	$S_{1:4}$	0.025	1.000	0.043	0.621
CT11619-15-1-BrM-M1	$S_{1:4}$	0.123	1.000	0.021	0.624
CNAx 4749-M2-M-M2	$S_{0:4}$	1.000	1.000	0.000	0.838
CT11216-10-5-B-BrM-M2	$S_{1:5}$	0.021	1.000	0.061	0.617
CT11216-15-17-B-BrM-M2	$S_{1:5}$	0.021	1.000	0.061	0.617
CT11241-14-3-B-BrM-M2	$S_{1:5}$	0.052	1.000	0.013	0.624
CT11243-31-1-B-BrM-M2	$S_{1:5}$	0.052	1.000	0.054	0.618
CT11243-31-5-B-BrM-M2	$S_{1:5}$	0.052	1.000	0.054	0.618
CT11231-35-2-M-M-M2	$S_{1:5}$	0.023	1.000	0.045	0.619
CT11231-35-4-M-M-M2	$S_{1:5}$	0.023	1.000	0.045	0.619
CT11236-7-1-M-M-M2	$S_{1:5}$	0.086	1.000	0.041	0.620
CT11240-20-7-M-M-M2	$S_{1:5}$	0.052	1.000	0.054	0.618
CT11251-7-2-M-M-M1	$S_{1:5}$	0.023	1.000	0.042	0.620
CT11626-2-5-M-M-M2	$S_{1:5}$	0.023	1.000	0.016	0.624
CT11626-29-5-M-M-M2	$S_{1:5}$	0.023	1.000	0.016	0.624
CT11632-1-1-M-M-M2	$S_{1:5}$	0.023	1.000	0.021	0.623
CT11619-10-1-M-Br1-M2-M2	$S_{4:6}$	0.123	1.000	0.021	0.514
CNAx5311-2-M2-M2	$S_{0:3}$	0.000	0.000	0.003	0.840
L141	Línea fija	-	-	-	0.500
CNA 6724	Línea fija	-	-	-	0.500
CNA 6843-1	Línea fija	-	-	-	0.500
CIAT 24	Línea fija	-	-	-	0.500

utilizados en los cruzamientos iniciales. La participación relativa de los ancestros de cada familia se ponderó por el N_{ef} correspondiente para estimar la participación relativa de los mismos en la composición genética del grupo seleccionado (Cuadro 5). Son 94 ancestrales cuya participación varía de 1.18×10^{-5}% (B 58944) a 8.5% (Dourado Precoce). De estos ancestros identificados solamente 11 son variedades tradicionales brasileñas. Nueve de ellos (10%) participan con más de la mitad (51.6%) del conjunto génico seleccionado, de los cuales solamente tres son locales. Esto resalta la importancia de las introducciones realizadas para enriquecer el acervo de genes disponibles para el arroz de secano de Brasil.

Considerando los ancestros identificados como no aparentados entre sí se muestra que el tamaño efectivo (N_e) de la población que se obtendría por los intercruzamientos al azar de los mismos en las frecuencia relacionadas en el Cuadro 5 sería de 12.9. Este es prácticamente el mismo N_e que se obtendría bajo el mismo sistema de intercruzamientos, con 26 líneas puras tampoco relacionadas genéticamente entre sí. Ello ocurre porque en cualquier población cuando algunos individuos producen mayor número de descendientes que los demás, se incrementa la frecuencia de cruzamientos entre parientes provocando un incremento de la endogamia y, en consecuencia, una reducción del tamaño efectivo poblacional o, en otras palabras, pérdida de alelos (Morais *et al.*, 1997).

Con seguridad el tamaño efectivo del grupo seleccionado aún es inferior a 12.9, porque a lo largo del proceso de mejoramiento los individuos que se seleccionaron para recombinación no contenían todo el conjunto génico de sus progenitores. Esto se debe a que una de las características de los programas tradicionales de mejoramiento de autogamas, es la utilización de un reducido grupo de individuos seleccionados en cada ciclo (del menor tamaño efectivo posible), para la constitución de la población base del ciclo siguiente con considerable pérdida de alelos por oscilación genética (Morais, 1995).

Un cálculo del tamaño efectivo de las familias seleccionadas solamente sería posible obteniendo los cálculos de los coeficientes de endogamia de los descendientes de todas las 1770 combinaciones híbridas (biparentales) entre las mismas, incluyendo las 59 estimativas correspondientes al cruzamiento de una familia con ella misma, en esos casos obtenidas para la estimación de N_{ef} del Cuadro 4.

En la recombinación de las familias seleccionadas, cada una de ellas participó en seis cruces, tres veces como progenitor masculino y otras tres como hembra. En los casos de las familias altamente aparentadas entre sí, como las originarias del mismo cruzamiento (ejemplo CNAx 5522-1-M2 y CNAx 5522-B-M1) una se utilizó sólo como progenitor masculino y la otra como hembra, lógico en cruzamientos involucrando otras familias pocos relacionadas con ellas

genéticamente. De esa manera se obtuvieron 138 cruzamientos que buscaban asociar complementariedad entre caracteres de interés y diversidad genética.

En la generación S_0 (1995/96) ningún cruzamiento se eliminó y se seleccionó un número variable de plantas (1 a 18) dentro de cada cruzamiento. La evaluación visual de las familias S_1 realizadas en 1996/97, permitió la selección de un total de 227 familias en 93 cruzamientos (67.4% del total), que constituyó la población básica de referencia para el segundo ciclo de selección. Se observó que los coeficientes de parentesco entre los progenitores de los cruzamientos (dirigidos) aprovechados de manera efectiva, son relativamente bajos, con media estimada de 0.025. Ese valor corresponde al coeficiente medio de endogamia de la generación S_0, considerando solamente los 93 cruzamientos seleccionados. Ello sugiere que la población se encontraba en condición favorable a la recombinación génica debido al alto nivel de heterozigocidad, solamente posible en población originaria de intercruzamientos al azar de alrededor de 40 líneas fijas y no aparentadas entre sí. En una población de base génica no suficientemente amplia, el cruzamiento controlado que busca combinar individuos menos aparentados constituye, por lo tanto, un mecanismo eficiente para favorecer la recombinación genética y ampliar la variabilidad necesaria para la mayor eficiencia de la selección.

Normalmente, las poblaciones de referencia, cuyos comportamientos se buscan estimar por las expresiones de respuestas esperadas a la selección, son las que se nombran por S_0, originarias de la recombinación de los individuos seleccionados en el ciclo anterior. Por otro lado, cuando se estiman las ganancias observadas se utilizan las informaciones obtenidas de la comparación del comportamiento de las poblaciones de referencia de los diferentes ciclos. En este trabajo se considera como población de referencia en particular al conjunto de familias ($S_{0:2}$) destinadas a evaluación regional en varias localidades. Tanto la población S_0 como el conjunto de familias $S_{0:2}$ no son estables, pero de ellas se consigue suficiente cantidad de semillas para las evaluaciones regionales y para almacenamiento de remanentes representativas de la población de referencia. Las respuestas observadas a la selección se evaluarán por los cambios en los comportamientos relativos de los conjuntos de familias $S_{0:2}$ de los diferentes ciclos de selección. Estos podrán estimarse por medio de ensayos especiales o preferiblemente por los métodos de Vencovisky *et al.* (1988) o de Breseghello *et al.* (1988), siempre que se utilice en los ensayos regionales un grupo de variedades-testigos comunes a los diferentes ciclos.

Un ciclo de selección deberá durar tres años. En el primero, se hace la evaluación regional de las familias $S_{0:2}$ (población base), la selección final y la recombinan las familias seleccionadas; en el

Cuadro 5. Relación de los ancestros de las familias seleccionadas, origen y participación relativa (%).

Ancestro	Origen	Participación (%)
Dourado Precoce	Local	8.505
Pérola	Local	6.879
M312A	Introducida	6.633
Variedades do Zaire	Introducida	6.018
560	Introducida	5.971
Pratão	Local	5.468
Takao Iku 18	Introducida	4.526
OS 6	Introducida	4.031
SR2041	Introducida	3.628
Marong Paroc	Introducida	2.680
OS 6 DM	Introducida	2.520
Salumpikit	Introducida	2.431
Palmira 105	Introducida	2.263
Chianan 8	Introducida	2.230
Makalioka	Introducida	2.230
Carolino	Introducida	2.217
Taichung Native 1	Introducida	2.064
TOx 1525	Introducida	2.016
Iguape Agulha	Local	1.814
Pa Chiam	Introducida	1.781
Beira Campo	Local	1.512
DP689	Introducida	1.184
Ngovie	Introducida	1.109
Norin 6	Introducida	1.008
Pusur	Introducida	1.008
Venezuela 503	Introducida	0.983
Multiple Parent 17	Introducida	0.971
Apikolo	Introducida	0.932
Jaguari	Local	0.907
Yola	Introducida	0.907
DGWG	Introducida	0.824
Polinização Natural	-	0.806
Lung Sheng	Introducida	0.747
Taipei 309	Introducida	0.705
Cina	Introducida	0.701
Lati Sail	Introducida	0.701
Amarelão	Local	0.504
LAC 23-(RED)	Introducida	0.504
Multiple Parent 13	Introducida	0.504
Tchentchouai	Introducida	0.504
Rexark Rouge	Introducida	0.491
CI 5094	Introducida	0.431
Dular	Introducida	0.403
Makouta	Introducida	0.403
Multiple Parent 23	Introducida	0.397
Blue Rose	Introducida	0.339
Washabo	Introducida	0.303

Continúa...

Continuación...

Cuadro 5. Relación de los ancestros de las familias seleccionadas, origen y participación relativa (%).

Ancestro	Origen	Participación (%)
Moroberekan	Introducida	0.302
Três Marias	Local	0.302
Basmati 370	Introducida	0.252
Tadukan	Introducida	0.247
Sinawpagh	Introducida	0.212
Carreon	Introducida	0.202
Kerr Sail SC 94-47	Introducida	0.202
Sel. Agulha Precoce	Local	0.202
CP231	Introducida	0.198
Kitchili Samba	Introducida	0.155
Variedade Desconhecida	Introducida	0.154
I-Geo-Tze	Introducida	0.148
MCVA	Introducida	0.148
Hill Pat Selection	Introducida	0.118
CI 9122	Introducida	0.101
CR1113	Introducida	0.101
Kaohsiung 180	Introducida	0.101
Knandong Patong	Introducida	0.101
PL 9	Local	0.101
Três Meses Branco	Local	0.101
Pelita I-1	Introducida	0.088
Bruinmissie	Introducida	0.076
Shoemed	Introducida	0.059
Tsai Yuan Chon	Introducida	0.057
Carolina Gold	Introducida	0.056
CI 7689	Introducida	0.056
KDM 105	Introducida	0.054
CA902	Introducida	0.050
FB24	Introducida	0.050
Ramagarh	Introducida	0.050
Sigadis	Introducida	0.050
TR	Introducida	0.050
Remadja	Introducida	0.044
HBG DW 8	Introducida	0.031
8	Introducida	0.025
5	Introducida	0.013
SML 80	Introducida	0.013
CI 5309	Introducida	0.013
Skrivimankoti	Introducida	0.005
Mudgo	Introducida	0.004
Colusa	Introducida	0.003
BP	Introducida	0.003
BPI 76	Introducida	0.003
Guyana Brit 79	Introducida	0.003
Nivara	Introducida	0.002
H 105	Introducida	0.002
B 58944	Introducida	0.000[1]

segundo, la selección de plantas S_0 controlando su origen por cruzamiento; y en el tercero, las familias S_1 se someten a evaluación solamente en una localidad (las semillas no son suficientes para ensayos en varias localidades), seleccionando las de mejor comportamiento general que constituyen la población base con razonable cantidad de semilla para el ciclo siguiente.

El progreso observado en un ciclo de selección se origina de la suma de las ganancias obtenidas de las selecciones realizadas en S_0 y entre las familias S_1 (o $S_{0:1}$) y $S_{0:2}$. Se espera que éste sea superior al estimado por el producto de la heredabilidad por la desviación estándar (Cuadro 2).

Conclusiones

- Entre las familias evaluadas para selección de los progenitores de la CG2, existe considerable variabilidad genética para todas las características evaluadas: duración del ciclo, altura de planta, clase de grano, rendimiento de granos y incidencia de acame, piricularia, helmintosporiosis, escaldado y manchado de grano.
- El rendimiento de granos está negativamente correlacionado con la incidencia de piricularia en el cuello y manchado de grano, cuyos niveles de incidencia están positivamente correlacionados entre sí.
- Seleccionando para mayor rendimiento de grano, menos tipo de grano y menos incidencia de manchado de grano, se observa también respuesta indirecta favorable para menor altura de planta y menor incidencia de piricularia en el cuello y escaldado.
- Las familias seleccionadas para constitución de la CG2 poseen 94 ancestros de los cuales 10% constituyen alrededor de 52% de la base genética de las familias en mención.
- El cruzamiento dirigido de las familias seleccionadas permite la obtención de alta heterozigocidad y, por lo tanto, una condición favorable a amplia recombinación genética con los cruzamientos realizados para la constitución de la población CG2.
- La selección de progenitores con desempeño favorable y la seguridad de tener variabilidad genética en la población recombinada permite lograr, de manera más rápida, los niveles deseados para las características de interés.

Referencias

Breseghello, F.; Morais, O. P. de; Rangel, P. H. N. 1998. A new method to estimate genetic gain in annual crops. Genetics and Molecular Biology 21(4):427-430.

Chaves, L. J. 1997. Criterios para escoger progenitores para un programa de selección recurrente. En: Guimarães, E. P. (ed.). Selección recurrente en arroz. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. p. 13-24.

Cruz, C. D. 1997. Programa GENES: aplicativo computacional em genética e estatística. Universidade Federal de Viçosa (UFV), Viçosa, Brasil. 442 p.

El-Rouby, M. M.; Morayem, Y. S.; y Nawar, A. A. 1973. Estimation of genetic variance and its components in maize under stress and non-stress environment. I. Plant date. Egyptian Journal of Genetics and Cytology 2:10-19.

EMBRAPA. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuaria. 1977. Manual de métodos de pesquisa em arroz. Centro Nacional de Pesquisa de Arroz e Feijão . Goiânia, Brasil. 106 p.

Falconer, D. S. 1987. Introdução à genética quantitativa. Universidade Federal de Viçosa (UFV), Viçosa, Brasil. 219 p.

Filippi, M. C. y Prabhu, A. S. 1997. Selección recurrente para resistencia parcial a *Pyricularia grisea* Sacc. en arroz, en Brasil. En: Guimarães, E. P. (ed.). Selección recurrente en arroz. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. p. 177-187.

Geraldi, I. O. 1997. Selección recurrente en el mejoramiento de plantas. En: Guimarães, E. P. (ed.). Selección recurrente en arroz. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. p. 3-11.

IRRI (International Rice Research Institute). 1985. Parentage of IRRI crosses: IR1 - IR50,000. Los Baños, Philippines. 505 p.

Jennings, P. R.; Coffman, W. R.; y Kauffman, H. E. 1979. Rice improvement. International Rice Research Institute (IRRI), Los Baños, Philippines. 186 p.

Martínez, C. P. y Cuevas-Pérez, F. 1995. Registro de cruzamientos de arroz: P1 a P5617 y CT5618 a CT13800. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. 313 p.

Morais, O. P. de. 1992. Análise multivariada da divergência genética dos progenitores, índices de seleção e seleção combinada numa população de arroz oriunda de intercruzamentos, usando macho-esterilidade. Tesis, Doct. Universidade Federal de Viçosa (UFV), Viçosa, Brasi. 251 p.

Morais, O. P. de. 1995. Fatores ecofisiológicos e genéticos que afetam o melhoramento do arroz para maior rendimento. En: Conferência Internacional de Arroz Para a América Latina e o Caribe. Goiânia, GO. Arroz na América Latina: perspectivas para o incremento da produção e do potencial produtivo. Goiânia: EMBRAPA-CNPAF. v.1, p. 83-91.

Morais, O. P. de. 1997. Tamaño efectivo de la población. En: Guimarães, E. P. (ed.). Selección recurrente en arroz. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. p. 25-44.

Morais, O. P. de; Castro, E. da M. de y Sant'ana, E. P. 1997. Selección recurrente en arroz de secano en Brasil. En: Guimarães, E. P. (ed.). Selección recurrente en arroz. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. p. 99-115.

Pesek, J. y Baker, R. J. 1969. Desired improvement in relation to sected indices. Canadian J. Plant Sci. 49:803-804.

Prabhu, A. S.; Bedendo, I. P.; y Filippi, M. C. 1985. Principais doenças do arroz no Brasil. 3a. ed. Goiânia: Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuaria (EMBRAPA)-Centro Nacional de Pesquisa de Arroz e Feijão (CNPAF). 43 p.

Rangel, P. H. N. 1995. Seleção recorrente e híbridos: alternativas para aumentar o potencial produtivo das cultivares de arroz. En: Conferência Internacional de Arroz Para a América Latina e o Caribe. Goiânia, GO. Arroz na América Latina: perspectivas para o incremento da produção e do potencial produtivo. Goiânia: EMBRAPA-CNPAF, 1995. v.1, p. 37-48.

Rangel, P. H. N.; Guimarães, E .P.; y Neves, P. de C. F. 1996. Base genética das cultivares de arroz (*Oryza sativa* L.) irrigado do Brasil. Pesq. Agropec. Bras. 31(5):349-357.

Rangel, P. H. N. y Neves, P. de C. F. 1997. Selección recurrente aplicada al arroz de riego en Brasil. En: Guimarães, E. P. (ed.). Selección recurrente en arroz. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. p. 79-97.

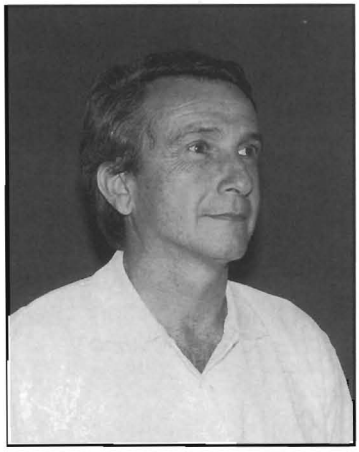
SAS (Statistical Analysis System) Institute Inc. 1985. SAS User's Guide: Statistics, Version 5. Cary, USA. 956 p.

Vencovsky, R. 1987. Herança quantitativa. En: Paterniani, E. y Viegas, G. P. (eds.). Melhoramento e produção de milho no Brasil. 2a. ed. Fundação Cargill, Campinas, Brasil. p. 135-214.

Vencovsky, R.; Morais, A. R.; Garcia, J. C.; y Teixeira, M. M. 1988. Progresso genético em vinte anos de melhoramento de milho no Brasil. En: Congresso Nacional de Milho e Sorgo, 1986, Belo Horizonte. Minas Gerais, Brasil. p. 300-306.

Capítulo 14

Mejoramiento Poblacional de Arroz de Tierras Altas en Brasil



Emilio da M. de Castro

Emílio da M. de Castro[1]
Orlando P. de Morais[1]
Evaldo P. Sant'Ana[1]
Flávio Breseghello[2]
Francisco P. de M. Neto[2]

[1]Investigadores de Embrapa Arroz y Feijão de la Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuaria (EMBRAPA), Caixa Postal 179, 75375-000 Santo Antônio de Goiás, Goiás, Brasil; Correo electrónico: emilio@cnpaf.embrapa.br;
[2]Técnicos de nivel superior de Embrapa Arroz e Feijão

Contenido

Resumen
Abstract
Introducción
Selección Recurrente dentro del Programa de Mejoramiento
Formación de Poblaciones
- Número de poblaciones
- Formas de recombinación
- Variabilidad genética

Manejo de Poblaciones
- Ciclos de selección
- Introgresiones
- Manejo de semillas

Resultados
Planes Futuros
Conclusiones
Referencias

Resumen

Este capítulo describe las experiencias de Embrapa Arroz e Feijão con el proyecto de mejoramiento poblacional mediante la selección recurrente en arroz de tierras altas (secano), incluyendo dificultades y sugiriendo alternativas para solucionarlas. Presenta además los resultados más importantes y la relevancia de los mismos para el proyecto y establece la necesidad de integrar el proyecto de mejoramiento poblacional a una estrategia global de manejo de la variabilidad genética para no considerarla como una actividad paralela que compite por recursos. Así mismo discute la necesidad de que la formación de poblaciones se efectúe equilibrando las actividades a lo largo de los años y/o el nivel de variabilidad deseable para lograr los objetivos con la velocidad de respuesta esperada. Para el manejo de las poblaciones sugiere que los procedimientos de selección sean los adecuados para cada una de ellas y para las etapas de sus ciclos de recurrencia. Presenta ejemplos del manejo de las semillas a partir de cada actividad durante los ciclos de recurrencia y entre tipos de poblaciones, y se hace un análisis del potencial de cada población con respecto a las perspectivas de producción de resultados a corto, mediano y largo plazo.

Upland-Rice Populational Improvement For Brasil

Abstract

This chapter describes the experiences of Embrapa Arroz e Feijão in managing an upland-rice project for population improvement by recurrent selection. It calls attention to difficulties and makes suggestions on how to solve them. The most important results are discussed in terms of their relevance to the project. Also emphasized is the need to integrate the population improvement project into a global breeding strategy to manage genetic variability, thereby preventing competition for resources. Also discussed is the need to balance population formation against activities conducted over time and/or the level of variability desired to achieve the proposed objectives within the expected time span. For population management, selection procedures must be adjusted to each population and to each specific phase in each recurrent cycle. Examples of seed management based on each activity during the cycles and between different types of population are presented. The potential of each population is analyzed in term of its prospects of producing results over the short, medium, and long terms.

Introducción

Es posible afirmar que un programa de mejoramiento de plantas presenta cuatro etapas importantes:

- Construcción de la variabilidad genética.
- Desarrollo de líneas.
- Evaluación.
- Producción de semillas.

Si se presentan fallas en alguna de esas etapas todo el trabajo se ve comprometido. Así mismo, las actividades de todas ellas deben estar perfectamente articuladas y sincronizadas con objetivos bien definidos a corto, mediano y largo plazo.

En lo que se refiere a la construcción de la variabilidad genética, se observa que su significado crece en la medida en que existan buenas variedades en el mercado y siempre que la variabilidad que se está trabajando no esté limitando las posibilidades de ganancias genética por selección. En general, los fitomejoradores buscan combinar materiales elites entre sí para obtener una mayor probabilidad de líneas adaptadas y con un mayor número de caracteres agronómicos deseables. Cuando la variabilidad genética así obtenida no es promisoria, es necesario utilizar germoplasma no adaptado y con genes específicos de materiales exóticos o de otras fuentes de variabilidad, que hace más complejo el manejo de esas poblaciones. En esta situación se encuentra el Programa de Mejoramiento Genético de Arroz (PMGA) de Tierras Altas (secano) de Brasil, es decir, que debe adelantar acciones con énfasis en el manejo de ese tipo de variabilidad.

La variabilidad genética debe considerarse bajo diferentes aspectos: introducción, amplitud, calidad y facilidad de manejo. La introducción de variedades ha jugado un papel muy importante en el desarrollo de nuevas cultivares. Según Evenson (1998) el intercambio internacional de germoplasma de arroz y su utilización en cruzamientos ha sido responsable por más variedades liberadas que el uso exclusivo de progenitores locales. Con las introducciones es posible obtener características tales como tipo de planta moderna, calidad de grano, resistencia a estreses u otras que no siempre se pueden obtener en el germoplasma local.

Si la base genética de las variedades de arroz de tierras altas (secano) brasileñas es estrecha (Guimarães, 1993) es necesario buscar formas de ampliarla lo cual, en realidad, no representa una gran dificultad pues existen varias alternativas para ello: cruzamientos interespecíficos, uso de materiales colectados en el país e introducción de germoplasma exótico, entre otras.

Por otro lado, aumentar la variabilidad genética de la base de un programa de mejoramiento sin una estrategia bien definida, puede traer más problemas que soluciones. La calidad de la variabilidad que se va tener debe estar en perfecta

sintonía con los objetivos del programa, tal como se presenta en los siguientes ejemplos. Ferreira y Yokoyama (1999) enfatizan la importancia de la calidad de granos, sobretodo con patrones de calidad que permitan a las industrias construir marcas de producto con oferta continua. Como en un futuro próximo, según proyecciones del IRRI (1997), será difícil que la producción siga el ritmo de la demanda, deberá darse un espacio a los excedentes brasileños. Por ello atender la demanda de calidad, según la caracterización de Juliano (1993) y Unnevehr *et al.,* (1992) es decisivo.

Cada vez se necesita más una agricultura sostenible y según Francis (1991) las variedades deben también estar comprometidas con ese propósito. Se debe tener en cuenta que los cruzamientos realizados en este momento solo resultarán en variedades al final de una década. Ello hace crítica la visión del futuro y se hace fundamental entender la necesidad de evolucionar hacia una agricultura sostenible. Según Coffman y Smith (1991) el mejoramiento para sostenibilidad es, en particular, un proceso de adaptación de variedades al ambiente y no lo contrario, un cambio de ambiente para adecuarse a las variedades. Bajo este propósito los principales objetivos del mejoramiento deben relacionarse con tolerancia a estreses biológicos, químicos y físicos.

Para facilitar el manejo de la variabilidad genética y mantenerla en condiciones de uso y con alto potencial en términos de generación de cultivares, con frecuencia se adoptan dos procedimientos: el mejoramiento poblacional mediante la selección recurrente (Geraldi, 1997 y Morais, 1997) y el retrocruzamiento (Borém, 1997), este último para la introducción de genes en líneas elites. El mejoramiento poblacional es un método de uso común en las plantas alógamas. En arroz es relativamente reciente y puede considerarse como una herramienta muy poderosa para atender la demanda de los programas de mejoramiento por variabilidad genética que garantice posibilidades de ganancias por selección a corto, mediano y largo plazo. Las principales ventajas de ese método son altamente pertinentes para dar énfasis al manejo de la variabilidad genética que Geraldi (1997) resume como:

- Obtención de mayor variabilidad genética por intercruzamientos de múltiples progenitores.
- Mayores oportunidades de recombinación en función de los sucesivos cruzamientos.
- Mayor eficiencia para aumentar la frecuencia de genes favorables como consecuencia del proceso repetitivo y cumulativo de selección.
- Mayor facilidad de incorporación de germoplasma exótico.

El proyecto de mejoramiento poblacional mediante la selección recurrente —base fundamental del premejoramiento que se propone el programa de Embrapa Arroz e Feijão— aporta mayor madurez al mejoramiento genético que pasa de

atender las demandas actuales, muchas de ellas pasajeras y circunstanciales, a un trabajo de visión a mediano y largo plazo con mayores perspectivas de retorno para el país.

Selección Recurrente dentro del Programa de Mejoramiento

El proyecto de selección recurrente en arroz de tierras altas (secano) en Embrapa Arroz e Feijão es parte de una estructura organizacional mayor, en la cual representa sólo un seguimiento de la base del programa de mejoramiento, éste último relacionado con la construcción de variabilidad genética (Figura 1).

Cuando se inició el trabajo de selección recurrente en Brasil existían algunas dudas sobre la eficiencia de esa metodología, no en cuanto a sus marcos conceptuales, sino en cuanto a las dificultades para implementarla. En este capítulo se discuten algunas de ellas y se presentan alternativas para manejarlas con éxito.

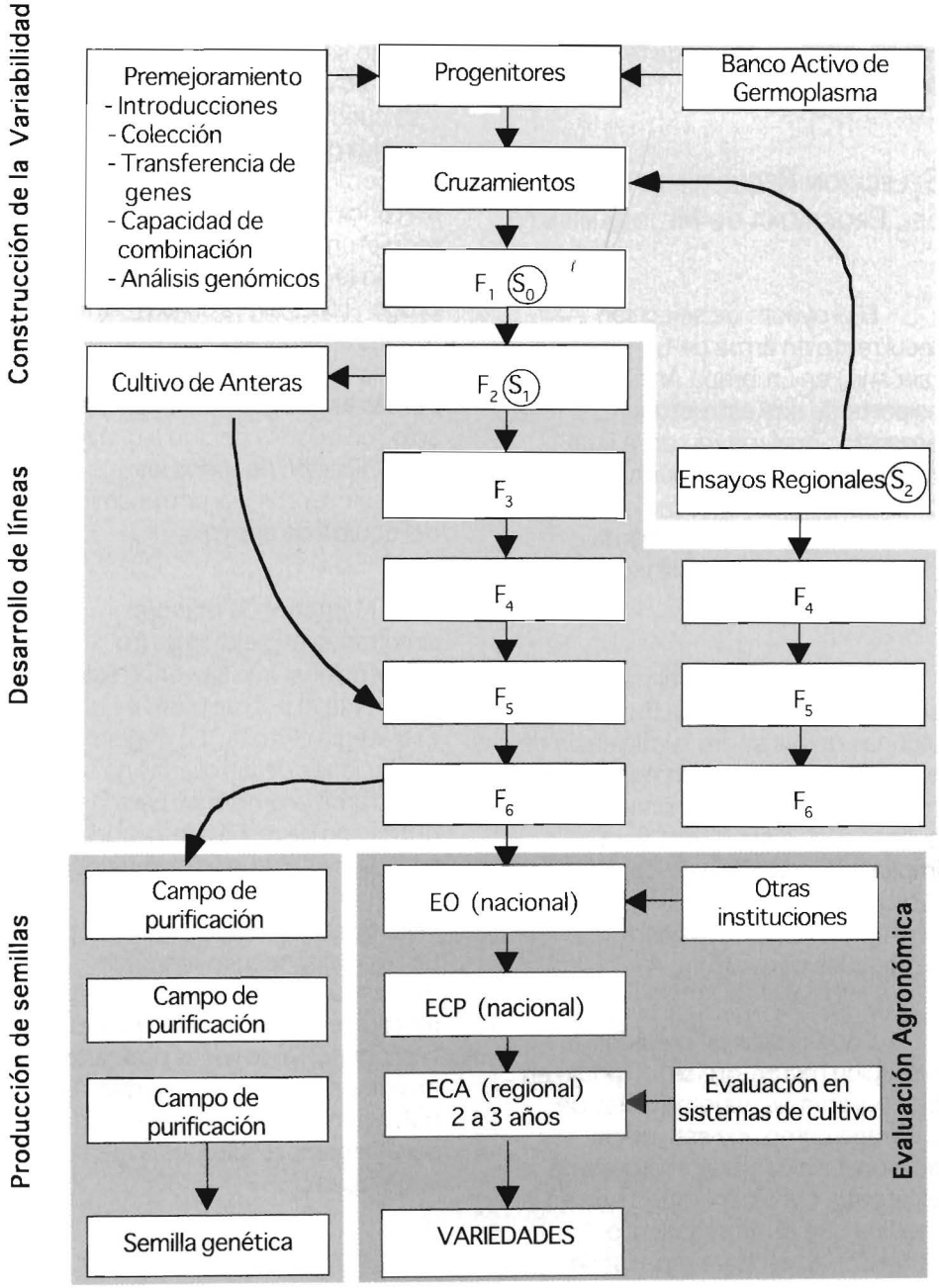
Dadas estas dificultades, la selección recurrente se introdujo en el programa de mejoramiento de Embrapa como una estrategia adicional sin cambiar el programa ya existente, pero esperando que en la medida que el mejoramiento poblacional resultara promisorio fuera ganando espacio e incluso se transformara en la alternativa prioritaria de manejo de la variabilidad genética.

Lo que se ha observado en el programa a lo largo del tiempo es un significativo crecimiento del proyecto de mejoramiento poblacional. El trabajo se inició con una población (CNA-IRAT 5); hoy se manejan ocho y se cuenta con la participación efectiva de numerosos colaboradores. Por otro lado, las metodologías convencionales no se redujeron; se mantuvieron los cruzamientos artificiales entre progenitores elites en los mismos niveles anteriores. El crecimiento del proyecto y el mantenimiento de las demás actividades de mejoramiento sólo fue posible debido a una intensa mecanización de todos los procedimientos y al entrenamiento del equipo de apoyo.

Mantener de manera simultánea el mejoramiento convencional que se venía realizando y añadirle el poblacional fue una estrategia exitosa. La mayoría de las poblaciones desarrolladas no se mostraron promisorias para la obtención de resultados a corto plazo y es bien sabido que es muy difícil sostener un programa de investigación en mejoramiento por un largo período sin producir resultados prácticos (variedades). El método convencional ha garantizado la producción de líneas promisorias en ese período, mientras que las poblaciones se están preparando para generar resultados a mediano y largo plazo.

El mejoramiento poblacional se ha manejado como una estrategia de generación de variabilidad genética útil para la producción de líneas fijas. Así se encuentra integrado al

Figura 1. Flujo de germoplasma en el Programa de Mejoramiento Genético de Arroz de Tierras Altas de Embrapa Arroz e Feijão.



programa general de mejoramiento buscando los mismos objetivos y con un flujo de materiales en ambos sentidos como se observa en la Figura 1. Las familias S_2 evaluadas en los ensayos llevados a cabo en la red nacional y que se consideran de interés, emigran a la generación segregante F_4 del programa convencional para seguir su exploración en la obtención de líneas fijas. Los materiales promisorios desarrollados en el programa, en general, se utilizan para introgresiones en las poblaciones. Esta estrategia busca dar un sentido único al programa de mejoramiento genético de Embrapa, al evitar un paralelismo entre los proyectos de exploración de la variabilidad genética del arroz.

Formación de Poblaciones

Cuando se planea ejecutar un proyecto de mejoramiento poblacional surge una serie de cuestiones que deben plantearse y resolverse para evitar resultados frustrantes. Entre ellas, las principales se relacionan con la formación de las poblaciones que definen sus potenciales para lograr los objetivos del caso. Las decisiones inadecuadas en esa etapa —algunas de las cuales se discuten a continuación en busca de un enfoque aplicado— resultan en una baja eficiencia del trabajo y desestimulan a los investigadores. Varios trabajos discuten a profundidad esos aspectos pero desde el punto de vista teórico (Paterniani y Miranda Filho, 1978; Hallauer y Miranda Filho, 1981; Chaves, 1997; Geraldi, 1997).

Número de poblaciones

La decisión sobre el número de poblaciones que se debe manejar dentro de un programa de mejoramiento genético depende obviamente de una serie de aspectos tales como infraestructura, número de investigadores, equipo de trabajo, base física, maquinaria y recursos financieros, entre otros. También depende del nivel de seguridad, del tiempo que se desea invertir para obtener los resultados y de la rutina anual de trabajo. Si se decide formar sólo una población y ésta no es adecuada, el programa podría pasar mucho tiempo sin ninguna contribución positiva.

Esa situación, en general, pueden entenderla a la perfección aquellos que trabajan directamente con el mejoramiento genético, pero no los administradores de las instituciones ni la población meta del trabajo más interesados en la obtención de resultados inmediatos. Así que para atender la demanda más inmediata de los agricultores es conveniente desarrollar poblaciones para producir resultados a corto plazo. Sin embargo, también es importante para el programa crear poblaciones para resultados a mediano y largo plazo con variabilidad genética más amplia, buscando recombinación entre individuos genéticamente más distintos y, en consecuencia, preparándose para los resultados del futuro.

Otro aspecto importante se relaciona con la necesidad de buscar estabilidad en las actividades

(volumen de trabajo), y en la demanda de mano de obra y de insumos a lo largo de los años agrícolas.

El flujo de actividades de la selección recurrente se basa en ciclos repetitivos con duración variable. Para el arroz de tierras altas (secano), en Goiânia, ese flujo ha sido de tres años para las distintas etapas realizadas en cada año (Cuadro 1).

La etapa de recombinación y la generación S_0, en especial cuando la primera se facilita por el uso de la androesterilidad genética, ocupan poco espacio físico y requieren muy poca mano de obra. En contraste, la evaluación de las familias S_2 involucra la preparación de ensayos (con muchas entradas, en general, más de 200), que ocupan mucho espacio en el campo y que se realizan en varias localidades. Ese desbalance de actividades de las diferentes etapas puede crear una situación tal, que en años de menor actividad el equipo se queda ocioso y en años de mayor actividad no es capaz de realizar todo el trabajo. Para evitar esto, en el PMGA de Tierras Altas de Embrapa se decidió trabajar tres poblaciones para cada sistema agrícola (secano y secano favorecido), ajustando el ciclo de cada una de tal manera que en cada año, todas las etapas ocurrieran de manera simultánea y se mantuviera a lo largo de los años un volumen constante de trabajo.

En el Cuadro 1 se observa que para el sistema de tierras altas (secano), a partir de 1998/99, las etapas de las diferentes poblaciones se encuentran sincronizadas. Todas las etapas ocurren de manera simultánea (evaluación, selección, avance y recombinación) en un mismo año y, sin embargo, son diferentes para cada población. Para secano favorecido esa sincronización de actividades ya venía ocurriendo, pero la frustración de una etapa creó la necesidad de una reorganización y uno de los ciclos se completó con la evaluación de las familias S_1 y no de las S_2 según lo programado, para restablecer el equilibrio en el año agrícola 2000/01.

Contar con actividades equilibradas a lo largo de los años es una necesidad genérica que debe buscarse siempre, aunque la manera de hacerlo depende mucho de las condiciones locales de cada programa. En los casos en que es posible efectuar los cruzamientos y multiplicar semillas de la generación S_1 en la intercosecha, el ciclo de selección se complementaria en dos años. En este caso con dos poblaciones, ajustando sus ciclos de recurrencia para que las evaluaciones de las familias S_2 ocurran en años alternados, se tendría el equilibrio de actividades deseado.

Otra alternativa que se podría buscar sería equilibrar las actividades del programa de selección recurrente con otras tareas de investigación en marcha. Las evaluaciones de familias S_2, en especial, podrían alternarse con otros ensayos igualmente trabajosos. Estos ejemplos sólo indican que cada investigador debe buscar sus propias alternativas.

Cuadro 1. Fases del ciclo de las poblaciones de arroz de tierras altas (secano) bajo el mejoramiento poblacional mediante la selección recurrente en Embrapa Arroz e Feijão, Goiânia, Brasil.

Año	Secano[1]			Secano favorecido			Especiales	
agrícola	CG1	CNA-6	CG3	CG2	CNA-10	CNA-7	CNA-8	CNA-9
97/98	S_1	S_1	Rec./S_0	S_2	S_1/S_2	Rec./S_0	S_1/S_2	S_1
98/99	S_2	Rec./S_0	S_1	Rec./S_0	Rec.	S_1/S_2	Rec./S_0	Rec.
99/00	Rec./S_0[2]	S_1	S_2	S_1	S_0/S_1	Rec./S_0	S_1/S_2	S_0
00/01	S_1	S_2	Rec./S_0	S_2	Rec./S_0	S_1	Rec./S_0	S_1/S_2
01/02	S_2	Rec./S_0	S_1	Rec./S_0	S_1	S_2	S_1/S_2	Rec./S_0
02/03	Rec./S_0	S_1	S_2	S_1	S_2	Rec./S_0	Rec./S_0	S_1/S_2

1. Rec.: Recombinación o etapa de cruzamientos; S_0: Selección de plantas individuales; S_1: Selección de familias S_1 (ensayo local); y S_2: Selección de familias S_2 (ensayos regionales).
2. Las actividades relacionadas en el lado izquierdo de la barra (/) se realizan en el período de intercosecha.

Cuadro 2. Naturaleza de los ciclos de selección recurrente a los cuales se sometieron las diferentes poblaciones dentro del Programa de Mejoramiento Poblacional de Arroz de Tierras Altas de Embrapa Arroz e Feijão.

	Ciclos de selección[1]		
Población	SM	S_1	S_2
CNA-6	1	1	-
CNA-7	2	-	1
CNA-10	1	-	1
CG1	1	1	1
CG2	-	-	1
CG3	-	-	-
CNA-8	1	-	1
CNA-9	-	2	-

1. SM: Selección masal; S_1: Prueba de familias S_1; S_2: Prueba de familias S_2.

Formas de recombinación

Los cruzamientos entre las familias seleccionadas es siempre una tarea difícil que exige cierta infraestructura de la cual muchas veces no se dispone, como invernaderos y personal entrenado particularmente en plantas autógamas, como en el caso del arroz. La posibilidad de utilizar el gen que controla la fertilidad masculina involucra muchas de esas dificultades y hace viable el uso del mejoramiento poblacional en arroz, convirtiéndolo así en un procedimiento muy popular en ese cultivo.

En el proyecto de mejoramiento poblacional de arroz de tierras altas (secano) de Embrapa se trabajan ocho poblaciones, cinco de ellas se han recombinado utilizando el control genético de la androesterilidad y el resto, a través de cruzamientos artificiales manuales.

Las ventajas de la androesterilidad están relacionadas con la facilidad para realizar los cruzamientos. Estos, que ocurren por la polinización cruzada natural y de manera aleatoria, involucran un gran número de individuos y crean la oportunidad de que se realicen todas las combinaciones entre progenitores con representatividad. Esos factores, que en general los fitomejoradores asumen como ciertos, en la práctica no siempre se realizan en su totalidad y se hacen necesarias algunas intervenciones para manejar algunas dificultades que se observan. Ejemplo de ello lo constituye la baja tasa de producción de semillas en las plantas androestériles; la coincidencia de floración entre plantas segregando para ciclo, en especial en las siembras más densas; y la selección natural contra plantas menos competitivas.

En las plantas androestériles, la producción de semillas por polinización cruzada natural arrojó una frecuencia entre 35% y 75% de esas plantas con más de 100 semillas fértiles. Así mismo, en una población se han observado variaciones que van de 1 a más de 300 semillas producidas en cada una de esas plantas, un aspecto que requiere decisiones importantes en cuanto a poblaciones se refiere.

Para obtener la cantidad de semillas prevista en la planeación del trabajo se debe sembrar un número de semillas que garantice la cosecha de una cantidad suficiente de las plantas de interés. Para esta planeación se ha considerado un número medio de 50 semillas aunque por varios años se han obtenido alrededor de 100. Esa cifra es fundamental para decidir sobre el número de semillas que se va a manejar en las diferentes fases del ciclo de selección recurrente.

Para que cada planta contribuya de manera similar a la generación siguiente —reduciendo así el efecto de la selección natural en la dirección de plantas más competitivas y más aptas para cruzar— se optó por establecer un techo máximo de semillas para aprovechar en cada planta. Se considera que alrededor del 60% de las plantas tienen que atender a ese aspecto, agregando todas las semillas de cada una de aquellas plantas que logre tal techo. Una producción de alrededor del 70 a 75 de semillas por planta androestéril es la situación que se observa comúnmente.

Debe buscarse la coincidencia de floración entre plantas de una población que esté segregando para ciclo. De esta manera se permite que plantas de diferentes ciclos puedan combinarse entre sí en búsqueda de una recombinación más completa y representativa. En ese sentido lo que se ha hecho es escalonar la siembra de surcos sucesivos con intervalos de una semana, en tres fechas, para lograr

que plantas con diferencia de ciclo de hasta dos semanas estén unas junto a otras.

Para reducir el efecto de la selección natural durante la etapa de recombinación en el campo, las plantas se disponen bien individualizadas y equidistantes. Se utilian 0.30 m entre surcos y 0.15 m entre plantas dentro de los surcos. Las poblaciones recombinadas a través de cruzamientos manuales siguen el esquema de dialélico circulante propuesto por Cruz y Regazzi (1994).

Variabilidad genética

La base genética estrecha y sus consecuencias, tanto desde el punto de vista de la sostenibilidad del proceso productivo como de las limitaciones en las ganancias por selección, son una preocupación cada vez mayor de los PMGA. En general, algunos autores han tratado el problema y recomiendan que se haga un esfuerzo para ampliar la base genética de esos programas. En arroz de tierras altas (secano) Guimarães (1993) y Montalván *et al.*, (1998) señalaron la existencia del problema.

La ampliación de la variabilidad genética a través de los programas de selección recurrente es muy apropiada tanto por la facilidad de introducir la variabilidad deseada, como por las amplias posibilidades de recombinación que ofrece con el germoplasma adaptado. En esto último, se recomienda tener mucho cuidado con la amplitud de esa variación y su efecto sobre el comportamiento medio de las poblaciones resultantes. Geraldi (1997) y Chaves (1997) analizan algunos de esos cuidados que, entre otros, se discuten a continuación.

La población resultante de un proceso de ampliación de variabilidad debe tener un promedio alto de comportamiento para los caracteres de importancia y alta variabilidad para aquellos con relación a los cuales se desea tener ganancias por selección. De otro lado, para los caracteres que no se desean cambiar lo ideal es tener menor nivel de variabilidad para no perder la eficiencia en la selección ya que, cuanto mayor es el número de caracteres que se pretende combinar, menor la frecuencia de las plantas que los detendrán y menor aún cuanto mayor es la variabilidad de los mismos. Esa orientación, de carácter genérico, se considera de mayor importancia cuando más rápido se pretende obtener los resultados.

Cuando la demanda por resultados es muy alta, al crear sus poblaciones el fitomejorador deberá enriquecerlas de variabilidad y considerar los siguientes cuidados:

- Tener una idea clara y objetiva de los caracteres que va a mejorar.
- Evitar la utilización de líneas no adaptadas.
- Conocer la capacidad general y específica de combinación de los materiales que se están combinando.

- Conocer las líneas en cuanto su comportamiento *per se*.
- Saber que la frecuencia inicial de un alelo favorable depende de la frecuencia de los progenitores que lo poseen.
- Ser consciente de que cuanto mayor es el número de progenitores utilizados, menor es la expectativa de media para un determinado carácter y mayor la variabilidad.

En resumen, una población en la cual se buscan resultados a corto plazo se caracterizará por un buen comportamiento agronómico; estar constituida por un número relativamente pequeño de progenitores, ser de buen comportamiento y tener poca variabilidad para los caracteres de poca importancia y alta variabilidad genética para los caracteres que se van a mejorar. De una población de estas características se esperan resultados rápidos aunque será una población de vida útil corta.

Por otro lado, un programa de mejoramiento no sobrevive a mediano y largo plazo si no se prepara para ello. A pesar de que una base genética algo estrecha tiene ventajas en la generación de resultados a corto plazo, es cierto que lleva el programa a la muerte a mediano y largo plazo. Lo que se observa en la actualidad es un crecimiento del número de caracteres trabajados de manera simultánea, con límites muy estrechos de exigencia para la expresión de cada cual en la obtención de variedades comerciales. Como el número de progenitores que atiende una exigencia tan fuerte es estrecho, el resultado esperado es un fuerte estrechamiento de la base genética del programa y, en consecuencia, pérdida de competitividad. Una solución para este problema es preparar las poblaciones del futuro. Esas poblaciones se caracterizan por la amplia variabilidad genética y porque involucran germoplasma poco adaptado, incluso con introgresiones interespecíficas. Al principio el comportamiento medio de esas poblaciones es muy bajo y el fitomejorador debe estar preparado para no desecharlas.

Manejo de Poblaciones

Ciclos de selección

Los trabajos con las poblaciones de arroz de tierras altas (secano) siguieron diferentes estrategias de acuerdo con las características particulares de cada una, y contemplaron la posibilidad de alteraciones en la medida en que se modificaran o que otros procedimientos resultaran más apropiados. De manera general, todas las poblaciones se condujeron en sus primeros ciclos de selección a través de la selección masal, con ciclos de recurrencia de un año (Cuadro 2). Se seleccionaron plantas individuales en la siembra de verano y cruzamientos en invierno, con recombinación a lo largo de dos ciclos sucesivos. Ese procedimiento mostró ser muy eficiente en la etapa inicial de las poblaciones en función de la presencia de muchos caracteres

inútiles o deletéreos, de alta heredabilidad y fácilmente desechables por la simple selección de plantas individuales que hicieron innecesarias evaluaciones de familias para ese objetivo.

En la actualidad las poblaciones se conducen en ciclos de tres años, tiempo necesario para crear condiciones para las evaluaciones de familias en varias localidades. El énfasis del programa se cambia de caracteres cualitativos a cuantitativos para lo cual se necesitan evaluaciones de mayor precisión. En caso de que la semilla cosechada en una planta individual seleccionada en la generación S_0 resulte suficiente para los ensayos multilocales, no serán necesarios tres años y las evaluaciones pertinentes se ejecutarán en la generación S_1. Tal necesidad de semilla tiene que suplirse con la siembra de las familias S_1 aprovechando la oportunidad para realizarse una selección entre y dentro de esas familias. Esa selección no tiene la eficiencia de los ensayos multilocales pero seguirá efectuándose mientras se observe ganancias que así lo justifiquen.

Introgresiones

Al mismo tiempo que se trabajan las poblaciones es posible percibir sus debilidades y es necesario corregirlas. Tales debilidades pueden ser ciclo inadecuado, porte de planta muy alto, mala calidad de grano y poca variabilidad genética para determinado carácter importante, etc. La introgresión de genes en esas poblaciones, a través de cruzamientos entre ellas y fuentes especificas de los caracteres de interés, es una manera de solucionar esos problemas. Si no se siguen ciertas precauciones pueden crearse otros problemas muy graves. Las técnicas para efectuar los cruzamientos con la poblaciones las discute Borrero *et al.*, (1997).

El primer cuidado que se debe tener con las introgresiones es no utilizar progenitores que no se combinen bien con la población. Por lo tanto, es necesario efectuar las evaluaciones previas de capacidad de combinación. Si la capacidad de combinación es adecuada, se debe definir la participación porcentual del germoplasma en introgresión en la población. Esta participación debe analizarse en cada caso, y puede ser mayor cuando la intención es construir una nueva población y menor cuando se tratar solamente de una medida de corrección de la población en mejoramiento. En este caso, esa participación debe situarse en un nivel que no comprometa las ganancias obtenidas en ciclos anteriores de selección.

En el PMGA de Tierras Altas de Brasil se ha cruzado los progenitores de interés con una muestra de la población cuando se realizan los cruzamientos normales para su recombinación. Las evaluaciones de la capacidad de combinación se realizan de manera conjunta con los respectivos ensayos de familias S_1 y S_2 de la propia población, en cuya secuencia siguen las introgresiones efectivas en la etapa de cruzamientos. Cuando ocurren

introgresiones en estas poblaciones se sitúan en niveles de alrededor de 10% de participación.

Morais (comunicación personal) planteó una alternativa interesante que permite la introgresión de genes en el mismo germoplasma no adaptado o de baja capacidad de combinación en la población. Sugiere la utilización de retrocruzamientos para la población de tal manera que los genes de interés se introduzcan pero con una pequeña participación del progenitor donante.

Manejo de semillas

El manejo de las semillas de una población en diferentes fases de su ciclo de recurrencia debe planearse bien para dar seguridad al trabajo y garantizar que las fases que siguen se puedan realizar a cabalidad. Las pérdidas eventuales de las plantas en el campo en un determinado año, no pueden arriesgar un trabajo de mediano o largo plazo por falta de semilla remanente convenientemente almacenada. Una cantidad inadecuada de semilla puede comprometer la precisión de los ensayos y la intensidad de selección programada.

Cada programa debe tener su propia estrategia de manejo de semillas. Los procedimientos utilizados en el PMGA de Tierras Altas de Embrapa se incluyen en el recudro. Es válido recordar aquí que se conducen dos categorías de poblaciones para las cuales el manejo de semillas es un poco diferente: aquellas recombinadas con el uso de la androesterilidad genética e identificadas con el código inicial de CNA, y aquellas recombinadas a través de cruzamiento artificial manual e identificadas con el código inicial CG.

Resultados

De acuerdo con lo anterior, se han conducido ocho poblaciones a través de la selección recurrente y tal como se observa en el Cuadro 2 las estrategias usadas en los ciclos de selección han sido diferentes. La población CG1, por ejemplo, tiene tres ciclos de selección concluidos hasta el momento conducidos de la siguiente manera:

- Primer ciclo: se completó en un año y se trabajó con la estrategia de selección masal.
- Segundo ciclo: se completó en dos años y se basó en la selección de familias S_1.
- Tercer ciclo: se extendió por tres años y se basó en evaluaciones de familias S_2, conducidas en varias localidades (Cuadro 2).

Desde el principio las poblaciones CG2 y CG3 se conducen en el esquema de familias S_2, en función del buen comportamiento general de la población. En la composición de esas poblaciones —y también en de la CG1— la casi totalidad de los progenitores involucrados se evaluados previamente y sólo se aprovecharon en función de su buen comportamiento. En las demás

Manejo se semillas en el Programa de Mejoramiento Genético de Arroz de Tierras Altas de Embrapa

Semillas CG	Semillas CNA
Recombinación	
Se espera tener 6000 plantas en el campo; disponer de 960 plantas androestériles (16%) y cosechar 500. Cada una producirá un promedio de 60 semillas para un total de 30,000. Veinte mil se siembran en S_0 y el resto se almacena como garantía hasta la cosecha respectiva.	Cincuenta (50) familias para combinar cada una, con tres para un total de 150 cruzamientos manuales. Se siembran cinco plantas por pote, una de cada planta seleccionada de la S_1. Cada planta hembra debe recibir polen del mayor número de plantas del pote macho. Se deberá obtener un mínimo de 50 semillas por hembra: 25 se siembran como S_0 y 25 se almacenan como reserva hasta la cosecha de S_0.
Generación S_0	
Siembra de 20,000 plantas en el campo con baja densidad de 12 semillas/m, que facilita la selección de plantas individuales, y preferiblemente, intercalando franjas de esparcidores. De esas plantas, cerca de 13,200 serán fértiles (66.7%), que sometidas a una intensidad de selección de 5% arrojan cerca de 600 plantas seleccionadas. Se deben cosechar todas las semillas de cada planta que se va a utilizar el año siguiente para los ensayos de familias S_1. Para estas parcelas, de cuatro surcos de 2.5 m, sin replicación, serán necesarias 200 semillas (20 semillas/m). La semilla de una panícula se reserva para pruebas de calidad de grano. La prioridad de las semillas será para familias S_1 para pruebas de calidad de granos.	Siembra de 12,500 plantas en el campo. Veinticinco semillas de cada planta hembra cosechada se siembra en un único surco de 2.5 m (10 semillas/m). Ciento cincuenta (150) combinaciones y cinco hembras para cada una, totalizan 750 surcos de 2.5 m que deben corresponder a 18,750 plantas. Sino se dispone de semilla de todas las plantas hembras y sino germinan todas, resultará una población final de alrededor de 12,500 plantas. Debe utilizarse franjas de esparcidores en la siembra con una intensidad de selección de 5%; se seleccionarán cerca de 600 plantas individuales. Se cosechan todas las semillas de cada planta y la de una panícula se utilizará para pruebas de calidad de grano. Las demás de cada planta se utilizan para siembra de las familias S_1 (cuatro surcos de 2.5 m sin repetición), con un gasto previsto de 200 semillas (20 semillas/m). Por lo menos 100 semillas se almacenan como reserva hasta la cosecha de la S_1. La prioridad de la semilla es para el ensayo S_1 en relación con las pruebas de calidad de grano.
Generación S_1	
En esta generación los procedimientos son similares para todas las poblaciones. Las familias de las plantas individuales se evalúan en bloques aumentados de Federer, con parcelas de cuatro surcos de 2.5 m y 20 semillas/m. De manera visual se seleccionan las mejores parcelas y de ellas las cinco mejores plantas, en particular, para granos. De cada una se toman dos panículas para un total de 10 que se almacenan en cámara fría, sin trillar, en espera de los resultados de las evaluaciones de las familias S_2. El área útil de las parcelas seleccionadas se cosecha y se pesa, lo mismo que los testigos de los bloques que tengan familias escogidas. Para los cinco ensayos S_2 se requiere un mínimo de 300 g y una reserva de 100 g que se desechan después de la cosecha de la S_2. Si el área útil no es suficiente se cosecha el borde y, si es el caso, se efectúa una multiplicación en la intercosecha.	
Generación S_2	
En esta etapa los procedimientos también son similares para todas las poblaciones. Las familias se evalúan en cinco ensayos regionales, en bloques aumentados de Federer, en parcelas de cuatro surcos de 5.0 m y 60 semillas/m. Así se dispone de 1200 semillas por ensayo (40 g), más 100 semillas para prueba de resistencia a piricularia. Se eligen las familias con potencial para extracción de líneas para participar en el programa convencional de mejoramiento, en la generación F_4 (ocho líneas de 5.0 m = 1000 semillas). Con base en los análisis conjuntos de los ensayos regionales se seleccionan las 50 a 80 mejores familias. Se desechan las semillas de las cinco plantas S_1 de las familias que no se seleccionaron. En esta fase se toma una muestra para representar el ciclo de selección con una muestra de 100 semillas de cada planta S_1 de las familias S_2 escogidas y mezcladas. Esa muestra se almacena en cámara fría por plazo indeterminado. Con 50 familias y cinco plantas seleccionadas de S_1 se obtienen 25,000 semillas muestreadas (750 g).	
El nuevo ciclo se inicia con la recombinación y procedimientos diferentes para semillas CG y CNA.	
Se toman 60 semillas de cada planta S_1 que resultan en 15,000 semillas, considerando cinco plantas y 50 familias. Para tener una población de 6000 plantas para recombinación se deben sembrar 8000 semillas reservando 7000 hasta la cosecha de esa recombinación.	Se toma una semilla de cada panícula y se siembra en un pote desbastando para cinco plantas. Tal operación debe repetirse para los potes de plantas hembras y polinizadoras que se tengan que sembrar. Se deben guardar las semillas remanentes de la panícula hasta que hayan concluido los cruzamientos y se tenga cosechado la generación S_0.

poblaciones, los progenitores se escogieron en función de una característica en particular, independiente de que fuera adaptado o no, como por ejemplo la CNA-6 en la cual se buscó germoplasma tolerante a la sequía. Los resultados de ese procedimiento fueron poblaciones con variabilidad genética alta pero muy mal adaptadas, con un fuerte compromiso de su rendimiento de granos y, en general, con tolerancia a las enfermedades. Para estas poblaciones fue necesario iniciar el programa de selección recurrente con procedimientos más simples y rápidos, como el de la selección masal, buscando eliminar la variabilidad inútil presente.

Los Cuadros 3 y 4 presentan un resumen de los resultados obtenidos hasta el momento para las poblaciones CNA-10, CNA-7, CG1, y CG2 que ya pasaron por un ciclo completo de selección basado en evaluaciones de familias S_2 conducidas en varias localidades. Para las poblaciones CNA-7 y CNA-10 se puede observar que la productividad media de sus familias S_2, de ambas, en ensayos conducidos en tres y cinco localidades, respectivamente, fue muy inferior a la media de los testigos utilizados en los mismos ensayos (Cuadro 3). La probabilidad de se obtener una familia con rendimiento de granos superior a los testigos fue también muy baja para ambas: 1.6% para la CNA-10 y 0.7% para la CNA-7. Si se considera también el bajo desempeño en cuanto a enfermedades, en especial, manchado de grano, la probabilidad de obtener una línea promisoria sería muy cercana a cero. Tal situación sería más desalentadora si se consideraran problemas como porte de planta, calidad de grano y tipo de planta, entre otros. Esas poblaciones ciertamente deben ser conducidas dentro de una perspectiva de ganancia a largo plazo.

Para las poblaciones CG1 y CG2 la situación es bien diferente (Cuadro 4). El rendimiento de granos media de las familias S_2 de las poblaciones, en cuatro y cinco localidades del territorio nacional, respectivamente, estuvo por debajo y sin embargo, próxima a las obtenidas en la media de los testigos. En ambos la media de las familias seleccionadas fue absolutamente similar a la obtenida por los respectivos testigos, en ese caso la media de cuatro variedades comerciales de alto rendimiento de granos. La probabilidad de obtener una familia con productividad superior a de la media de los testigos fue de 24.2% y 17.8% para la CG2 y CG1, respectivamente. En la medida en que las familias seleccionadas fueron más precoces que los respectivos testigos y similares a ellas para la tolerancia a la mayoría de las enfermedades, las superaron en ciertos casos. Esas poblaciones ya están produciendo familias para extracción de líneas dentro del programa convencional de mejoramiento.

Para el año 2000/01 se planea la siembra de 82, 71, y 9 familias en las generaciones F_4, F_5, y F_6, respectivamente, la mayoría originaria de esas dos poblaciones.

Cuadro 3. Comportamiento de las poblaciones CNA-7 y CNA-10 después de un ciclo de selección recurrente entre famílias S_2.

Población[1]		Rendimiento de granos (kg/ha)	Floración (días)	Altura de planta (cm)	Acame[2]
	P	1843	89	115	1.9
CNA-10	PS	2208	88	115	1.9
	T	3061	89	107	2.1
Prob. (Pi > T)		1.59%			
	P	2403	92	114	2.4
CNA-7	PS	2572	88	107	1.7
	T	3329	97	104	2.7
Prob. (Pi > T)		0.68%			

1. P: Media de las familias de la población; PS: Media de las familias seleccionadas; T: Media de los testigos; y Prob. (Pi > T): Probabilidad de que una familia supere la media de los testigos.
2. Acame expresado en una escala de 1 a 9, donde 1 significa ausencia de éste y 9 más de 80% de plantas volcadas (IRRI, 1988).

Cuadro 4. Comportamiento de las poblaciones CG1 y CG2 después de un ciclo de selección recurrente entre familias S_2.

Población[1]		Rendimiento de granos (kg/ha)	Floración (días)	Altura de planta (cm)	Acame[2]
	P	2891	81	110	2.3
CG2	PS	3187	81	109	2.4
	T	3186	90	96	1.8
Prob. (Pi > T)		24.2%			
	P	3510	71	123	3.7
CG1	PS	3816	71	121	3.1
	T	3893	74	122	4.2
Prob. (Pi > T)		17.8%			

1. P: Media de las familias de la población; PS: Media de las familias seleccionadas; T: Media de los testigos; y Prob. (Pi > T): Probabilidad de que una familia supere la media de los testigos.
2. Acame expresado en una escala de 1 a 9, donde 1 significa ausencia de éste y 9 más del 80% de plantas volcadas (IRRI, 1988).

Planes Futuros

Los resultados obtenidos hasta el momento son estimulantes, en especial con relación a aquellas poblaciones creadas con base en progenitores escogidos debido a su buen comportamiento. Con respecto a las poblaciones con problemas de adaptación se han observado ganancias importantes para aquellos caracteres de alta heredabilidad y que se consideran defectos de la población. El manejo de éstas, sin embargo, requiere paciencia en su conducción y perspectivas de resultados a más largo plazo, pues su comportamiento general aun está lejos de ser competitivo con los testigos.

El PMGA de Tierras Altas de Brasil continuará sus ensayos con las ocho poblaciones trabajadas hasta el momento. Además, a corto plazo deberá intensificar la extracción de líneas a partir de las mejores familias S_2 evaluadas en los ensayos multilocales dando prioridad a las poblaciones más promisorias como son las CG1, CG2, y CG3.

En los próximos años se iniciará la estrategia de formación de poblaciones de 'vida corta' para luego de explorarlas de manera intensiva para la extracción de líneas, desecharlas. Esas poblaciones se van a formar mediante la combinación de un número pequeño de familias (alrededor de 4 ó 5) de la población considerada de alto potencial.

Conclusiones

La experiencia con un proyecto de mejoramiento poblacional para el arroz de Tierras Altas en Brasil permitió concluir lo siguiente:

- El programa de mejoramiento poblacional mediante la selección recurrente se encuentra inmerso en una estructura organizacional mayor, donde representa un seguimiento en la estrategia de construcción y exploración de la variabilidad genética.
- El mejoramiento poblacional debe considerarse como una metodología dinámica donde el nivel de precisión de las evaluaciones, extensión de los ciclos e introgresión de variabilidad genética van depender del comportamiento de la población y de su momento.
- El nivel de la variabilidad genética deseable en una población debe tener en cuenta su relación negativa con el comportamiento medio de esa población y la rapidez de respuesta a la selección.
- Se están conduciendo ocho poblaciones dentro del PMGA, tres de ellas para secano y tres para secano favorecido, con sus ciclos sincronizados para que cada año ocurran todas las etapas de los ciclos de recurrencia de manera simultánea y para que a lo largo de los años haya una estabilidad de las actividades. Las otras dos poblaciones se trabajan para atender objetivos específicos.

- De las ocho poblaciones conducidas en tierras altas (secano), cinco han sido recombinadas con el recurso del control genético de la androesterilidad y las demás mediante cruzamientos artificiales realizados manualmente.
- El manejo de las semillas de una población, en diferentes fases de su ciclo de recurrencia, debe planearse bien en el sentido de dar seguridad al trabajo y garantizar que las fases que se suceden puedan realizarse plenamente.
- En la recombinación, que se realiza en la intercosecha, se han obtenido entre 35% y 75% de plantas androestériles con más de 100 semillas/planta. El promedio general estuvo entre 60 y 75 semillas por planta.
- Las poblaciones sintetizadas a partir de progenitores previamente evaluados para adaptación agronómica se muestran más promisorias para la extracción de líneas que aquellas formadas por progenitores de méritos sólo específicos.

Referencias

Borém, A. 1997. Melhoramento de plantas. Universidade Federal de Viçosa (UFV), Viçosa, Brasil. 547 p.

Borrero, J.; Ospina, Y.; Guimarães, E. P.; y Chatel, M. 1997. Ampliación de la base genética de los acervos de arroz, mediante la introducción de variabilidad. En: Guimarães, E. P. (ed.). Selección recurrente en arroz. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. p. 55-66.

Chaves, L. J. 1997. Criterios para escoger progenitores para un programa de selección recurrente. En: Guimarães, E. P. (ed.). Selección recurrente en arroz. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. p. 13-24.

Coffman, W. R. y Smith, M. A. 1991. Roles of public, industry, and international research center breeding programs in developing germplasm for sustainable agriculture. En: Sleper, D. A.; Barker, T. C.; y Bramel-Cox, P. J. (eds.). Plant breeding and sustainible agriculture: Consideration for objectives and methods. University of Wisconsin, Madison, USA. p. 1-9.

Cruz, C. D. y Regazzi, A. J. 1994. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Universidade Federal de Viçosa (UFV), Viçosa, Brasil. 390 p.

Evenson, R. E. 1998. Rice varietal improvement and international exchange on rice germoplasm. Proceedings of the International Conference on the Impact of Rice Research 1996. Bangkok, Thailand. p. 51-78.

Francis, C. A. 1991 Contribution of plant breeding to future cropping systems. En: Sleper, D. A.; Barker, T. C.; y Bramel-Cox, P. J. (eds.). Plant breeding and sustainible agriculture: Consideration for objectives and methods. University of Wisconsin, Madison, USA. p. 83-93.

Ferreira, C. M. y Yokoyama, L. P. 1999. Cadeia produtiva do arroz na região do centro-oeste. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuaria (EMBRAPA)-Secretaria de Produção de Informaçao (SPI), Brasília, Brasil. 110p.

Guimarães, E. P. 1993. Brazilian upland rice breeding network: varietal release, time span, and yield increase. Int. Rice Res. Notes 18(4):20-21.

Geraldi, I. O .1997. Selección recurrente en el mejoramiento de plantas. En: Guimarães, E. P. (ed.). Selección recurrente en arroz. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. p. 3-11.

Hallauer, A. R.y Miranda Filho, J. B. 1981. Quantitative genetics in mayze breeding. Iowa State University Press, Iowa, USA. 468 p.

IRRI (International Rice Research Institute). 1998. Standard evaluation system for rice. 3a. ed. Los Baños, Philippines. 54 p.

IRRI (International Rice Research Institute). 1997. Rice Facts. Los Baños, Philippines. Folder.

Juliano, B. O. 1993. Rice in human nutrition. FAO and Food Nutrition Series, N° 26. International Rice Research Institute. Los Banõs, Philippines. 162 p.

Montalván, R.; Destro, D.; Silva, E. F. da; y Montaño, J. C. 1998. Genetic base of Brazilian upland rice cultivars. J. Genet. Breed. 52:203-209.

Morais, O. P. de. 1997. Tamaño efectivo de la población. En: Guimarães, E. P. (ed.). Selección recurrente en arroz. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. p. 25-44.

Paterniani, E. y Miranda Filho, J. B. 1978. Melhoramento de populações. En: Paterniani, E. y Viegas, G. P. (eds.). Melhoramento e produção do milho no Brasil. Fundação Cargil, Campinas, Brasil. p. 202-256.

Unnevehr, L. J.; Duff, B.; y Julian, B. O. 1992. Consumer demand for rice grain quality. Interantional Rice Research Institute, Los Baños, Philippines. 248 p.

Capítulo 15

Mejoramiento Poblacional del Arroz de Sabanas



Yolima Ospina

Yolima Ospina[1]
Marc Chatel[2]
Elcio P. Guimarães[3]

[1]Asistente de investigación del Proyecto Arroz del Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Apdo. Aéreo 6713, Cali, Colombia; Correo electrónico:y.ospina@cgiar.org; [2]Investigador del Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement (CIRAD), Francia, en el Proyecto Arroz del CIAT; [3]Investigador de Embrapa Arroz e Feijão de la Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuaria (EMBRAPA), Caixa Postal 179, 75375-000 Santo Antonio de Goiás, Goiás, Brasil, apoyado por el CNPq

Contenido

Resumen

Abstract

Introducción

Introducción y Caracterización de Germoplasma

Desarrollo de Nuevas Poblaciones para las Sabanas

Selección Recurrente para Suelos Ácidos

Selección Recurrente para Piricularia y VHB

Desarrollo de Líneas

Planes Futuros

Referencias

Resumen

El Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Colombia, y el Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement (CIRAD), Francia, trabajan en un proyecto colaborativo para el mejoramiento poblacional del arroz de secano para América Latina. El objetivo principal es desarrollar poblaciones que sean fuente de nuevos progenitores y líneas fijas para características específicas requeridas por los programas nacionales de la región. Para ello introdujeron, caracterizaron y crearon acervos genéticos y poblaciones de los cuales extrajeron líneas para mostrar el potencial de la estrategia que, además de producir poblaciones mejoradas, se puede utilizar como fuente de nuevas variedades. Se incluyen dos ejemplos donde se emplea el mejoramiento poblacional. Para la reacción a suelos ácidos, la evaluación y la selección se basa en familias $S_{0:2}$ y para las enfermedades piricularia y virus de la hoja blanca (VHB) en la selección masal de plantas estériles y fértiles S_0, con selección en los dos sexos. En ambos casos los resultados son estimulantes y muestran el potencial de la selección recurrente en arroz. El propósito del proyecto es continuar con el mejoramiento poblacional para las características mencionadas, adelantar estudios de ganancias genéticas, y seguir apoyando los programas nacionales en sus necesidades de avance de generación y creación de nuevas poblaciones.

Upland-Rice Population Improvement

Abstract

The Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Colombia, and the Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement (CIRAD), France, are collaborating to improve upland-rice populations for Latin America. The main goal is to develop populations for use as sources of new progenitors and fixed lines with the specific traits required by the region's national programs. To achieve this, the international centers introduced, characterized, and developed new gene pools and populations from which lines were derived, showing the potential of the method to produce improved populations that can act as sources for new varieties. Two examples of using recurrent selection were (1) for reaction to acid soils, evaluation and selection were based on $S_{0:2}$ families; and (2) for the diseases rice blast and "hoja blanca" (white leaf), mass selection of sterile and fertile S_0 plants was used, selecting for both sexes. For both cases, results were impressive and highlighted the potential of recurrent selection for rice. Future work will continue with population improvement for the traits mentioned, include studies to determine genetic gains, and continue supporting national programs in advancing segregating generations and creating new populations.

Introducción

El mejoramiento genético ha logrado obtener ganancias significativas para diversas características en gran variedad de cultivos en el transcurso de este siglo. Sin embargo, esos avances se han logrado a expensas de una reducción en la diversidad de los genes presentes en los acervos genéticos ya que sólo una fracción muy pequeña de ellos se selecciona para conformar las variedades. La literatura ofrece ejemplos en avena (Souza y Sorrells, 1989), soya (Delannay *et al.*, 1983) y arroz (Cuevas-Pérez *et al.*,1992).

Un efecto importante de la limitada diversidad genética es que se reducen las posibilidades de ganancias adicionales con la selección ya que se trabaja con un conjunto genético de tamaño limitado (Hanson, 1959). Para seguir obteniendo ganancias, una alternativa es incrementar las posibilidades de intercruzamientos entre las líneas escogidas.

Por ello, para aumentar las ganancias genéticas en características como rendimiento de granos en el cultivo del arroz, se podría utilizar una metodología que permita explorar una base genética inicial más amplia y que no la agote a corto plazo. Esto significa emplear el mejoramiento poblacional mediante la selección recurrente. El método es una técnica de mejoramiento que según Ikehashi y Fujimaki (1980) favorece el aumento de la frecuencia de genotipos favorables en una población a través de ciclos de evaluación, selección e intercruzamientos. Como lo mencionan Paterniani y Miranda-Filho (1987), en la población inicial o base se utiliza una muestra identificada como de mayor valor genético que la media de la respectiva población para los objetivos buscados, con la finalidad de reproducirla y formar la población mejorada base para el nuevo ciclo.

El Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Colombia, y el Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement (CIRAD), Francia, vienen trabajando en nuevas estrategias de mejoramiento enfocadas al desarrollo y mejoramiento de poblaciones como fuente de nuevos progenitores y líneas fijas para características específicas que requieren los programas nacionales de arroz de América Latina. Con este propósito se está desarrollando un proyecto que utiliza el método de selección recurrente.

Para iniciar el proyecto colaborativo entre estas instituciones en 1992 se introdujeron a Colombia, de Brasil y Guyana Francesa, acervos genéticos y poblaciones segregando por un gen recesivo de androesterilidad (Chatel *et al.*, 1997). Se buscaba incrementar las actividades en mejoramiento poblacional en la región que se iniciaron con el trabajo de Guimarães *et al.* (1995a).

Los principales objetivos de esos trabajos son:

- Evaluar la adaptación de los germoplasmas introducidos a condiciones de suelos ácidos.
- Mantener activos los gemoplasmas introducidos y mejorados.
- Identificar genotipos fértiles adaptados para posible desarrollo de líneas fijas.
- Iniciar las etapas del proceso de selección recurrente para piricularia y el VHB.
- Crear nuevas poblaciones con incorporación de líneas adaptadas del proyecto de mejoramiento de arroz de sabanas del CIAT.

Los fitomejoradores consideran la estrategia de mejoramiento poblacional como una nueva herramienta genética que deberá incorporarse a los programas de arroz de la región. Para que el método sea útil debe partir preferiblemente de poblaciones de amplia base genética.

Desde 1995 el proyecto de mejoramiento poblacional de arroz de secano se ha concentrado en particular en mejorar los acervos genéticos y las poblaciones para características como tolerancia a suelos ácidos, resistencia a piricularia, precocidad, rendimiento y calidad de grano.

Como se mencionó antes, en general, los trabajos se dedican a desarrollar germoplasmas con amplia base genética con la finalidad de concentrar en ellos los genes de interés y mantener la variabilidad genética. Para ello éstos se someten a una baja presión de selección con el fin de mantener la amplia variabilidad, y los genes para la adaptación del germoplasma, a diferentes condiciones ambientales.

Las actividades de mejoramiento poblacional se vienen desarrollando desde 1993 en dos estaciones experimentales:

- Estación Experimental La Libertad (EELL), Villavicencio, Meta, en el primer semestre (abril a septiembre).
- Estación Experimental de Palmira (EEP), Palmira, Valle, en el segundo semestre (octubre a marzo).

La primera se caracteriza por presentar condiciones muy cercanas a las ideales para trabajar con suelos ácidos y piricularia. La segunda se utiliza para avance de generaciones segregantes y para la etapa de intercruzamentos. Para algunas características como VHB y calidad de grano esta última es una localidad muy útil.

En este trabajo se describen los resultados positivos obtenidos con la conducción de algunas poblaciones en el contexto del proyecto colaborativo CIAT/CIRAD. Estos son un estímulo para el desarrollo de nuevos trabajos en la región que involucren el mejoramiento poblacional en arroz de secano.

Introducción y Caracterización de Germoplasma

En 1992 se introdujeron al CIAT ocho acervos genéticos y poblaciones de los cuales dos se dirigieron a secano tropical, tres a riego tropical, dos a secano favorecido y una a riego templado.

De acuerdo con el sistema de nomenclatura propuesto por Chatel y Guimarães (1995) —utilizado para los acervos y poblaciones de arroz y el mejoramiento poblacional— el acervo genético es el resultado de la combinación de un grupo de progenitores que componen una base de genes amplia y única. Es pues el resultado de una serie de cruzamientos entre genotipos que permite la creación de diferentes combinaciones genéticas. Para ello el gen de androesterilidad facilita el proceso. A su vez, las poblaciones son el resultado de la aplicación de un método de selección al acervo genético. En la EELL bajo condiciones de suelos ácidos, se observaron:

- Un acervo genético *japónica* tropical (CNA-IRAT 5/0/3).
- Una población *japónica* tropical para secano (CNA-IRAT A/0/1).
- Dos poblaciones *índica/japónica* (CNA-IRAT P/1/0F e IRAT Lulu/0/1).

Esos materiales se sembraron por primera vez en la EELL en 1993. Para caracterizarlos, en muestras de 400 plantas, se tomaron entre otros, datos de vigor, número de macollas, floración, reacción a enfermedades y a acidez del suelo, altura y ciclo de las plantas. La caracterización del germoplasma, según los datos presentados por Chatel *et al.* (1997), permitió escoger las mejores poblaciones bajo condiciones de suelos ácidos en las sabanas de Colombia y se seleccionaron las poblaciones CNA-IRAT A y CNA-IRAT 5 como las de mejor adaptabilidad.

Desarrollo de Nuevas Poblaciones para las Sabanas

Con base en las informaciones obtenidas en las evaluaciones iniciales se decidió desarrollar nuevas poblaciones con mayor concentración de las características de interés para los programas de mejoramiento genético del arroz de la región. La base para ese trabajo fue CNA-IRAT A (Chatel *et al.*, 1997), de la cual se derivó la PCT-4. Durante el segundo semestre de 1996 en la EEP se inició la creación de una nueva población *japónica* para las condiciones de sabanas. Esta vez la fuente de androesterilidad provino de la población PCT-4.

Con esta población se buscaba desarrollar un acervo genético con las mejores líneas del Proyecto de Mejoramiento Convencional de Arroz de Sabanas del CIAT, y las variedades comerciales liberadas en Brasil, Colombia y Bolivia. En el Cuadro 1 se presenta la composición genética de esta nueva población. Se observa que todos los 17 progenitores contribuyeron con el mismo porcentaje (2.94%) y que se buscó tener representación de regiones donde el arroz de secano es

Cuadro 1. Composición de la población PCT-11\0\0\0.

Progenitor	Origen	Cruce	Participación (%)
Caiapó	Brasil	IRAT13/Beira Campo//CNAx 104-B-18Py-2B/Perola	2.94
Progresso	Brasil	(Col 1XM312A)/IRAT 124//RHS 107-2-1-2TB-1JM	2.94
Oryzica Sabana 6	Colombia	TOx 1780-2-1-1P-4/ Col1 x M312A-74-2-8-8//IAC 47	2.94
Oryzica Sabana 10	Colombia	(Col 1 x M312A)/IRAT 124	2.94
Oryzica Turipana 7	Colombia	Carolino/TOx 1785-19-18//TOx 1011-4-1	2.94
CIRAD 409	Colombia	IRAT 146/CT6196-33-11-1-3//CT10035-43-4-M-3	2.94
Maravilha	Brasil	TOx 1010-49-1/IRAT 121//IRAT 216	2.94
CT11251-9-M-2-3-5	CIAT	CT7244-9-1-5-3/CT6196-33-11-1-3-M//CT6946-2-5-3-3-2-M	2.94
CT11635-17-M-1-M	CIAT	CT7079-56-1-1-2-4-M/P 5589-1-1-3P-4-M//CT7244-9-2-1-52-1	2.94
CT11891-2-2-3-6-M	CIAT	IRAT 146/CT6196-33-11-1-3//CT10035-43-4-M-3	2.94
CT11891-3-10-3-5	CIAT	IRAT 146/CT6196-33-11-1-3//CT10035-43-4-M-3	2.94
DH5A-3	Francia	Desconocido	2.94
CT12243-22-9	CIAT	CT6278-3-7-4P-1/CT6113-8-9-7-M//TOx 1859-102-6M-3/Araguaia	2.94
IDSA 6/IAC 164-3	Costa de Marfil	SA 6/IAC 164-3	2.94
Cuiabana/IDSA 6-3	Costa de Marfil	Cuiabana/IDSA 6-3	2.94
IRAT 147	Costa de Marfil	IRAT 13/Dourado Precoce 680-2	2.94
CT11859-9-10-3-M	CIAT	P 5589-1-10-4-3/CT6316-23-10-1-2-2//Tangará	2.94
PCT-4	Población *Japónica*		50.0

importante. Del análisis de los progenitores involucrados en los cruces de los materiales introducidos se observa que la variabilidad genética de la población PCT-4 se incrementó.

Estos 17 materiales se seleccionaron de acuerdo con la precocidad, reacción a piricularia, tolerancia a suelos ácidos y calidad de grano. En 1996 utilizando el método descrito por Borrero *et al.* (1997) se utilizaron como madres las mejores plantas androestériles adaptadas de la población PCT-4. Cada línea se cruzó con un mínimo de cuatro plantas de la población PCT-4. Durante el primer semestre de 1997, en la EEP, cada F_1 obtenida se sembró y de cada una de ellas se seleccionaron plantas individuales. Las semillas F_2 se mezclaron en iguales proporciones dentro de cada F_1; todas las F_1 se mezclaron en proporciones balanceadas para obtener la nueva población básica identificada como PCT-11\0\0\0. En el segundo semestre de 1997 en la EEP, la población básica se recombinó por primera vez dando origen a la población PCT-11\0\0\1. En el primer semestre de 1998 se realizó la segunda recombinación en la EELL y en 1999 el tercer ciclo originó la población PCT-11\0\0\3.

Selección Recurrente para Suelos Ácidos

La base del trabajo de selección recurrente para suelos ácidos es la evaluación y selección en la generación $S_{0:2}$. En 1995 en la EELL se escogieron 159 plantas fértiles S_0 en la población original. En el mismo año en la EEP estas líneas se avanzaron sin selección. En 1996, de regreso a la EELL se realizaron las evaluaciones de rendimiento de granos en esas líneas y en testigos utilizando la metodología de bloques aumentados de Federer (BAF), según propuesta de Zimmermann (1997). Se colectaron datos de reacción a suelos ácidos, enfermedades y rendimiento de granos cuyo análisis permitió seleccionar 53 líneas $S_{0:2}$ para la etapa de recombinación.

Para aprovechar aún más la variabilidad genética dentro de las líneas y el mayor número de plantas androestériles, se utilizaron las semillas remanentes de las plantas $S_{0:1}$ para la recombinación. La nueva población que resultó de la recombinación de las plantas seleccionadas se identificó como PCT-4\SA\1\1.

Antes de describir el segundo ciclo de recurrencia es válido resaltar la importancia del sitio de evaluación. La EELL es un sitio reconocido por sus condiciones drásticas de fertilidad y acidez del suelo (Cuadro 2). Los niveles de saturación de aluminio están por encima del 87%, el pH es inferior a los 4.7 y los contenidos de fósforo, calcio, magnesio y potasio son bajos. Aún bajo esas condiciones severas las observaciones de campo mostraron que solamente algunas pocas plantas presentaron síntoma de susceptibilidad a la acidez. Hasta cierto punto estos resultados podrían esperarse ya que la población PCT-4, como lo reportan Chatel *et al.* (1997), resultó de la introducción de líneas seleccionadas por el proyecto de mejoramiento de arroz de sabanas del CIAT que trabaja en

Cuadro 2. Análisis de suelo de muestras colectada en 1995 en la Estación Experimental La Libertad, Colombia.

Prof. (cm)	M.O. (%)	P Bray II ppm	pH	Milequivalente/100 g de suelo Al	Ca	Mg	K	ppm Zn	Mn	S	Sat. Al (%)
0-20	3.9	3.8	4.6	3.25	0.30	0.15	0.09	0.25	7.16	21.1	87.8
20-40	3.4	3.8	4.5	3.44	0.25	0.11	0.07	0.39	5.81	29.9	90.5
0-20	4.1	4.9	4.6	2.39	0.18	0.05	0.06	0.29	4.68	29.0	91.2
20-40	3.6	3.8	4.7	2.33	0.13	0.04	0.05	0.20	4.51	29.5	93.2
0-20	4.2	7.8	4.3	2.39	0.14	0.07	0.20	0.33	5.37	17.4	91.9
20-40	4.0	4.0	4.3	2.18	0.15	0.05	0.12	0.25	5.34	24.5	90.8

Adaptado de Guimarães *et al.* (1995b).

particular en la EELL. Además la literatura reporta que el control del carácter no es complejo (Delgado-Huertas, 1993; Martínez, 1976).

Los trabajos con esa población se continuaron para mejorar otras características agronómicas y para aprovechar esa base genética en la extracción y desarrollo de líneas fijas para distribución a los programas nacionales.

El segundo ciclo de recurrencia siguió la misma metodología y en 1997 se sembró la nueva población en la EELL. Se escogieron 155 plantas S_0 fértiles para dar continuidad al proceso. En esa oportunidad se cosechó una muestra de las plantas S_0, que se almacenó para futuros trabajos de estudios de ganancia genética. La generación $S_{0:1}$ se sembró en la EEP en el mismo año para avance de generación e incremento de semillas. En 1998 en la EELL las familias $S_{0:2}$ se sembraron según el diseño experimental de BAF. Los resultados permitieron escoger las mejores 60 familias para la etapa de recombinación en la EEP. La nueva población, resultado de la etapa de recombinación, se denominó PCT-4\SA\1\1, SA\1.

El tercer ciclo de recurrencia se llevará a cabo en el año 2000 bajo la misma metodología. Concluida esa etapa se adelantará un estudio de la ganancia genética obtenida para la característica reacción a suelos ácidos. Sin embargo, observaciones visuales han mostrado que las plantas de las nuevas poblaciones han presentado alto nivel de tolerancia a la acidez.

En el Cuadro 3 se presenta un resumen del flujo de materiales trabajados utilizando el método de mejoramiento poblacional a través de la selección recurrente para tolerancia a acidez.

Selección Recurrente para Piricularia y VHB

Como ya se mencionó la estrategia utilizada para el mejoramiento poblacional para suelos ácidos se basó en la evaluación y selección de familias $S_{0:2}$. Este trabajo presenta la alternativa de mejorar poblaciones utilizando la selección masal y plantas S_0 como base. Además, muestra la posibilidad de seleccionar los mejores materiales antes de la floración, lo cual permite escoger los fenotipos basado en los dos sexos. Esto es, seleccionar las madres (plantas androestériles) y los padres (plantas fértiles), una estrategia que posibilita incrementar las ganancias genéticas con los ciclos de recurrencia.

Uno de los aspectos más importantes para la estrategia de selección recurrente es el ambiente donde se evalúan y seleccionan los materiales. La EELL es reconocida como localidad clave para la enfermedad piricularia (Correa-Victoria y Zeigler, 1993) ya que el VHB ocurre de manera esporádica aún cuando se ha incrementado en los últimos años. Durante 1995 se sembró en esta estación las poblaciones PCT-5\0\0\0, PCT-A\0\0\0, y PCT-4\0\0\1 que se

Cuadro 3. Resumen del flujo de los materiales utilizando el método de mejoramiento poblacional para tolerancia a acidez con la población base PCT-4\0\0\1 en la Estación Experimental Palmira (EEP) y en la Estación Experimental La Libertad (EELL), Colombia.

Primer Ciclo	EELL – 1995	Población base – PCT-4\0\0\1 Evaluación y selección (159 plantas S_0)
	EEP – 1995	Avance de generación (familias $S_{0:1}$; semillas $S_{0:2}$)
	EELL – 1996	Evaluación y selección (152 familias $S_{0:2}$ – selección de 53)
	EEP – 1996	Recombinación con semillas remanentes $S_{0:2}$ (cosecha semillas S_0 – PCT-4\SA\1\1)
Segundo Ciclo	EELL – 1997	Población – PCT-4\SA\1\1 Evaluación y selección (155 plantas S_0)
	EEP – 1997	Avance de generación (familias $S_{0:1}$; semillas $S_{0:2}$)
	EELL – 1998	Evaluación y selección (155 familias $S_{0:2}$ – selección de 60)
	EEP – 1998	Recombinación con semillas remanentes $S_{0:2}$ (cosecha semillas S_0 – PCT-4\SA\1\1, SA\1)
Tercer Ciclo	EELL – 2000	Población – PCT-4\SA\1\1, SA\1 Evaluación y selección (150 plantas S_0)
	EEP – 2000	Avance de generación (familias $S_{0:1}$; semillas $S_{0:2}$)
	EELL – 2001	Evaluación y selección (150 familias $S_{0:2}$ – selección de 50)
	EEP – 2001	Recombinación con semillas remanentes $S_{0:2}$ (cosecha semillas S_0 – PCT-4\SA\1\1, SA\1, SA\1)

sometieron a evaluación y selección para piricularia y para VHB simultáneamente. Las plantas S_0 se evaluaron y antes de la floración se erradicaron todas aquellas que presentaron síntomas de las enfermedades bajo selección. Ello garantizó que sólo plantas fenotípicamente sanas estuvieran disponibles para la etapa de polinización.

De las 2500 plantas S_0 sembradas para representar cada una de las poblaciones, se eliminaron 47.8%, 35.3%, y 42.7% por su susceptibilidad a piricularia en la hoja en las poblaciones PCT-5\0\0\0, PCT-A\0\0\0, y PCT-4\0\0\1, respectivamente. Por el VHB se descartaron 6.2%, 8.1%, y 4.9%, respectivamente a las poblaciones, como muestran los resultados presentados por Guimarães *et al.* (1995b). Estos datos corroboran lo que ya se anotó respecto la presión de selección para las enfermedades.

La selección permitió escoger 102, 99, y 96 plantas androestériles en las tres poblaciones, respectivamente. Como el método que se utilizó fue la selección masal, todas las semillas de las plantas S_0 androestériles escogidas dentro de cada población se mezclaron en proporciones iguales, y esa mezcla constituyó la nueva población mejorada con un ciclo de recurrencia. Las poblaciones resultantes de la recombinación de las plantas escogidas en la población base se identificaron como PCT-5\PHB\1\0, PCT-A\PHB\1\0, y PCT-4\PHB\1\1, respectivamente.

En 1996, en la EELL, se sembraron las semillas mezcladas de cada población con un ciclo de selección recurrente masal. El segundo ciclo se desarrolló de modo similar y se seleccionaron 304, 341, y 442 plantas androestériles fertilizadas con polen de plantas fértiles, de las poblaciones PCT-5\PHB\1\0, PCT-A\PHB\1\0, y PCT-4\PHB\1\1, respectivamente. Las semillas cosechadas en las plantas androestériles se mezclaron en igual proporción dando origen a las nuevas poblaciones con dos ciclos de recurrencia respectivamente:

- PCT-5\PHB\1\0, PHB\1
- PCT-A\PHB\1\0, PHB\1
- PCT-4\PHB\1\1, PHB\1

Todo este proceso se repitió en 1997 para completar el tercer ciclo de selección recurrente. En esa oportunidad se seleccionaron 218, 253, y 165 plantas androestériles fertilizadas con polen de plantas fértiles de esas poblaciones. La mezcla uniforme de las semillas creó las nuevas poblaciones:

- PCT-5\PHB\1\0, PHB\1, PHB\1
- PCT-A\PHB\1\0, PHB\1, PHB\1
- PCT-4\PHB\1\1, PHB\1, PHB\1

En 1998 se completó el tercer ciclo de recurrencia. El Cuadro 4 presenta los datos de las evaluaciones para piricularia en la hoja realizadas en la EELL en 1995/98 en las diferentes poblaciones. Se observa, además de una reducción significativa en el porcentaje de plantas con la infección después de un ciclo de selección, que de ese punto en

Cuadro 4. Porcentaje de plantas con síntomas de piricularia en la hoja en las poblaciones PCT-5, PCT-A, y PCT-4 con tres ciclos de selección recurrente masal en ambos sexos en la Estación Experimental La Libertad, Colombia.

Ciclo	Año	PCT-5	PCT-A	PCT-4
Original	1995	47.8	35.3	42.7
Primer	1996	1.5	1.0	0.5
Segundo	1997	3.7	3.3	4.5
Tercer	1998	0.3	0.2	0.1

adelante ocurrieron pocos cambios. En 1997 debido a una presión más elevada que la normal (conclusión basado en la reacción de los testigos, datos no presentados), se observó un pequeño incremento en el porcentaje de plantas con síntomas.

Estos resultados permiten concluir que el uso de la selección recurrente masal con selección en los dos sexos fue efectivo para piricularia en la hoja y que en el primer ciclo se obtuvo el mayor progreso. Lo anterior ha permitido seleccionar para otras características de interés agronómico y lograr los objetivos del proyecto de desarrollar poblaciones mejoradas para un caracter y un buen comportamiento general.

Para la enfermedad VHB —la otra característica seleccionada— las condiciones de presión existentes en la EELL no son las ideales (Cuadro 5). No se presentó progreso con la selección, pues se obtuvieron mayores porcentajes de plantas con VHB en el primer y el segundo ciclo de selección para las tres poblaciones. Ello indica que la presión fue poco consistente para la selección a esta característica.

Tales datos, una vez más, muestran la importancia de los sitios de evaluación que deben presentar presiones altas y uniformes para el carácter de interés de tal forma que permitan el progreso genético.

Desarrollo de Líneas

El objetivo es presentar un ejemplo de cómo se puede explotar el potencial de las poblaciones y acervos genéticos que se están trabajando por el método de selección recurrente como fuente de variedades potenciales. Esta alternativa es de gran interés para los programas nacionales cuyo objetivo final al trabajar con la metodología es tener poblaciones mejoradas que puedan utilizarse como base para la extracción de líneas.

Durante los trabajos de avance de los acervos genéticos y de las poblaciones, mediante la selección recurrente, se seleccionaron plantas fértiles. A partir de ellas se desarrollaron líneas fijas que pueden utilizar los programas nacionales como fuente potencial para la

Cuadro 5. Porcentaje de plantas con síntomas del virus de la hoja blanca en las poblaciones PCT-5, PCT-A, y PCT-4 con tres ciclos de selección recurrente masal en ambos sexos en la Estación Experimental La Libertad, Colombia.

Ciclo	Año	PCT-5	PCT-A	PCT-4
Original	1995	6.2	8.1	4.9
Primer	1996	31.4	38.5	19.0
Segundo	1997	35.5	38.7	28.7
Tercer	1998	4.0	5.8	2.7

obtención de variedades o progenitores para sus programas de mejoramiento. Este trabajo que se inició en 1995, después del avance de los mejores germoplasmas introducidos de Brasil, siguió con el proyecto colaborativo CIAT/CIRAD con el desarrollo y avance de poblaciones en Colombia.

En el proceso de avance de generación de las poblaciones CNA-IRAT 5 y CNA-IRAT A se seleccionaron dos y cuatro líneas de esos materiales, respectivamente. Después de tres generaciones de evaluación y selección en 1997 resultaron 30 líneas que se sometieron a pruebas de rendimiento. De esos materiales se escogieron ocho líneas con alto potencial de rendimiento y buenas características fenotípicas que se distribuyeron en América Latina a través de los viveros de observación de la Red Internacional de Evaluación Genética de Arroz para América Latina (INGER-LAC).

A su vez, en 1966, del acervo genético GPCT-1 y de las poblaciones PCT-2 y PCT-3, resistentes a piricularia, se escogieron 89 plantas con buenas características para las condiciones de sabana. En 1998 de estos materiales sólo cuatro líneas de la PCT-3 estuvieron disponibles para la región a través de los viveros INGER-LAC. También se obtuvieron líneas de las poblaciones PCT-5\0\0\0, PCT-A\0\0\0, y PCT-4\0\0\1 ya mencionadas. En 1995 se escogieron 55, 85, y 18 plantas fértiles S_0 en las tres poblaciones, respectivamente. En 1999, ya en la generación S_8, se están trabajando 385 líneas, seis de ellas de la PCT-5\0\0\0, 227 de la PCT-A\0\0\0, y 52 de la PCT-4\0\0\1. En este mismo año se extrajeron:

- 150 líneas S_6 de la PCT-4\PHB\1\1.
- 35 líneas S_4 del segundo ciclo (PCT-4\PHB\1\1, PHB\1).
- 107 líneas S_2 de las poblaciones con tres ciclos de recurrencia (PCT-4\PHB\1\1, PHB\1, PHB\1).

Esa estrategia de obtención de líneas a partir de poblaciones trabajadas por el método de selección recurrente ha permitido desarrollar materiales con alto potencial para la región. Ejemplos de eso, además de las líneas

incluidas en los viveros INGER-LAC, son las dos líneas CNA-IRAT 5\SA\0\3>127-2-M-2-M y CNA-IRAT A\SA\0\3>1-M-2-M-4-M, seleccionadas de las poblaciones CNA-IRAT 5 y CNA-IRAT A, respectivamente. Ambas, registradas en el catálogo de arroz del CIRAD con las denominaciones CIRAD 410 y CIRAD 411 respectivamente, ya están disponibles para la comunidad científica internacional.

Planes Futuros

Los resultados obtenidos con las diferentes estrategias de mejoramiento poblacional han mostrado el potencial de ésta técnica para características relevantes para América Latina.

Se planea continuar este trabajo en algunos ciclos más de recurrencia y realizar estudios de ganancias genéticas para comprobar los resultados que en la práctica ya se han observado.

Como parte de un proyecto internacional seguiremos creando nuevas poblaciones de acuerdo con la demanda de los países de América Latina.

De otro lado, se continuarán los trabajos (aquí no reportados) para mantener activas todas las poblaciones existentes en la región y para avanzar e incrementar la semilla para aquellos países que no tengan la capacidad o las condiciones ambientales para ello.

Referencias

Borrero, J.; Ospina, Y.; Guimarães, E. P.; y Chatel, M. 1997. Ampliación de la base genética de los acervos de arroz, mediante la introducción de variabilidad. En: Guimarães, E. P. (ed.). Selección recurrente en arroz. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. p. 55-66.

Correa-Victoria, F. J. y Zeigler, R. S. 1993. Pathogenic variability in *Pyricularia grisea* at a rice blast 'hot spot' breeding site in eastern Colombia. Plant Dis. 77(10):1029-1035.

Cuevas-Pérez, F. E.; Guimarães, E. P.; Berrío, L. E.; y González, D. I. 1992. Genetic base of irrigated rice in Latin America and the Caribbean, 1971 to 1989. Crop Sci. 32:1054-1059.

Chatel, M. y Guimarães, E. P. 1995. Selección recurrente con androesterilidad en arroz. Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement-Département des cultures annuelles (CIRAD-CA) y Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. 70 p.

Chatel, M.; Guimarães, E. P.; Ospina, Y.; y Borrero, J. 1997. Utilización de acervos genéticos y poblaciones de arroz de secano que segregan para un gen de androesterilidad. En: Guimarães, E. P. (ed.). Selección recurrente en arroz. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. p. 125-138.

Delannay, X.; Rodgers, D. M.; y Palmer, R. G. 1983. Relative genetic contributions among ancestral lines to North America soybean cultivars. Crop Sci. 23:944-949.

Delgado-Huertas, H. 1993. Herencia de la toxicidad de aluminio en arroz (*Oryza sativa* L.) en un suelo ácido de sabana de los Llanos Orientales de Colombia. Tesis, Doct. Universidad Nacional de Colombia, Facultad de Agronomía, Santafé de Bogota, Colombia. 118 p.

Guimarães, E. P.; Correa-Victoria, F. J.; y Tulande, E. 1995a. GC-91, a broad-based rice synthetic population for blast (*Pyricularia grisea* Sacc.) resistance. Rev. Bras. Gen. 18(4):553-561.

Guimarães, E .P.; Chatel, M.; Ospina, Y.; Borrero, J.; y Huertas, C. 1995b. Mejoramiento de arroz para suelos ácidos, 1994B-1995A. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. 181 p.

Hanson, W. D. 1959. The breakup of initial linkage blocks under selection mating systems. Genetics 44:857-868.

Ikehashi, H. y Fujimaki, H. 1980. Modified bulk population method for rice breeding. En: Innovative approaches to rice breeding. Selected papers from the 1979 International Rice Research Conference. International Rice Research Institute (IRRI), Los Baños, Philippines. p. 163-182.

IRRI (International Rice Research Institute). 1976. Standard evaluation system for rice. 2a. ed. Los Baños, Philippines. 64 p.

Martínez, C. P. 1976. Aluminum toxicity studies in rice (*Oryza sativa* L.). Tesis, Ph. D. Oregon State University, Oregon, USA. 112 p.

Paterniani, E. y Miranda-Filho, J. B. 1978. Melhoramento de populações. En: Paterniani, E. y Viegas, G. P. (eds.). Melhoramento e produção de milho. Fundação Cargill, Campinas, Brasil. p. 202-256.

Souza, E. y Sorrells, M. E. 1989. Pedigree analysis of North America oat cultivars release from 1951 to 1985. Crop Sci. 29:595-601.

Zimmermann, F. J. P. 1997. Estadística aplicada a la selección recurrente. En: Guimarães, E. P. (ed.). Selección recurrente en arroz. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. p. 67-75.

Capítulo 16

CNA-8: Población de Arroz de Tierras Altas bajo Mejoramiento Poblacional para Resistencia a Plagas Iniciales



Evane Ferreira

Evane Ferreira[1]
Flávio Breseghello[2]
Emílio da M. de Castro[1]

[1]Investigador de Embrapa Arroz e Feijão de la Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuaria (EMBRAPA), Caixa Postal 179, 75375-000 Santo Antônio de Goiás, Goiás, Brasil; Correo electrónico: evane@cnpaf.embrapa.br;
[2]Técnico de nivel superior de Embrapa Arroz e Feijão

Contenido

Resumen

Abstract

Introducción

Selección de Progenitores y Sintetización de la Población

Evaluación de la Población Ciclo 0

Evaluación de las Familias $S_{0:1}$

Población Bajo Selección Recurrente

- Selección individual
- Avance de generación y selección dentro de familias
- Evaluación de la resistencia a plagas

Resultados

Consideraciones Finales

Referencias

Resumen

Las termitas rizófagos (*Procornitermes sp* y otras), el mión de las pasturas (*Deois flavopicta*) y el barrenador del tallo (*Elasmopalpus lignosellus*) son las principales plagas iniciales del arroz de tierras altas (secano) en Brasil que obligan el uso de insecticidas preventivos. Las variedades resistentes se consideran el camino más importante para el desarrollo de un sistema integrado de control de esas plagas. La población CNA-8 se creó con los materiales más resistentes identificados en los trabajos conducidos por Embrapa Arroz e Feijão. Ese germoplasma está bajo mejoramiento poblacional mediante selección recurrente para las tres plagas simultáneamente, en un esquema que requiere dos años para completar cada ciclo de recurrencia. La población inicial se evaluó y presentó un comportamiento promedio promisorio bajo presión de las tres plagas. En el primer ciclo se pudo detectar variabilidad para resistencia entre las familias $S_{0:2}$ evaluadas. La heredabilidad estimada también presentó perspectivas promisorias con respecto a las ganancias por selección, sin embargo, el error experimental fue muy elevado. La correlación genética para resistencia a las diferentes plagas no ha sido significativa lo cual indica que la obtención de la resistencia múltiple no es incompatible. El segundo ciclo de evaluación de las familias $S_{0:2}$ se encuentra en el campo y con seguridad permitirá evaluar la estrategia que se está utilizando para el trabajo.

CNA-8: Upland-Rice Population under Populational Improvement for Initial Pests Resitance

Abstract

Root-eating termites (*Procornitermes* sp. and others), grass spittlebug (*Deois flavopicta*), and lesser cornstalk borer (*Elasmopalpus lignosellus*) are major upland-rice pests in Brazil. They attack very young plants, thus provoking the use of preventive insecticides. Rice varieties resistant to these pests would play an essential role in an integrated rice-pest control system. Population CNA-8 was created from the most resistant germplasm identified by Embrapa Arroz e Feijão. This population is being improved by recurrent selection for simultaneous resistance to the three pests, in a scheme that requires two years to complete each recurrent cycle. The initial population was evaluated, showing promising performance under pressure from the three pests. In the first cycle, variability for resistance was detected among the $S_{0:2}$ families. Heritability estimates also showed promising prospects for gains by selection, although experimental error was very high. Genetic correlations for resistance to different pests were not significant, indicating that multiple resistance is possible. The second cycle of evaluating $S_{0:2}$ families is being conducted in the field, and will allow evaluation of the strategy being used for this work.

Introducción

Se consideran plagas iniciales del arroz de tierras altas a aquellos fitófagos que manifiestan su poder de hacer daño desde antes del macollamiento de las plantas. Los principales componentes de este grupo son las termitas rizófagos (*Procornitermes* y *Syntermes*), el mión de las pasturas *(Deois* spp.) y el barrenador del tallo *(Elasmopalpus lignosellus)*.

Estos insectos son la principal causa del uso preventivo de insecticidas en tratamientos de semillas en la casi totalidad del área sembrada con arroz en el ecosistema de tierras altas (secano). Tales insecticidas son de alto costo y ofrecen peligro a la salud humana y al medio ambiente.

Las termitas rizófagos son insectos sociales que viven en el suelo en colonias donde se pueden encontrar en formas aladas y sexuadas responsables por la diseminación de la especie; en formas ápteras, sexuadas (rey y reina) y asexuadas (soldados y obreros) encargadas del mantenimiento de la colonia. Los nuevos nidos de termitas se empiezan a formar 30 días después del vuelo anual de los insectos que ocurre después del inicio del período lluvioso. El daño lo causan los obreros que pueden atacar las semillas y el sistema radicular de las plantas de arroz con lo cual pueden causar la muerte de las plantas jóvenes o debilitar aquellas más desarrolladas.

En la región centro-este de Brasil la más perjudicial al arroz ha sido la especie *Procornitermes triacifer* (Ferreira, 1998a). El mión de las pasturas (*Deois flavopicta*) es la especie que ha causado mayores daños al arroz (Ferreira, 1998a).

Después del inicio de las lluvias, en condiciones favorables de temperatura y humedad, los huevos de la diapausa almacenados en las gramíneas huéspedes, originan las ninfas que, en alrededor de 35 días se transforman en adultos. Estos emigran hacia las plantas jóvenes de los cultivos de arroz causando la primera infestación o ataque del mión, el más perjudicial, que dura de 10 a 15 días.

En la región centro-este la infestación, en general, ocurre en la segunda quincena de noviembre, mientras que las dos menos importantes ocurren en enero y marzo.

El barrenador del tallo está presente todos los meses del año y se vuelve muy perjudicial al arroz cuando ocurre un período de sequía antes del macollamiento de las plantas, en particular en áreas de suelos arenosos. Este insecto, que completa su ciclo huevo hasta adulto en 25 y 30 días, causa el daño durante su etapa de larva o larval que dura entre 15 y 20 días. El daño ocurre por la penetración de la larva en la base de la planta, por debajo de la superficie del suelo dónde hace un agujero transversal al tallo (Ferreira,1998b).

En la composición de las estrategias de manejo integrado de las plagas del arroz de tierras altas (secano) en Brasil, se requieren variedades resistentes a plagas iniciales para reducir los costos de producción y el riesgo de contaminación ambiental. Hasta ahora, la utilización práctica de este importante componente del manejo ha sido muy pequeña.

Algunos trabajos sugieren la posibilidad de obtener variedades de arroz de tierras altas (secano) resistentes a las plagas iniciales: Ferreira *et al.* (1979), Martins (1987), Variar *et al.* (1991) y Ferreira Jr. *et al.* (1998).

Para que la resistencia genética a las plagas iniciales sea una herramienta efectiva en la reducción de riesgos y costos de producción del arroz de tierras altas (secano), es necesario que ella sea eficiente para las tres plagas mencionadas. En caso contrario será necesario seguir utilizando insecticidas en tratamientos de semillas de manera similar a como se hace hoy día.

La resistencia a estas plagas parece estar presente de manera parcial en muchos genotipos de arroz de tierras altas (secano), según se observa en evaluaciones previas efectuadas en Embrapa Arroz e Feijão.

Reunir en una sola variedad resistencia a las tres diferentes plagas —más las características agronómicas indispensables— es un objetivo que difícilmente se puede lograr a través de cruces simples o múltiples.

El mejoramiento poblacional a través de la selección recurrente, aunque sea a largo plazo, ofrece una perspectiva real de agrupar genes de resistencia presentes en muchos progenitores. Esto, mediante la recombinación génica produciendo combinaciones poco probables de obtener con los métodos convencionales de mejoramiento de autógamas.

Selección de Progenitores y Sintetización de la Población

Los progenitores utilizados para participar de la población CNA-8 son líneas originarias de evaluaciones de germoplasma de arroz de tierras altas (secano) para resistencia a las plagas iniciales del cultivo, previamente realizadas en Embrapa Arroz e Feijão, en condiciones de campo y casa de malla. Bajo esas condiciones se seleccionaron 51 genotipos como fuente de resistencia para conformar la población CNA-8 , 16 para termitas rizófagos, 17 para mión de las pasturas y 18 para barrenador de tallo.

Las semillas de estos progenitores se mezclaron con semillas de la población base CNA-IRAT 5/2/1 (Taillebois y Guimarães, 1989) portadora del gen de androesterilidad genética. La mezcla se sometió a tres recombinaciones para completar el proceso de formación de la población CNA-8 . Morais *et al.* (1997) registraron las proporciones de cada progenitor en la composición de esa nueva población.

Evaluación de la Población Ciclo 0

En 1994 se sembraron 150 surcos de 4.0 m de plantas S_0 de la población CNA-8 , intercalados de manera alternada con surcos de variedades testigo: IAC 201 (susceptible) y Guaraní (resistente). Este ensayo se infestó con la termita *P. triacifer*. La evaluación de la supervivencia de plantas en los surcos de la población y de los testigos se presenta en el Cuadro 1, donde se observa un mayor número de macollas y de tallos sobrevivientes en la población, en particular a los 101 días de siembra.

Evaluación de las Familias $S_{0:1}$

Para evaluar la resistencia de la población al mión de las pasturas se utilizó una muestra de 70 familias $S_{0:1}$ sometida a infestación artificial de *Deois flavopicta* en casa de malla. Para ello se utilizaron cuatro cajas tipo de agua para residencias con capacidad de 1000 litros y llenas con tierra fertilizada, cada una en representación de una repetición con las 70 familias y cinco testigos. Las parcelas se organizaron en surcos de 20 plantas.

En el decimocuarto día después de la siembra se colocaron en cada repetición 190 insectos adultos, y al día siguiente 110 más. Los insectos se colectaron en pasturas cercanas al local del ensayo y se transfirieron de manera inmediata a las cajas que se protegieron con jaulas de malla para evitar su escape.

En este estadio las plantas presentaban tres hojas y las evaluaciones se realizaron a los 11 y 29 días después de la infestación, planta a planta, utilizando la siguiente escala:

- 1: Plantas con hojas y más de la mitad de los tallos secos.
- 3: Plantas con hojas y menos de la mitad de los tallos secos.
- 5: Plantas con dos hojas secas y el restante verde.
- 7: Plantas con menos de una hoja seca.

Cuadro 1. Porcentajes medias de tallos supervivientes (PTS) al ataque de termitas rizófagos y número de macollas por planta (NMP). Experimento de campo efectuado con la población CNA-8 y testigos en Santo Antônio de Goiás.

	Días después de la siembra		
	27	101	
Tratamiento	PTS (%)	PTS (%)	NMP
CNA-8	80.2	60.7	11.6
Guaraní (testigo resistente)	78.4	37.7	4.5
IAC 201 (testigo susceptible)	76.2	29.5	4.5
Media	78.3	42.6	7.2

- 9: Plantas con las tres hojas y los tallos verdes.
- 11: Plantas con una macolla con una hoja.
- 13: Plantas con una macolla con dos hojas.

Los datos de la segunda evaluación fueron más discriminantes por lo cual se utilizaron en el análisis estadístico. Se calculó la media ponderada de los grados de cada familia y se transformaron los datos utilizando $\sqrt{x}$. El análisis de varianza indicó diferencias significativas entre los tratamientos más resistentes y los más susceptibles, pero no entre las mejores familias y los testigos.

Quince familias presentaron supervivencia superior en valor absoluto al mejor testigo (línea CNA 7119). La falta de significación puede ser resultado del elevado coeficiente de variación común en este tipo de ensayo. El Cuadro 2 incluye algunos datos de este trabajo.

En un estudio para evaluar el potencial genético de la población CNA-8 para un programa de selección para resistencia al barrenador del tallo, Ferreira Jr. *et al.* (1998) evaluaron 60 familias $S_{0:1}$ y los testigos resistentes y susceptibles en condiciones de infestación artificial en casa de malla. Los autores concluyeron que existe buena posibilidad de extraer líneas superiores de la población, pues la heredabilidad estimada en función de las medias de las familias fue de 52.4%.

Población Bajo Selección Recurrente

El punto de partida o ciclo 0 de la población CNA-8 puede considerarse el conjunto de semillas resultantes de la recombinación realizada en el invierno de 1996, iniciando con un esquema de selección recurrente con ciclos de

Cuadro 2. Supervivencia ponderada al daño del mión de las pasturas de plantas $S_{0:1}$ de la población CNA-8 y testigos, 29 días después de la infestación en condiciones de casa de malla en Santo Antônio de Goiás.

Familia y testigo	Clasificación	Supervivencia ponderada (grado 1-13)
C-47	1°	2.47
C-107	2°	2.37
C-200	3°	2.35
CNA 7119	16°	1.82
Guaraní	21°	1.65
Río Paranaíba	33°	1.50
Araguaia	46°	1.37
IAC 47	61°	1.17
Media		1.55
C.V. %		41.4

dos años con actividades de verano y de invierno. En el Cuadro 3 se presenta la forma cómo se condujo la población CNA-8 en el primer ciclo completo.

El esquema del Cuadro 3 se está repitiendo cada dos años (duración del ciclo de recurrencia). En el verano 1999/2000 se evaluarán las familias $S_{0:2}$ para resistencia a plagas en Embrapa Arroz e Feijão, en Santo Antônio de Goiás, para concluir el segundo ciclo de selección con base en familias $S_{0:2}$. Los detalles metodológicos del primer ciclo de selección de la población se discuten a continuación.

Selección individual

Las semillas obtenidas de las plantas androestériles del campo de recombinación se sembraron en surcos de 4.0 m, espaciados 0.4 m e intercalados con surcos de testigos, en un área reconocida por infestación de termitas rizófilos de la especie *P. triacifer*.

Los testigos utilizados fueron la variedad Guaraní, considerada resistente, y la variedad IAC 201, considerada susceptible al ataque de las termitas. La siembra se realizó utilizando una baja densidad (12 semillas) para permitir la selección individual. Se sembraron 150 surcos de alrededor de 16,000 plantas de las cuales se seleccionaron 487, dos o tres de cada surco (selección masal estratificada).

Aunque el arroz es una especie autógama, existe la posibilidad de ocurrencia de polinización cruzada entre los surcos de la población y los testigos intercalados. Esto representa una introgresión indeseable de genes en la población, en particular cuando procede del testigo susceptible.

Por esto, en los próximos ciclos se debe optar por otro esquema de siembra de las familias S_0, o eliminar los surcos de testigos antes de la floración.

Cuadro 3. Primer ciclo completo de selección recurrente para resistencia a plagas iniciales en la población CNA-8.

Época	Localidad	Generación	Actividad
Verano 96/97	Santo Antônio de Goiás	S_0	Selección individual
Invierno 97	Formoso do Araguaia	$S_{0:1}$	Avance de generación y selección dentro de familias
Verano 97/98	Santo Antônio de Goiás	$S_{0:2}$	Evaluación de resistencia a plagas
Invierno 98	Formoso do Araguaia	$S_{0:2}$ (semillas originarias del cultivo de invierno 97/98)	Recombinación

Avance de generación y selección dentro de familias

Las semillas obtenidas de una sola planta no son suficientes para la composición de los ensayos de evaluación de resistencia. Por lo tanto es necesario avanzar una generación para multiplicar la semilla, lo cual permite a su vez nuevas recombinaciones génicas.

Cada planta S_0 seleccionada originó una parcela $S_{0:1}$ de cuatro surcos de 5.0 m sembrada con baja densidad en la intercosecha. En cada parcela se seleccionaron cinco plantas por las características de alta heredabilidad, en particular tipo de grano y arquitectura de planta. Las semillas de esas cinco plantas se almacenaron en cuarto frío y el resto de la parcela se cosechó para la preparación de los ensayos de resistencia a plagas.

Evaluación de la resistencia a plagas

Se realizaron experimentos específicos para la evaluación de la resistencia a cada una de las plagas mencionadas. Parte de las semillas se sembró en un área infestada naturalmente por termitas. Se utilizó el diseño experimental de bloques aumentados de Federer (BAF) con cinco testigos: IAC 47, IAC 201, Carajás, Guaraní y Primavera. Las parcelas se organizaron en un surco de 2.0 m y se sembraron en una densidad normal. La supervivencia al ataque de las termitas rizófagos se calculó por el número de tallos a los 30 y a los 60 días después de la siembra, tomando muestra de 50 tallos en el medio del surco contando los atacados y calculando el porcentaje de tallos sobrevivientes.

El rendimiento de granos se estimó cosechando todo el surco de 2.0 m cuando no había parcelas mayores para una evaluación más precisa. En el próximo ciclo la evaluación de producción se realizará en parcelas mayores y con bordes.

Para la evaluación de resistencia al barrenador del tallo, las familias se sembraron en parcelas en casa de malla y utilizando el diseño de BAF. Cada parcela se constituyó con 20 plantas sembradas en el suelo dentro de tubos plásticos de 0.25 m de diámetro y 0.20 m de altura para evitar contaminación indeseable. La infestación se realizó 10 días después de la emergencia de las plantas con larvas recién eclosionadas en laboratorio en una proporción de cinco larvas/parcela. Se evaluó el porcentaje de tallos no atacados 30 días después de la infestación como medida de la resistencia de la familia al barrenador del tallo.

La resistencia al ataque del mión de las pasturas se evaluó en un ensayo en BAF, en casa de malla, utilizando como recipientes las cajas de agua de 1000 litros ya mencionadas. Las parcelas se organizaron en tres surcos de 0.14 m espaciadas 0.02 m, con un raleo posterior para 30 plantas/parcela. Cada caja se conformó con dos bloques de 30 parcelas.

A los 10 días después de la emergencia de las plantas, se efectuó la infestación artificial con el mión adulto colectados en pasturas en la proporción de un insecto para cada cinco plantas. El grado de resistencia se evaluó 30 días después de la infestación según la siguiente escala que se basa en la proporción de tejido vivo remanente por planta, y con la cual y considerando la frecuencia de cada grado se calcularon los grados de supervivencia ponderada de cada progenie:

- 1: hasta 5% de tejido vivo
- 3: 6% a 25%
- 5: 26% a 50%
- 7: 51% a 75%
- 9: 76% a 100%

Resultados

Los ensayos se analizaron según el diseño de BAF y se obtuvieron las medias ajustadas de familias para el efecto de bloques. Los testigos IAC 47 y Primavera presentaron variaciones exageradas por lo cual se eliminaron de los análisis y se conservaron entonces tres testigos (IAC 201, Carajás y Guaraní). El resumen de los datos se presenta en el Cuadro 4. Como el nivel de ataque de termitas en el campo fue bajo, las diferencias observadas entre las familias son pequeñas. La supervivencia media de las mismas fue similar a la de los testigos.

El barrenador del tallo ejerció fuerte presión en las parcelas experimentales debido a la infestación artificial. Las familias de la población presentaron grandes diferencias de supervivencia entre sí, y en la media sobrevivieron un poco menos que los testigos aunque esa diferencia no sea significativa. La precisión del ensayo fue relativamente baja debido al ataque de termitas en algunas parcelas.

La evaluación de la resistencia al mión fue eficiente y resultó en una amplia discriminación entre las familias en prueba. La supervivencia de las familias fue un poco inferior a la de los testigos pero, según estos datos alrededor de 40% de la población está por encima de la media de los testigos.

Cuadro 4. Valores de supervivencia de familias de la población CNA-8 y testigos (IAC 201, Carajás y Guaraní) al ataque de plagas iniciales del arroz de tierras altas (secano) en Santo Antônio de Goiás, 1998.

Parámetro	Termita rizófago (%)	Barrenador del tallo (%)	Mión de las pasturas (grado 1-9)
Media de las familias	95.6	24.6	2.88
Mínimo	40.4	0.0	0.27
Máximo	100.0	89.0	7.03
Media testigos	96.4	28.9	3.13
CV %	5.38	54.9	42.9

Se obtuvieron los valores del coeficiente de variación genético (**CVg**) y de heredabilidad para sobrevivencia a estas tres plagas (Cuadro 5). Estos parámetros indican buenas posibilidades de ganancias por selección para esas características, considerando que buena parte de la variación puede explicarse por razones genéticas.

El **CVg** para las termitas fue bajo debido al leve ataque de esta plaga en las condiciones del ensayo y aun se espera obtener un valor más elevado de ese coeficiente, a través de la selección de un área experimental con mayor infestación de termitas. La supervivencia al barrenador presentó una heredabilidad de solamente 16.7%, a pesar de las grandes diferencias entre las familias. Esto ocurrió por la baja precisión de la plaga en el ensayo y se cree que con una mayor, el experimento proporcionaría oportunidades de ganancias elevadas para esa característica.

Cuando se selecciona para varias características simultáneamente como en este caso, las ganancias obtenidas en cada una de ellas siempre son menores que aquellas que se obtendrían por la selección exclusiva para cualquiera de ellas. De las 425 familias evaluadas, 60 se seleccionaron para recombinación y formar el ciclo 1 de la población CNA-8 . Estas 60 familias se seleccionaron con base en las medias de supervivencia de las tres plagas de manera simultánea sin recurrir a ningún índice de selección. El Cuadro 6 presenta las ganancias esperadas con este proceso selectivo.

Cuadro 5. Coeficiente de variación genético (CVg) y heredabilidad (h^2) para la supervivencia de las plagas iniciales de las familias de la población CNA-8.

Plagas	CVg (%)	h^2 (%)
Termita rizófago	5.2	48.1
Barrenador del tallo	24.8	16.7
Mión de las pasturas	30.4	35.2

Cuadro 6. Ganancia obtenida por la selección de 60 entre 425 familias evaluadas para la supervivencia a plagas iniciales en búsqueda de la composición de un nuevo ciclo de selección recurrente de la población CNA-8.

Parámetro	Termita rizófago	Barrenador del tallo	Mión de las pasturas
Media de las familias evaluadas	95.60	24.60	2.88
Medias de las familias seleccionadas	97.20	44.10	3.68
Diferencial de selección	1.60	19.50	0.80
Ganancia por selección (%)	0.82	13.22	9.76
Ganancia teórica por selección exclusiva de 14% de las familias	5.74	16.22	28.92

Las mayores ganancias porcentuales se obtuvieron para supervivencia al barrenador del tallo, ya que en la escogencia de las familias para recombinar se dio prioridad a esta característica. Ello se relaciona con el hecho de que estos datos presentaron la mayor amplitud de variación numérica, que atrae más la atención del seleccionador.

Las ganancias para supervivencia a las termitas son prácticamente nulas pues la falta de variación de los datos hizo que esa característica no resultara interesante en la selección de las familias.

En la última línea del Cuadro 6 se presentan las ganancias que se obtendrían en teoría, si la selección basada en ese mismo número de familias (14%) se hubiera realizado de manera exclusiva para supervivencia en cada una de las plagas. Estos datos muestran que la ganancia obtenida para la supervivencia al mión podría haber sido muy superior, si la variabilidad de los datos se hubiera explorado mejor en la selección de las familias.

En el sentido amplio de la expresión, se estimaron las correlaciones genéticas de las características de supervivencia evaluadas, así como del rendimiento de granos de las familias evaluadas en el ensayo de resistencia a las termitas. Los resultados se presentan en el Cuadro 7. Se observó que el rendimiento está correlacionado positivamente con la supervivencia al barrenador del tallo y negativamente con la supervivencia al mión de las pasturas, ambas significativas ($p < 0.01$). Esta correlación negativa indica que los genotipos más rendidores tienen una ligera tendencia a ser menos resistentes al ataque del mión, complicando así la selección de obtención de ganancias simultáneas para las dos características, que es lo que se está buscando.

Se debe enfatizar aún que la evaluación de la producción con base en parcelas de un surco de 2.0 m, sin borde, presenta baja eficiencia, lo cual vuelve las correlaciones estimadas poco confiables y hace necesaria la confirmación con datos más precisos.

Consideraciones Finales

La población CNA-8 representa una experiencia inédita del uso del mejoramiento poblacional mediante

Cuadro 7. Coeficientes de correlación genética en el sentido amplio de la expresión, entre las características evaluadas en familias $S_{0:2}$ de la población CNA-8.

	Termita rizófago	Barrenador del tallo	Mión de las pasturas
Producción	0.075 ns	0.153**	-0.216**
Termitas rizófagos		0.022 ns	0.061 ns
Barrenador del tallo			0.059 ns

la selección recurrente, para la obtención de genotipos de arroz de tierras altas (secano) con resistencia simultánea a tres plagas iniciales. Obtener una nueva variedad de esta población es un objetivo ambicioso que difícilmente se logrará a corto plazo, pues depende aún de la unión de la resistencia a las esenciales características agronómicas y calidad de grano. Por otro lado, el trabajo con la población CNA-8 puede generar en etapas más tempranas otros resultados:

- Extracción de líneas altamente resistentes a una o más plagas para servir como vector de resistencia en otras poblaciones de selección recurrente.
- Obtención de progenitores para cruzamientos simples o múltiples del programa de mejoramiento convencional.
- Conocimiento de la heredabilidad y de las correlaciones genéticas existentes entre la resistencia para las diferentes plagas, así como entre la resistencia y las características agronómicas.
- Desarrollo de metodología para evaluación de germoplasma para resistencia a plagas.

Considerando los progenitores utilizados y las evaluaciones realizadas en la generación S_0, la resistencia de la población a las plagas estimada en las familias $S_{0:2}$ no llenó las expectativas. Parte de la superioridad de la S_0 en relación a la $S_{0:2}$ puede atribuirse a la heterosis asociada a la S_0. Sin embargo, es necesario investigar otras razones.

En el verano de 1999/2000 se evaluarán las familias $S_{0:2}$ para resistencia a plagas, de la misma manera que en el ciclo anterior. Así mismo también se van a someter a evaluación agronómica, bajo los mismos modelos en que se han evaluado las demás poblaciones del programa de mejoramiento poblacional a través de la selección recurrente de Embrapa Arroz e Feijão. Se espera en este ciclo obtener datos con menores coeficientes de variación experimental que permitirán mayores ganancias. La selección se realizará con base en un índice de selección estadístico que debe permitir una ganancia mas equilibrada entre las resistencias a las tres plagas iniciales.

Con estos datos será posible conocer el potencial real de la población CNA-8, y entonces será posible decidir entre las siguientes alternativas:

- Mantener el esquema de selección en uso, así como la composición de la población.
- Realizar introgresiones en la población con fuentes de resistencia a plagas o de características agronómicas.
- Aplicar fuerte presión de selección para garantizar ganancias para resistencia asumiendo la pérdida de variabilidad por derivación genética en otros caracteres.
- Seleccionar las familias más resistentes a plagas para usarlas como vector de resistencia en otras poblaciones del programa.

- Fusionar CNA-8 con otra población abandonando el objetivo específico de resistencia a plagas iniciales.
- Interrumpir el trabajo con la población CNA-8.

Esta diversidad de alternativas muestra en justa medida la gran flexibilidad que ofrece la selección recurrente, en particular, cuando se inserta en un programa de mejoramiento diversificado que puede contribuir con genes para la población y aprovechar combinaciones génicas identificadas en las familias de la misma.

Como conclusiones del trabajo realizado hasta el momento con la población CNA-8 se puede afirmar lo siguiente:

- La resistencia media de la población en el momento actual es similar a la media de los testigos IAC 201, Carajás y Guaraní.
- La población CNA-8 presenta variabilidad genética para resistencia a termitas rizófagos, barrenador del tallo y mión de las pasturas.
- Se puede acceder a esta variabilidad por los métodos propuestos y las ganancias se pueden obtener por selección.
- Las ganancias para resistencia simultánea a las tres plagas son compatibles pues no existe correlación negativa entre ellas.
- Las correlaciones con el rendimiento de granos deben investigarse más pues existen indicativos de correlación negativa con resistencia al mión de las pasturas.
- Las características agronómicas y la calidad de grano de la población CNA-8 deben evaluarse y seleccionarse para que sea fuente de genotipos útiles.

Referencias

Ferreira Jr., E.; Castro, E. M. de; Ferreira, E.; y Morais, O. P. 1998. Potencial da população de arroz CNA-8 para um programa de seleção visando à resistência à broca-do-colo, *Elasmopalpus lignosellus* (Zelle, 1848) (Lepidoptera, Pyralidae). Cienc. Agrotec. 22(3):318-322.

Ferreira, E. 1998a. Manual de identificação de pragas do arroz. En: Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuaria – Centro Nacional de Pesquisa de Arroz e Feijão (EMBRAPA-CNPAF). Documento 90. Santo Antônio de Goiás, Brasil. 110 p.

Ferreira, E. 1998b. Insetos prejudiciais ao arroz e seu controle. En: Breseghello, F. y Stone, L. F. (eds.). Tecnologia para o arroz de terras altas. Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, Brasil. p. 111-138.

Ferreira, E.; Martins, J. F. da S.; y Zimmermann, F. J. P. 1979. Resistência de cultivares e linhagens de arroz à broca-do-colo. Pesq. Agropec. Bras. 14(4):317-321.

Martins, J. F. da S. 1987. Resistência de arroz a insetos no Brasil. En: Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuaria – Centro Nacional de Pesquisa de Arroz e Feijão (EMBRAPA-CNPAF). Anais da III Reunião de Pesquisa de Arroz. Documento 25. Goiânia, Brasil. p. 203-222.

Morais, O. P. de; Castro, E. da M. de; y Sant'Ana, E. P. 1997. Selección recurrente en arroz de secano en Brasil. En: Guimarães, E. P. (ed.). Selección recurrente en arroz. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. p. 99-115.

Taillebois, J. y Guimarães, E. P. 1989. CNA-IRAT 5 upland rice population. Int. Rice Res. News 14(3):8.

Variar, M.; Chauhan, J. S.; Maiti, D.; y Chauhan; V. S. 1991. Variations in termite susceptibility in rice varieties. Int. Rice Res. News 16(2):15.

Capítulo 17

Mejoramiento Poblacional del Arroz en El Salvador



Ramón E. Servellón

Ramon E. Servellón

Fitomejorador de arroz del
Centro Nacional de Tecnología Agropecuaria
y Forestal (CENTA) – MAG,
Apdo. Postal 885
San Salvador, El Salvador

Contenido

Resumen

Abstract

Introducción

Mejoramiento Poblacional

Introgresión de Variabilidad

Manejo de Poblaciones

- Derivación de familias $S_{0:1}$
- Avance de generación
- Evaluación de familias $S_{0:2}$

Derivación de Líneas Fijas

Recombinación Génica

Comentarios Finales

Referencias

Resumen

El Programa de Mejoramiento Genético de Arroz (PMGA) de El Salvador inició en 1995 trabajos en mejoramiento poblacional a través de la selección recurrente. Se sintetizó la población CNA-IRAT 4 ES 1; se evaluaron familias $S_{0:2}$ de CNA-IRAT 4/0/6, PCT-7, y CNA-IRAT 4 ES 1\0\0\2; y se dejaron disponibles 73 líneas fijas para evaluaciones de rendimiento de granos. Para éstas últimas se utilizaron los análisis multivariados contemplando respuestas directas e indirectas a selección, así como también el Indice Clásico de Smith y Hazel. El PMGA tiene muchas expectativas con la implementación de la selección recurrente dada su fácil aplicación, reducidos costos de intercruzamientos y alto valor práctico para introgredir nuevos genes (aprovechamiento del gen ms). Para ello se podrían utilizar cultivares de amplia adaptabilidad nacional, manejar reducidas poblaciones segregantes, aumentar frecuencias alélicas favorables a través de la recombinación, derivar líneas fijas, y proporcionar con todo esto una constante y sostenible fuente de variabilidad al programa.

Upland Populational Improvement for El Salvador

Abstract

The El Salvadorian Rice Breeding Program began working with population improvement by recurrent selection in 1995. The first steps were to generate population CNA-IRAT 4 ES 1; evaluate $S_{0:2}$ families from CNA-IRAT 4/0/6, PCT-7, and CNA-IRAT 4 ES 1\0\0\2; and make available 73 fixed lines for yield trials. For yield evaluations, multivariate analysis and the Smith and Hazel Classical Index were used to check the direct and indirect responses to selection. The Rice Program expects significant results from the recurrent selection method because of its easy use, reduced costs for intercrossing, and high practical value for introgressing new genes by taking advantage of the male-sterile gene. The method would allow use of local and widely adapted cultivars; handling of reduced numbers of segregating populations; increase of frequency of favorable alleles through recombination; and fixed-line derivation, and proportioning of a constant and sustainable source of genetic variability for the Rice Program.

Introducción

El Salvador, América Central, con una superficie de apenas 20,000 km^2 y una población estimada de 6 millones de habitantes, es un país eminentemente agrícola donde el cultivo del arroz es fundamental desde el punto de vista económico y social. Durante 1993/98 se cultivaron en promedio 13,138 ha/año en siembra directa en surcos bajo condiciones de secano (85%), y en siembras al voleo bajo riego (15%). Los rendimientos promedios oscilaron de 4286 a 5566 kg/ha en 1994 y 1996, respectivamente (MAG, 1998). En este último año los altos rendimientos fueron resultado de una tasa elevada de adopción de la nueva variedad CENTA A-6. Más adelante tales rendimientos decrecieron hasta niveles de 4390 kg/ha en 1998, en particular por condiciones climáticas y por la quiebra de la resistencia a piricularia.

El mejoramiento genético del arroz en el país se concentra en la introducción de germoplasma fijo o en etapas finales de fijación de programas internacionales como el Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Colombia, o del International Rice Research Institute (IRRI), Filipinas. Los recientes cambios en las estrategias de mejoramiento y de intercambio de germoplasma mejorado de esos centros, en especial del CIAT, afectaron de manera significativa el desarrollo de variedades en El Salvador, lo cual se suma al difícil acceso del país al Fondo Latinoamericano y del Caribe para Arroz de Riego (FLAR). Ese escenario ha limitado el enriquecimiento del germoplasma del programa de mejoramiento genético local.

Al considerar estos dos factores como los principales limitantes del potencial productivo de las variedades, se concluye que la reducida base genética de las poblaciones disponibles y la utilización de métodos convencionales de mejoramiento han conducido a una reducción progresiva e intensa de las oportunidades de recombinación y ganancias genéticas, similar al observado por Rangel *et al.* (1992) en Brasil.

La implementación del mejoramiento poblacional utilizando la selección recurrente, permitirá el enriquecimiento del Programa de Mejoramiento Genético de Arroz (PMGA) en El Salvador a través de:

- La ampliación de la base genética (introducción y sintetización de poblaciones de base genética amplia o introgresión de nueva variabilidad en poblaciones adaptadas).
- La derivación de líneas fijas a partir de la identificación de las mejores familias $S_{0:2}$ de esas poblaciones.
- El aumento de la frecuencia alélica de genes de interés para el programa con los ciclos de recurrencia.

En este capítulo se presentan los avances obtenidos con la utilización de la estrategia de mejoramiento poblacional a través de

la selección recurrente y la introgresión de variabilidad. Además, se describe la metodología utilizada para la extracción de líneas fijas con lo cual se auto abastecerá el PMGA de El Salvador y se obtendrán nuevas variedades.

Mejoramiento Poblacional

El uso de la androesterilidad genética, tomando como base poblaciones que contienen tal gen, ha permitido introgredir genes. En consecuencia, se ha podido crear nuevos acervos genéticos en una forma económica y muy eficaz desde el punto de vista del intercruzamiento a nivel de campo y entre plantas androestériles y fértiles. Aún más importante ha sido el manejo de esas poblaciones a través de la selección recurrente, que permite el aumento de las frecuencias alélicas favorables según la orientación del mejoramiento genético en esas poblaciones a través de la aplicación cíclica de evaluación, selección e intercruzamiento.

Si la aplicación de la selección recurrente tiene como principio la sintetización de poblaciones (Ikehashi y Fujimaki, 1980), el PMGA en el país consideró esta estrategia como una herramienta esencial en la búsqueda de nuevos y mejores germoplasmas. En poblaciones con el gen recesivo de androesterilidad, se tuvo la oportunidad de retomar algunas variedades comerciales tradicionales ya que cada una de ellas cuenta con características especiales, y contar con un nuevo acervo genético que ha permitido obtener recombinantes satisfactorios. Más aún, la selección recurrente podrá conducir a ganancias genéticas más expresivas, que serían muy difíciles de obtener a través de métodos convencionales de endogamia con tales materiales.

Es importante notar que no sólo las variedades comerciales pueden ser utilizadas para la introgresión de genes. Desde el punto de vista genético también se están identificando como progenitores para este programa líneas potenciales lo más divergentes posible.

La extracción de líneas fijas es un componente que no puede dejarse de lado dentro de la aplicación de la selección recurrente, ya que permite abastecer los programas nacionales en forma sostenible de germoplasma recombinante de alta calidad genética (Rangel y Neves, 1997).

Introgresión de Variabilidad

La implementación del mejoramiento poblacional mediante la selección recurrente comenzó en El Salvador en 1995.

En sus inicios se utilizó la población CNA-IRAT 4/0/6 sintetizada e introducida de Embrapa Arroz e Feijão, Brasil. El objetivo de la primera etapa fue extraer familias $S_{0:1}$ para producir líneas fijas. Debido a la ya mencionada dificultad de introducir materiales fijos, se optó

por trabajar con ella sin previa evaluación bajo las condiciones locales, pues ya se conocía ese germoplasma desde Brasil.

Desde la primera siembra se decidió iniciar el proceso de introgresión de variabilidad genética con la finalidad de avanzar en el tiempo y corregir algunos defectos del germoplasma. Como producto de la introgresión se sintetizó la población CNA-IRAT 4 ES 1.

El proceso se inició con la introgresión de cuatro variedades de El Salvador —X-10, CENTA A-1, CENTA A-2, y CENTA A-5— utilizando como fuente de androesterilidad la población CNA-IRAT 4/0/6. Ese germoplasma posee nueve líneas del grupo *índica* y la fuente de androesterilidad IR36 (Rangel y Neves, 1997). Estas variedades comerciales se escogieron por sus buenas características (Cuadro 1). En general, han mostrado buen vigor y macollamiento y características agronómicas deseables para los sistemas productivos, en particular relacionadas con la competencia con malezas; son de ciclo intermedio, semi enanas y resistentes al desgrane con excepción de CENTA A-2. En cuanto a su reacción a enfermedades, la X-10 muestra moderada susceptibilidad a piricularia en la hoja y CENTA A-5, resistencia a piricularia en la hoja y en el cuello pero moderada susceptibilidad a helmintosporiosis y a escaldado de la hoja. Es importante anotar la amplia adaptabilidad y estabilidad de estos cultivares en las áreas arroceras de El Salvador, que en su momento se reflejó en la alta adopción por los productores. En el Cuadro 2 se anotan los progenitores y la participación relativa de las variedades componentes de la población CNA-IRAT 4 ES 1.

Para empezar el desarrollo de la nueva población se tomaron 2000 semillas de la población original (CNA-IRAT 4/0/6) y 250 de cada uno de los cuatro genotipos que iban a componer la nueva población. Para cada caso se fraccionaron en tres partes iguales, se mezclaron físicamente y se realizaron tres siembras en semilleros espaciadas

Cuadro 1. Características de las cuatro variedades comerciales de El Salvador introgredidas utilizando como fuente de androesterilidad genética la población CNA IRAT 4/0/6.

Variedad	Floración (días)	Lg[1]	Desgrane[1]	Bl[1]	NBl[1]	BS[1]	LSc[1]	Rendimiento (kg/ha)	Tipo de grano	Rendim. molino (%)	Grano quebrado (%)	Grano yesoso (%)
X-10	95	1	1	5	3	3	3	6168	Largo	68	15	7.0
CENTA A-1	93	1	1	3	3	3	3	5195	Largo	67	13	6.7
CENTA A-2	105	1	3	3	1	3	3	6493	Largo	66	22	7.0
CENTA A-5	105	1	1	1	1	5	5	7142	Extra largo	69	16	10.0

1. Evaluaciones realizadas utilizando escala de 1 a 9, en la cual 1 representa las características más deseables y 9 las menos. Escala de Evaluación Estándar del IRRI (IRRI, 1988).

Cuadro 2. Composición de la población CNA-IRAT 4 ES 1 derivada de la CNA-IRAT 4/0/6 por la introducción de cuatro variedades del Programa de Mejoramiento Genético de Arroz de El Salvador.

Línea	Cruce	Participación (%)
X-10	IR634-8-2	6.25
CENTA A-1	IR665-23-1-3//IR841-63-5-104-1B/C 46-15	6.25
CENTA A-2	P 761-40-2-1/P 881-19-14-10	6.25
CENTA A-5	P 1274-6-8M-1-3M-1//IR1909-1-3-3/IRAT 8	6.25
CNA-IRAT 4/0/6	Población base portadora del gen **m s**	75.00

ocho días entre sí. A los treinta días se realizó el primer transplante y el segundo y tercero con ocho días de diferencia en surcos alternos a 0.25 x 0.25 m y con una planta por sitio. Con esta práctica de transplante escalonado se buscaba de alguna manera sincronizar la floración para favorecer así el intercruzamiento entre plantas de ciclos diferentes.

Al momento de antesis se identificaron plantas androestériles que presentan anteras blancas y secas, similar a lo descrito por Chatel y Guimarães (1995) y luego se cosecharon individualmente 114 de ellas. Los intercruzamientos ocurrieron al azar en el campo. La nueva composición de la población (Cuadro 2) se estableció en función de la proporción teórica esperada (Chatel y Guimarães, 1995).

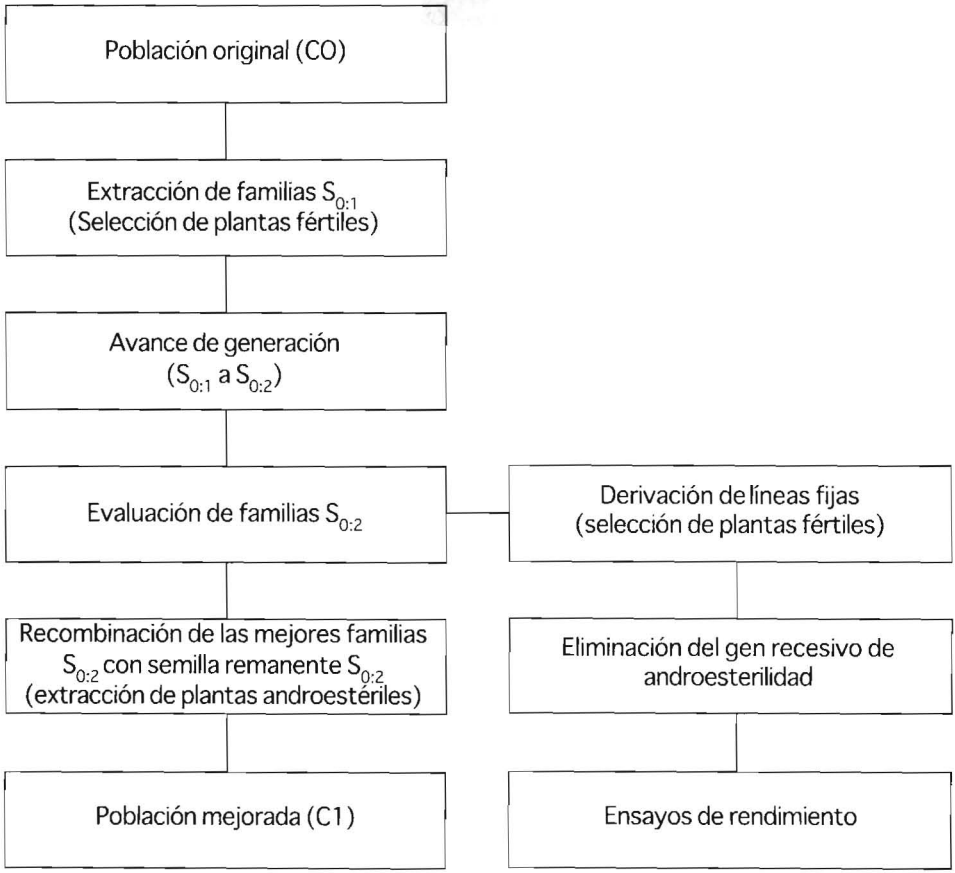
Como la tasa de producción de semillas, por polinización cruzada en plantas androestériles dentro de una población, es del 15% (Rangel y Neves, 1994), de cada una de las 114 plantas cosechadas se contaron 30 semillas que se mezclaron físicamente para asegurar una idéntica participación de cada uno de los genotipos involucrados.

Se sembraron de nuevo, según la metodología ya descrita, y siempre se cosecharon plantas androestériles con el objetivo de llevar la población a un ciclo de recombinación (CNA-IRAT 4 ES 1\0\0\1), y elevar las oportunidades de obtener e identificar mejores recombinantes dentro de la población. Se realizaron dos ciclos de recombinación en dicha población que se denominó CNA-IRAT 4 ES 1\0\0\2.

Manejo de Poblaciones

La selección recurrente no implica únicamente la capacidad de sintetizar nuevas poblaciones o el acceso a las mismas pues su manejo es igual o más importante. La estrategia de mejoramiento poblacional que se utilizará en el El Salvador se incluye en la Figura 1 y sus componentes en los ítems siguientes.

Figura 1. Estrategia de mejoramiento poblacional y extracción de líneas que utilizará el Programa de Mejoramiento Genético de Arroz de El Salvador.



La estrategia requiere que se deriven progenies o familias $S_{0:2}$ de plantas fértiles para que provean el germoplasma necesario para las evaluaciones de rendimiento de granos que se realizarán en diferentes ambientes. Para que ello sea posible es necesario avanzar de generación $S_{0:1}$ a $S_{0:2}$. En esta etapa es importante resaltar que se debe almacenar semilla de las familias $S_{0:1}$ para la etapa de recombinación.

¿Por qué debe realizarse la recombinación con semilla $S_{0:2}$ remanente de familias $S_{0:1}$? Porque para mantener el alelo **ms** en la población durante la aplicación de un esquema de selección recurrente, es necesario observar su frecuencia en cada fase de recombinación.

Desarrollar un esquema de selección recurrente, como el nombre lo sugiere, implica utilizar la recombinación después de cada fase de evaluación y selección. Dado que para llevarlo a cabo en el campo, se utiliza el gen **ms** de esterilidad genética masculina, es preciso contar con una cantidad razonable de plantas de genotipos 'msms'.

Existen tres motivos de igual importancia para ello:

- Asegurar la polinización cruzada.
- Garantizar una cantidad mínima de semilla para la próxima fase de evaluación y selección.
- Impedir la pérdida de variabilidad por derivación genética.

Como la población original S_0, de la cual se extrajeron las familias $S_{0:1}$, es originaria de plantas androestériles, segregó 50% para plantas fértiles y 50% para estériles. Las familias $S_{0:1}$ segregarán en proporción de 75% para plantas fértiles y 25% para androestériles. En familias $S_{0:2}$ se estima una segregación del 83.3% para fértiles y un 16.7% para androestériles. Sin embargo, Rangel y Neves (1994) indican que, en general, en la práctica la frecuencia de las plantas androestériles es aún más baja que la esperada. Con base en la segregación de androesterilidad esperada en las diferentes familias, es conveniente realizar la recombinación con semilla $S_{0:2}$ remanente de familias $S_{0:1}$ para contar con un mayor número de plantas androestériles, y así maximizar el surgimiento de genotipos recombinantes.

La fase de evaluación de familias $S_{0:2}$ no es más que una evaluación de rendimiento en generaciones tempranas, que tendrá mayor éxito en la medida que se implemente en el mayor número posible de ambientes. En esta fase no se debe olvidar que la respuesta del rendimiento de granos se subestima debido a la presencia de genotipos homocigotos recesivos (msms) en las familias bajo evaluación.

Posterior a esta evaluación y selección de las familias genéticamente superiores se realiza la recombinación para la creación de la nueva población mejorada. Además de ello, se pueden extraer líneas fijas y de manera subsecuente eliminar el gen recesivo, que va a alimentar directamente los programas de mejoramiento genético de arroz (Figura 1).

Derivación de familias $S_{0:1}$

Para iniciar el mejoramiento poblacional a partir de la nueva población CNA-IRAT 4 ES 1\0\0\2 se realizó la derivación de las familias $S_{0:1}$ con base en el comportamiento de las plantas S_0 fértiles. La selección utilizó como criterios la sanidad vegetal, el tipo de planta, panícula y grano, todo ello a la madurez fisiológica. Estas plantas identificadas se cosecharon de manera individual cada una, formando familias $S_{0:1}$ para un total de 101. Para el desarrollo de líneas fijas se empleó un procedimiento similar en la población base CNA-IRAT 4/0/6, de donde se seleccionaron 153 plantas S_0 fértiles.

Esta etapa se realizó en el Centro Nacional de Tecnología Agropecuaria y Forestal (CENTA)— estación ubicada a 33 km al poniente de San Salvador, El Salvador y a 460 msnm— durante la época lluviosa (junio a octubre) de 1997.

Las poblaciones PCT-7 y PCT-8, que se introdujeron al país en 1995 gracias a la cooperación del CIAT, se sembraron en 1996, en la Estación Experimental de Santa Cruz Porrillo, bajo sistema de siembra de transplante colocando una planta por sitio a 0.35 x 0.25 m. Cuando alcanzaron madurez fisiológica se seleccionaron plantas fértiles en forma individual y se obtuvo un total de 141 plantas de la PCT-7 y 97 de la PCT-8.

Cabe mencionar que además de las poblaciones PCT-7 y PCT-8 también se recibieron del CIAT las poblaciones PCT-6 y PCT-9 que aún no se han trabajado.

Avance de generación

De cada una de las 101 plantas (familias $S_{0:1}$) seleccionadas se tomó el 50% de las semillas $S_{0:2}$ como remanente, y el resto se sembró en dos surcos de 5.0 m a 0.30 m por familia para obtener familias $S_{0:2}$ e incrementar semilla para las evaluaciones posteriores en diferentes ambientes y con diseño experimental. Este avance de generación se realizó en la intercosecha 1997/98 en campos de experimentación de la Unidad de Semilla Básica del CENTA.

Además de la razón que ya se expuso, se almacenan semillas de las familias $S_{0:1}$ para en fecha posterior realizar la recombinación génica entre las mejores familias $S_{0:2}$. Para ello es necesario mantener un registro de familias evaluadas en concordancia con las almacenadas.

Evaluación de familias $S_{0:2}$

La evaluación de las 101 familias $S_{0:2}$ provenientes de la población CNA-IRAT 4 ES 1\0\0\2 se realizó durante el año de 1998 en dos ambientes: la Estación Experimental de San Andrés y la de Santa Cruz Porrillo a 460 y 30 msnm, respectivamente. Se utilizó siembra directa en surcos distanciados a 0.30 m a chorro seguido con una densidad poblacional de alrededor de 100 kg/ha. Se empleó un diseño experimental de látice triple 7x7 en parcelas de tres surcos de 5.0 m de largo y se utilizó como testigo el cultivar CENTA A-6. El reducido número de localidades y de líneas evaluadas se debe a la disponibilidad de recursos para las evaluaciones. Se buscó evaluar las mejores 48 líneas en dos sitios representativos del ecosistema en que se siembra el arroz en el país.

Como fuentes de respuesta se tomaron las variables floración, altura de planta, tamaño de panícula, rendimiento de granos y reacción a enfermedades (piricularia en la hoja y en el cuello, helmintosporiosis y escaldado de la hoja). Todas ellas se tomaron en el surco central de la unidad experimental.

El análisis estadístico se basó en el Indice Clásico de Smith (1936) y Hazel (1943) y se analizaron sus respuestas directas e indirectas a selección. Ese trabajo se realizó utilizando el Programa Genes desarrollado por Cruz (1990) en la Universidade Federal de Viçosa, Brasil.

Las respuestas estimadas a selección directa e indirecta de siete caracteres se presentan en el Cuadro 3 y las esperadas con selección basada en el Indice Clásico, en el Cuadro 4. La selección practicada apenas sobre una característica principal, con frecuencia representada por el rendimiento de granos, es reconocida como selección directa. En ella es fundamental el conocimiento de la magnitud de las respuestas correlacionadas esperadas en otras características (Morais, 1992), en particular en proyectos de mediano y largo plazo como es el mejoramiento poblacional.

Uno de los aspectos negativos de la selección directa es la obtención frecuente de respuestas indirectas indeseables en algunas características importantes (Cuadro 3). Por ejemplo, si se realizara selección directa para altura de planta y tamaño de panícula se obtendrían ganancias genéticas del orden del -3.40% y 2.71%, respectivamente. Sin embargo, también se obtendría estimaciones en el mismo orden de 0.03% y 1.51% para la variable rendimiento de granos. Si se realiza selección directa para rendimiento de granos se podría obtener una ganancia del 20.91%.

Una de las alternativas para contrarrestar este efecto es utilizar el Indice de Selección que según Pirchner (1983), se define como la combinación de informaciones sobre características de un mismo individuo o de diferentes que se utiliza como criterio de selección. El Indice de Selección consiste en una ecuación de regresión múltiple en la cual los valores genéticos de los candidatos a selección corresponden a la variable dependiente y las informaciones registradas sobre los mismos y/o sobre sus parientes, representan las variables independientes.

En la teoría clásica de Indice de Selección los coeficientes genéticos son conocidos como pesos económicos. Bajo esa concepción su aplicación en mejoramiento vegetal se complica, pues en ese caso el mejorador considera caracteres para los cuales es difícil establecer un valor económico relativo con nivel de precisión. Para ello Morais (1992) sugiere establecer de manera experimental pesos para los valores genéticos relativos a las características bajo selección, de tal forma que permita la identificación de las unidades capaces de proporcionar ganancias en el sentido deseado y en lo posible para todas las características de interés, tomando en consideración las características de la población y las metas propuestas. Sugiere además denominar esos pesos como coeficientes genéticos.

En el Cuadro 4 se incluyen los valores de los coeficientes genéticos atribuidos en forma experimental que permitieron mayores ganancias genéticas para todos los caracteres en consideración. En tal caso se estimó una ganancia del 19.39% para rendimiento de granos, 0.45% para el tamaño de panícula, y se redujo la susceptibilidad a enfermedades y la altura de planta.

Cuadro 3. Estimativas de las respuestas a la selección directa e indirecta expresadas en porcentaje de las medias, referente a siete características evaluadas en la población CNA-IRAT 4 ES 1\0\0\2, en El Salvador, en 1998.

Selección directa en	Media de familias	Flor (días)	Altura de planta (cm)	Tamaño de panícula (cm)	Bl	BS	LSc	Rend. de granos (kg/ha)
Floración	77.8	-3.01	0.50	-0.23	0.07	0.90	-0.51	6.32
Altura planta	125.8	2.40	-3.40	-0.53	6.16	0.84	-0.24	0.03
Tamaño panícula	23.4	-0.53	0.41	2.71	-3.43	0.57	0.37	1.51
Bl	1.1	0.05	0.01	0.15	-5.10	-1.18	0.54	0.15
BS	2.3	0.39	0.77	-0.19	-3.11	-3.09	-0.41	-1.17
LSc	2.9	0.90	-0.10	-0.27	7.32	0.26	-1.99	3.40
Rendimiento de granos	2534.1	-0.23	-0.98	0.13	6.93	0.59	-0.54	20.91

Cuadro 4. Cálculo de media original, media de individuos seleccionados, coeficientes genéticos, respuesta esperada en cada característica con selección con base en el Indice Clásico y respuesta esperada con la selección directa en la población CNA-IRAT 4 ES 1\0\0\2, en El Salvador, en 1998.

Carácter	Media original	Media individuos seleccionados	Coeficientes genéticos	Respuesta a Indice Clásico	Respuesta a selección directa
Flor (días)	77.8	78.4	0	0.74	-3.01
Altura planta (cm)	125.8	122.4	0	-1.63	-3.40
Tamaño panícula (cm)	23.4	23.6	0	0.45	2.71
Bl	1.05	1.0	-1000	-3.43	-5.10
BS	2.3	2.2	-1000	-0.01	-3.09
LSc	2.9	2.7	-1000	-0.61	-1.99
Rendimiento de granos (kg/ha)	2534.1	3376.8	1000	19.39	20.91

Con base en los resultados del Cuadro 4 y desde el punto de vista genético, se seleccionaron como superiores 11 de las 48 familias evaluadas. Estas 11 familias $S_{0:2}$ seleccionadas para el año agrícola 1999/2000 se van a trabajar bajo dos esquemas paralelos:

- Extracción de líneas fijas para lo cual se sembrarán lotes de 100 m² por familia. Para conformar familias $S_{3:4}$ a la madurez fisiológica se seleccionarán las plantas fértiles con base a tipo de planta, sanidad vegetal, tipo de panícula y grano.

- Recombinación genética entre las mejores 11 familias $S_{0:2}$ pero con semilla remanente $S_{0:2}$ por las razones ya expuestas. En esta fase se cosecharán plantas estériles para obtener así la nueva población mejorada.

Un procedimiento similar se utilizó para la población CNA-IRAT 4/0/6. Las familias $S_{0:2}$ se evaluaron durante el año 1996 en tres ambientes, las Estaciones Experimentales de San Andrés, Santa Cruz Porrillo y Ahuachapán. La siembra y las evaluaciones fueron similares a aquellas empleadas con los materiales provenientes de la población CNA-IRAT 4 ES 1\0\0\2 pero, debido al número de familias se utilizaron ensayos en látice duplo 10x10. Por razones similares a las ya anotadas se redujo el número de líneas a 99.

En los Cuadros 5 y 6 se incluyen las respuestas a selección directa e indirecta y la estimativa de respuesta esperada sobre la base del Indice Clásico de selección, respectivamente. En la selección directa se observa que por el hecho de que la mayoría de las características están correlacionadas entre sí por lo menos de manera parcial, pueden ocurrir cambios indeseables en otras, en menor o mayor magnitud. Es obvio que es deseable, como en cualquier programa de mejoramiento, obtener respuestas favorables en todas las características de importancia.

En el Cuadro 6 se muestra que las ganancias genéticas para rendimiento de granos son muy semejantes en los dos métodos. Sin embargo, para los caracteres vigor, macollamiento y floración, se obtienen ganancias deseables mediante el Indice Clásico, y por selección directa ganancias no deseables para macollamiento (-7.77%) y muy promisorias (-35.06%) para escaldado de la hoja.

Cuadro 5. Estimativas de las respuestas a selección directa e indirecta expresadas en porcentajes de las medias de siete características evaluadas en familias $S_{0:2}$ derivadas de la población de arroz CNA-IRAT 4/0/6, en El Salvador, 1996.

Selección directa en	Media de familias	Vg	Lg	Flor (días)	Altura de planta (cm)	Tamaño de panícula (cm)	LSc	Rend. de granos (kg/ha)
Vg	3.79	29.05	2.87	0.07	-3.48	-1.12	3.52	2.97
Lg	4.21	-8.39	-7.77	1.56	2.18	0.68	17.63	-2.58
Flor	89.27	-10.29	0.81	-6.76	2.22	0.47	-13.49	0.74
Altura planta	107.57	16.77	1.80	3.51	-11.23	-2.37	8.00	-4.14
Tamaño panícula	24.42	-5.59	-0.76	-1.82	6.27	4.58	-8.05	4.13
LSc	3.05	-4.30	2.15	-2.50	0.15	0.27	-35.06	1.55
Rendimiento de granos	4309	2.22	1.01	0.73	2.18	0.33	-3.30	14.02

Cuadro 6. Cálculo de media original, media de los individuos seleccionados, coeficientes genéticos, respuesta esperada en cada característica con selección en base al Indice Clásico y respuesta esperada con la selección directa en familias $S_{0:2}$ provenientes de la población CNA IRAT 4/0/6, en El Salvador, 1996.

Caracter	Media original	Media individuos seleccionados	Coeficientes genéticos	Respuesta a Indice Clásico	Respuesta a selección directa
Vigor	3.79	3.85	0	0.89	29.05
Macollamiento	4.21	4.35	0	0.95	-7.77
Flor (días)	89.27	89.00	-100	-0.43	-6.76
Altura planta (cm)	107.57	111.97	-500	3.19	-11.23
Tamaño panícula (cm)	24.42	24.53	0	0.23	4.58
LSc	3.05	2.93	-100	-2.44	-35.06
Rendimiento de granos (kg/ha)	4309	5453.27	500	13.91	14.02

En general, al seleccionar bajo el Indice Clásico se podrá obtener una población mejorada aumentando su capacidad de rendimiento de granos, vigor y macollamiento, al mismo tiempo que se reduce su período de floración y se aumenta su tolerancia a escaldado de la hoja. De la evaluación realizada se identificaron como potenciales 25 familias $S_{0:2}$.

De las familias $S_{0:2}$ provenientes de la población PCT-7 en 1997 se realizaron las evaluaciones en las Estaciones Experimentales de San Andrés y Ahuachapán. Se utilizó un diseño experimental de látice triple 10x10 en sistema de siembra directa en surcos a 0.30 m y 5.0 m de largo, a razón de 100 kg/ha de semilla con unidades experimentales de tres surcos.

El Cuadro 7 muestra las estimativas a respuestas a selección directa e indirecta sobre las variables evaluadas e ilustra de manera clara los efectos correlacionados entre cada par de caracteres, y su influencia (positiva o negativa) en la selección directa.

Como ejemplo de ello se puede citar el comportamiento de la variable rendimiento de granos cuya respuesta a selección directa se estima en el orden del 36.41%. Sin embargo, su respuesta indirecta cuando se selecciona de manera directa en flor, altura de planta, tamaño de panícula, acame, piricularia en la hoja (BI) y en el cuello (NBI), es de 14.45%, 8.30%, -3.03%, -0.05%, -0.92% y 3.15%, respectivamente (Cuadro 7). Esto significa que los fitomejoradores deben tomar en consideración los efectos correlacionados entre las variables analizadas pues al no hacerlo podrían incurrir en errores de selección. Con base en lo anterior se seleccionaron 23 familias $S_{0:2}$.

Cuadro 7. Estimativas de las respuestas a la selección directa e indirecta en características evaluadas en familias $S_{0:2}$ derivadas de la población PCT-7.

Selección directa en	Media de familias	Flor (días)	Altura de planta (cm)	Tamaño de panícula (cm)	Acame	BI	NBI	Rend. de granos (kg/ha)
Flor	87.34	-6.87	1.99	0.68	52.40	-0.62	-0.66	14.45
Altura planta	109.88	2.19	-13.98	-2.97	-42.65	14.13	1.99	8.30
Tamaño panícula	23.04	-1.38	5.06	7.19	-4.75	4.29	1.99	-3.03
Acame	2.31	2.78	-2.74	0.21	-73.08	-3.07	1.99	-0.05
BI	1.09	-1.52	5.02	-0.43	27.66	-8.04	-0.66	-0.92
NBI	1.00	0.04	-3.40	-1.29	-8.09	-3.07	-0.66	3.15
Rendimiento de granos	2940	-0.87	-3.30	-1.67	27.11	16.57	-0.66	36.41

Derivación de Líneas Fijas

De las 25 familias seleccionadas de la población CNA IRAT 4/0/6 durante 1996, se sembraron sólo 14 familias en parcelas de 20 m^2 cada una. A la madurez fisiológica se seleccionaron y cosecharon de manera individual sobre la base de sanidad vegetal, tipo de planta, panícula, grano y plantas fértiles.

Esta derivación de líneas sólo fue posible en tres de ellas debido al alto porcentaje de acame y susceptibilidad a BI y NBI, para un total de 102 plantas (líneas) derivadas.

Para producir líneas fijas que puedan llegar a ser recomendadas como variedades es necesario que se elimine el gen recesivo de androesterilidad. Partiendo de la derivación de líneas fijas sobre la base de la selección de plantas androfértiles, se debe considerar que los genotipos probables de éstas serían plantas heterocigotas (Msms) y homocigotas (MsMs). De hecho sólo aquellas de genotipos heterocigotas podrían segregar para plantas androestériles.

Para eliminar el gen se recurrió a la autofecundación sembrando dos surcos de 5.0 m distanciados a 0.30 m por línea derivada y eliminando aquellas en las cuales se presentara al menos una planta androestéril. De esta forma se aseguró que todas las plantas cosechadas en masal fueran del genotipo MsMs.

Además de la eliminación de líneas por aparecimiento de plantas androestériles, también se realizó selección de líneas por aspectos fenotípicos en las familias seleccionadas de la población CNA-IRAT 4/0/6 y se obtuvo un total de 73 líneas fijas.

La población (CNA-IRAT 4/0/6) fue sintetizada e introducida de Embrapa Arroz e Feijão al PMGA de El Salvador. Estas líneas fijas formarán parte de los ensayos de evaluación de rendimiento que se realizarán en el año agrícola de 1999/2000 en el ámbito nacional.

Recombinación Génica

Como ya se mencionó la selección recurrente es un método que permite incrementar gradualmente a través de ciclos de evaluación, selección y recombinación, la frecuencia de genes y combinaciones genéticas deseables manteniendo sin deterioro aparente la variabilidad genética de la población. Ospina *et al.* (1997) reportan que el número de ciclos de recombinación para crear una nueva población puede variar de uno a tres.

El manejo poblacional del germoplasma trabajado por el PMGA de El Salvador considera para la fase de recombinación el uso de semillas remanente de las familias $S_{0:1}$ y solamente un ciclo de recombinación para generar la población para iniciar el nuevo ciclo de recurrencia. Esta etapa, sin embargo, aún no se ha realizado.

Comentarios Finales

El uso del análisis multivariado ofrece al fitomejorador mejores elementos de juicio para seleccionar germoplasma de alto valor genético, pues en la selección directa se considera apenas una característica principal durante un determinado número de generaciones. Esta característica con frecuencia es el rendimiento de granos. En ese tipo de selección es fundamental el conocimiento de las magnitudes de las respuestas correlacionadas esperadas en otras características, para así evaluar la validez práctica de continuar realizando la selección directa a favor apenas de la característica principal (Robinson *et al.*, 1951; Vencovsky, 1969; Hallauer y Miranda-Filho, 1981).

En la selección directa es evidente que por el hecho de que la mayoría de las características están por lo menos parcialmente correlacionadas entre sí, pueden ocurrir otros cambios indeseables en menor o mayor magnitud (Cuadros 3, 5 y 7).

Es importante añadir que el mejoramiento poblacional en El Salvador se realiza con el ánimo de identificar ideotipos con resistencia o tolerancia a enfermedades (en particular a piricularia en la hoja y en el cuello), plantas semienanas de ciclo intermedio resistentes al acame y al desgrane, buena excersión de panícula, alto macollamiento y muy vigorosas. Además es fundamental no olvidar su excelente capacidad de rendimiento de granos y la calidad de los mismos.

Tratar de obtener individuos con todas esas características podría ser utópico pero la puesta en marcha de estrategias como el mejoramiento

poblacional entre otras, van a ayudar de manera significativa a la búsqueda de esos objetivos en el PMGA.

Por último es importante señalar las principales ventajas del uso de la selección recurrente en el Programa que, en concordancia con Geraldi (1997), pueden resumirse así:

- Obtención de mayor variabilidad genética por el cruzamiento de mayor número de progenitores.
- Mayor oportunidad de recombinación debido a los cruzamientos sucesivos.
- Mayor eficiencia en el aumento de las frecuencias de los genes favorables debido a un proceso repetitivo y acumulativo.
- Mayor facilidad para la incorporación de germoplasma en las poblaciones.

El PMGA de El Salvador ha cumplido la primera etapa del mejoramiento poblacional. Los resultados preliminares han generado expectativas positivas con la implementación de la selección recurrente como estrategia de mejoramiento. Su fácil aplicación, reducidos costos de intercruzamientos, alto valor práctico para introgredir nuevos genes (aprovechamiento del gen **ms**), manejo de reducidas poblaciones segregantes, aumento de frecuencias alélicas favorables a través de la recombinación y derivación de líneas fijas, proporciona una constante y sostenible fuente de variabilidad al programa.

Referencias

Chatel, M. y Guimarães, E. P. 1995. Selección recurrente con androesterilidad en arroz. Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement-Départment des cultures annuelles (CIRAD-CA) y Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. 70 p.

Cruz, C. D. 1990. Programa Genes. Analise de modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Universidade Federal de Viçosa (UFV), Viçosa, Brasil. (Software).

Geraldi, I. O. 1997. Selección recurrente en el mejoramiento de plantas. En: Guimarães, E. P. (ed.). Selección recurrente en arroz. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. p. 3-11.

Hallauer, A. R. y Miranda-Filho, J. B. 1981. Quantitative genetics in mayze breeding. Iowa State University Press, Iowa, USA. 468 p.

Hazel, L. N. 1943. The genetic basis for constructing selection indexes. Genetics 28:476-490.

Ikehashi, H. y Fujimaki, H. 1980. Modified bulk population method for rice breeding. En: Innovative approaches to rice breeding. Selected papers from the 1979 International Rice Research Conference. International Rice Research Institute (IRRI), Los Baños, Philippines. p. 163-182.

IRRI (International Rice Research Institute). 1988. Standard evaluation system for rice. 3a. ed. Los Baños, Philippines. 54 p.

MAG (Ministerio de Agricultura y Ganadería). 1998. Dirección general de economía agropecuaria. Censos Estadísticos 1998. 86 p.

Morais, O. P. de. 1992. Análise multivariada da divergência genética dos progenitores, índices de seleção e seleção combinada numa população de arroz oriunda de intercruzamentos, usando macho-esterilidade. Tesis, Doct. Universidade de Viçosa (UFV), Viçosa, Brasil. 251 p.

Ospina, Y.; Borrero, J. ; Guimarães, E. P.; y Chatel, M. 1997. Ciclo de intercruzamiento y variabilidad genética en poblaciones de arroz. En: Guimarães, E. P. (ed.). Selección recurrente en arroz. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. p. 45-53.

Pirchner, F. 1983. Population genetics in animal breeding. New York: Plenum, New York, USA. 414 p.

Rangel, P. H. N.; Neves, P. de C. F.; y Morais, O. P. de. 1992. La selección recurrente recombina genes en el arroz de riego. Arroz en las Américas 13(2):2-4.

Rangel, P. H. N. y Neves, P. de C. F. 1994. Guia para sintetização, manutenção, melhoramento, seleção de linhagens, introdução de nova variabilidade e populações segregando para um gene recessivo de esterilidade masculina disponíveis no CNPAF. Centro Nacional de Pesquisa de Arroz e Feijão-Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (CNPAF-EMBRAPA), Goiânia, Brasil. 20 p.

Rangel, P. H. N. y Neves, P. de C. F. 1997. Selección recurrente aplicada al arroz de riego en Brasil. En: Guimarães, E. P. (ed.). Selección recurrente en arroz. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. p. 79-97.

Robinson, H. F.; Comstock, R. E.; y Harvey, P. H. 1951. Genotypic and phenotypic correlations in corn and their applications in selections. Agronomy Journal 43:282-287.

Smith, H. F. 1936. A discriminate function for plant selection. Ann. Eugenics 7:240-250.

Vencovsky, R. 1969. Genética quantitativa. En: Kerr, W. E. (ed.). Melhoramento e genética. Editora Melhoramento, São Paulo, Brasil. p. 17-38.

Capítulo 18

Mejoramiento de Arroz en Bolivia: Caracterización de Poblaciones y Uso del Mejoramiento Poblacional



Roger Taboada

Roger Taboada
René Guzmán
Jaqueline Hurtado

Investigadores del Programa de Arroz
del Centro de Investigación Agrícola
Tropical (CIAT-Bolivia),
Casilla 247, Santa Cruz, Bolivia;
Correo electrónico:
rtaboada@ciatbo.org

Contenido

Resumen

Abstract

Introducción

Caracterización de Poblaciones

Planes Futuros

Consideraciones Finales

Referencias

Resumen

El objetivo primordial de la investigación que realiza el Centro de Investigación Agrícola Tropical (CIAT-Bolivia) es desarrollar y obtener variedades más productivas y resistentes o tolerantes a las principales enfermedades. Después de muchos años de un proceso de investigación lento y dependiente de centros internacionales se busca iniciar una nueva alternativa de investigación. Los trabajos básicos para el uso del mejoramiento poblacional en Bolivia, se iniciaron en 1997, con la introducción y caracterización de las poblaciones CNA-7, PCT-5, y PCT-4. Las características evaluadas fueron altura de planta, ciclo, número de macollas, panículas por planta y reacción a las principales enfermedades. De la población CNA-7 se seleccionaron 13 individuos que además de que van a formar parte del proceso de desarrollo de líneas, van a constituir un segundo ciclo de recombinación de la población. Las PCT-5 y PCT-4 se caracterizaron y compararon entre sí, y se escogió esta última por presentar mejor adaptación a las condiciones locales. Esos resultados permitieron dibujar un plan de trabajo que en principio se basa en la selección masal y que más adelante tendrá como base la evaluación de familias $S_{0:2}$. Ello va a requerir el apoyo de otros países para el avance de generación y la etapa de recombinación.

Rice Breeding for Bolivia: Characterization and Use of Populational Improvement

Abstract

The Centro de Investigación Agrícola Tropical (CIAT-Bolivia), aims to develop higher yielding varieties with resistance to or tolerance of major diseases. After many years of slow research that was dependent on international organizations, we tried population improvement by recurrent selection. Basic work began in 1997 with introducing and characterizing populations CNA-7, PCT-5, and PCT-4. Traits evaluated were plant height, growth cycle, numbers of tillers and panicles per plant, and reaction to major diseases. We selected 13 plants from population CNA-7 that would not only be incorporated into line development, but would also constitute the second recurrent cycle of that population. After characterizing and comparing populations PCT-5 and PCT-4, we chose the latter, which was better adapted to local conditions. These results allowed us to design a work plan that will first be based on mass selection and, later, on evaluation of $S_{0:2}$ families. Collaboration from other countries will be needed for generation advance and the recombination stage.

Introducción

En Bolivia se cultivan alrededor de 140,000 ha de arroz —cuya mayor área (100,000 ha) se concentra en Santa Cruz— de las cuales 70,000 son mecanizadas y 30,000, sembradas bajo el sistema manual de corte y quema.

Para disponer de variedades para esos agricultores el Programa de Mejoramiento Genético del Arroz de Bolivia (PMGA), nace en 1974 con el Centro de Investigación Agrícola Tropical (CIAT-Santa Cruz, Bolivia). En sus etapas iniciales depende, casi que de manera exclusiva, de la introducción de líneas fijas y variedades de los diferentes centros internacionales de investigación como el Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Colombia. De ese centro, a través de la Red Internacional de Evaluación Genética del Arroz para América Latina y el Caribe (INGER-LAC), antes IRTP, se recibía 80% del germoplasma introducido. Para completar el total, uno 10% se obtenía del International Rice Research Institute (IRRI), Filipinas, y el resto de Embrapa Arroz e Feijão, Brasil, y de programas nacionales del Cono Sur.

Como resultado de ese esfuerzo fue posible recomendar las primeras variedades para los pequeños productores: Dourado y Pico Negro, de porte alto, con poco macollamiento y granos medio. Más adelante se liberaron las variedades Bluebonnet; Bluebelle e IR-Dominicano, está última de origen desconocido, de porte bajo y con buena capacidad de macollamiento.

A principios de los 80 se liberó la variedad CICA 8 y la IR 1529. En este período, con la colaboración de Japan International Coorporation Agency (JICA), se lograron avances significativos en la producción del arroz. Se logró mejorar los aspectos agronómicos del cultivo en las diferentes regiones productoras, y se estudio el cultivo bajo riego. Además se mejoró la producción de semilla genética y básica (CIAT-JICA, 1994 y Rapp, 1996).

Desde su lanzamiento la variedad CICA 8 fue la más cultivada y en la actualidad continúa sembrándose en un 20% a 30% del área mecanizada. En 1988, también con el aporte técnico de JICA, se modificó la estrategia de investigación en el área de mejoramiento genético del arroz, dando como resultado la liberación periódica de nuevas variedades recomendadas para los diferentes sistemas de producción del Departamento de Santa Cruz. En ese mismo año se inician los primeros cruzamientos con material adaptado a la región con el objetivo de desarrollar germoplasma propio y disminuir la dependencia de los programas internacionales.

Entre 1992 y 1999 se liberaron siete nuevas variedades de arroz para los diferentes ecosistemas de producción arrocera de Bolivia. Guzmán (1995), en su trabajo sobre las nuevas variedades de secano Sacia 1 (Tacú) y Sacia 2 (Tari), describe las bases de la estrategia de

mejoramiento que permitió la liberación de esos materiales utilizando introducciones, evaluación y selección de germoplasma.

No obstante que el principal problema de productividad del cultivo en la zona mecanizada es la piricularia, se ha progresado poco en la obtención de líneas resistentes a la enfermedad. Después de evaluar las alternativas de mejoramiento disponibles y de conocer los trabajos que desarrollan el CIAT-Colombia y Embrapa Arroz e Feijão se decidió que el mejoramiento poblacional —utilizando la selección recurrente— sería la mejor estrategia a mediano plazo para resolver ese problema a través de líneas resistentes obtenidas de las poblaciones mejoradas. De esa manera en 1997 se inició un proyecto que incorporaba al PMGA tres poblaciones: CNA-7, PCT-5, y PCT-4. Para ello se contó con el constante asesoramiento técnico de investigadores que ya trabajan con la metodología en otros países.

Cabe resaltar que en 1998 Bolivia, a través del Consejo Nacional Arrocero (CONARROZ), ingresó al Fondo Latinoamericano y del Caribe para Arroz de Riego (FLAR), e inició un proceso de introducción de germoplasma y producción del arroz bajo riego, hecho que se constituye como otra alternativa para la obtención de mejores resultados en la producción arrocera del país. La adopción de nuevas alternativas como el mejoramiento poblacional en el Programa de Arroz del CIAT-Bolivia significa un gran avance hacia los objetivos propuestos:

- Variedades resistentes a enfermedades tales como piricularia y escaldado de la hoja.
- Materiales con tolerancia a períodos alternados de sequía y por ende materiales con un buen potencial de rendimiento y calidad de grano.

Caracterización de Poblaciones

Como ya se indicó antes, el mejoramiento poblacional, mediante el método de selección recurrente, para los propósitos del PMGA, es una alternativa recomendable. Es posible que éste produzca los resultados esperados, en particular, por el apoyo y los resultados obtenidos por Embrapa Arroz e Feijão y por el proyecto colaborativo CIAT/CIRAD (Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement). Por esa razón se decidió la introducción de las poblaciones CNA-7, PCT-5, y PCT-4.

Las características básicas de cada una de las poblaciones introducidas, son:

- **CNA-7:** desarrollada por Embrapa Arroz e Feijão utilizando las poblaciones CNA-IRAT 5 y CNA-IRAT 9 como fuente base de la androesterilidad e introduciendo en ellas 21 líneas resistentes a piricularia.
- **PCT-5:** es el resultado de la introducción de 27 líneas de secano de Brasil y África en la población CNA-IRAT 5 (Chatel *et al.*, 1997).

- **PCT-4** —según descripción de Chatel *et al.* (1997)— es resultado de la introducción de siete líneas de secano (cinco del CIAT, una del IRRI y otra de Brasil) en la población de origen *japónica* CNA-IRAT A que, a su vez, resultó de la CNA-IRAT 5.

Las tres poblaciones presentan en común las siguientes características:

- Poseen el gen nuclear recesivo causante de la esterilidad masculina originario de la IR36 (Singh e Ikehashi, 1981).
- Se crearon para condiciones de secano.
- Presentan maduración temprana.
- Poseen genes de resistentes a piricularia.

El germoplasma introducido se sembró en octubre de 1997 en la Estación Experimental Agrícola de Saavedra (EEAS), ubicada a 62 km al norte de la ciudad de Santa Cruz, cuyas coordenadas geográficas son 17°14' LS y 63°10' LO. La estación está ubicada a una altitud de 320 msnm con una precipitación promedio anual de 1226 mm y una temperatura promedio de 24°C. De cada una de las poblaciones se sembraron 2000 semillas espaciadas 0.30 m entre y dentro del surco y se estableció una planta por sitio. La siembra se realizó en dos épocas con 1000 semillas en cada una, y con intervalo de 8 días para contribuir con un mejor intercruzamiento natural de las plantas androestériles con las plantas fértiles de diferentes ciclos.

Para evitar la contaminación con polen de plantas indeseables de arroz que no pertenecen a la población, se sembró maíz con alta densidad alrededor de las parcelas establecidas. Cada germoplasma se caracterizó por su altura de planta, número de macollas y panículas por planta, reacción a enfermedades y días a floración media que se registró cuando el 50% de las plantas de la población tenían panículas emergidas.

La selección de plantas se basó en los siguientes parámetros:

- Reacción de resistencia a piricularia (en la hoja y en el cuello).
- Helmintosporiosis y escaldado de la hoja (escala 0-3 del IRRI, 1988).
- Ciclo vegetativo corto, menor que 125 días a cosecha.
- Resistencia al acame.
- Buena capacidad de macollamiento.
- Buena arquitectura de planta.

Para la población CNA-7 las características se tomaron de manera separada para plantas fértiles y androestériles y se marcaron con cintas de colores en el momento de la floración, siguiendo las recomendaciones de Chatel y Guimarães (1995). El conteo de plantas fértiles y androestériles presentó una relación de 92.5% para plantas fértiles y 7.5% para plantas androestériles que permitió la cosecha de 97 plantas androestériles y 1293 fértiles. Las primeras se

mezclaron en proporciones iguales para conformar una nueva población y dar inicio a otro ciclo de recurrencia.

En cuanto a la altura de plantas se evaluaron 389 plantas de las cuales 97 eran androestériles y 292, fértiles. Los datos se presentan en el Cuadro 1 donde se muestran tres rangos. Las plantas androestériles se encuentran en su mayoría entre 101-130 cm de altura, mientras que la mayoría de las fértiles se ubican entre 131-160 cm. El promedio general indicó que las plantas fértiles fueron 13 cm más altas que las androestériles.

En el Cuadro 2 se observa el número de panículas/planta. La mayor frecuencia de plantas con androesterilidad se encuentra en el rango de 11-20 panículas/planta, mientras que en las plantas fértiles el mayor número de plantas se encuentra en el rango menor a 10 panículas/planta.

Para aprovechar la siembra y las evaluaciones de la población CNA-7, se alcanzaron a seleccionar 13 individuos que poseen buenas características tanto agronómicas como de resistencia a enfermedades. Ese material será incorporado al programa convencional de desarrollo de líneas y continuará su proceso de mejoramiento hasta la obtención de líneas fijas.

De acuerdo con los resultados obtenidos con las poblaciones PCT-5 y PCT-4, esta última fue la que presentó mejor adaptación a las condiciones locales y la que mostró características favorables de interés para nuestros propósitos como ciclo corto (80 días a floración), altura de planta intermedia (108 cm), resistencia a enfermedades y buena capacidad de macollamiento (Cuadros 1 y 2). El número promedio de panículas por planta para la población PCT-4 fue 16.1, con una desviación estándar de 6.5. La

Cuadro 1. Altura de planta (en cm) en plantas distribuidas en los tres rangos según las poblaciones CNA-7, PCT-5, y PCT-4. Para la población CNA-7 se considera los rangos independientes para plantas fértiles y androestériles. Datos obtenidos en la Estación Experimental Agrícola de Saavedra, Bolivia, año agrícola 1997/98.

Rango	Plantas androestériles CNA-7	Plantas fértiles CNA-7	PCT-5	PCT-4
70 - 100	22 (23)[1]	26 (9)	3	44
101 - 130	50 (51)	108 (37)	106	153
131 - 160	25 (26)	158 (54)	91	3
Total	97	292	200	200
Promedio	115.9	128.9	130.1	108.0
Desviación estándar	-	-	13.8	10.1

1. El número en paréntesis representa el porcentage del total de plantas evaluadas.

población PCT-5 reportó una menor capacidad de producción de panículas por planta con media de 13.8 aunque con mayor desviación estándar de 8.7.

Para el mejoramiento de la población PCT-4 para condiciones de secano no favorecido se realizó la selección masal en las plantas androestériles. Se seleccionaron 241 plantas androestériles con una presión de selección de 40%. Las plantas indeseables se descartaron durante la cosecha, lo mismo que plantas fértiles y estériles antes de la floración, para sólo tener fuente de polen de plantas fenotípicamente deseables y practicar selección masal en ambos sexos.

De las 241 plantas con esterilidad masculina seleccionadas se efectuó una mezcla balanceada (la misma cantidad de semilla por planta), originando el primer ciclo de la población mejorada para características agronómicas (CA) PCT-4\CA\1\1. Al mismo tiempo que se inició el mejoramiento poblacional se seleccionaron plantas fértiles para el desarrollo de líneas fijas, bajo el método genealógico para producir nuevas variedades.

La población PCT-5 se descartó por su ciclo largo (98 días a floración); porte de planta alta, 130 cm en promedio; y por su susceptibilidad al acame (50% de plantas volcadas).

En 1998 el PMGA de Bolivia recibió del proyecto CIAT/CIRAD la población PCT-7 y el acervo genético GPCT-9, para conocer sus características fenológicas, variabilidad genética y adaptación a las condiciones locales (Cuadro 3). Esos germoplasmas se evaluaron en la EEAS bajo condiciones de riego en lotes aislados. Cada material

Cuadro 2. Número de panículas por planta en plantas distribuidas en los tres rangos según las poblaciones CNA-7, PCT-5, y PCT-4. Para la población CNA-7 se consideran los rangos independientes para plantas fértiles y androestériles. Datos obtenidos en la Estación Experimental Agrícola de Saavedra, Bolivia, año agrícola 1997/98.

Rango	Plantas androestériles CNA-7	Plantas fértiles CNA-7	PCT-5	PCT-4
1 - 10	25 (26)[1]	123 (42)	75	40
11 - 20	38 (39)	110 (38)	100	111
> 21	34 (35)	59 (20)	25	49
Total	97	292	200	200
Promedio	15.0	14.0	13.8	16.1
Desviación estándar	-	-	8.7	6.5

1. El número en paréntesis representa el porcentage del total de plantas evaluadas.

Cuadro 3. Altura de planta y número de panículas por planta en plantas distribuidas en los tres rangos según la población PCT-7 y el acervo genético GPCT-9. Datos obtenidos en la Estación Experimental Agrícola de Saavedra, Bolivia, año agrícola 1998/99.

	Altura de planta (cm)			Panículas por planta (no.)	
Rango	PCT-7	GPCT-9	Rango	PCT-7	GPCT-9
70 - 100	79	72	1 - 10	3	7
101 - 130	21	28	11 - 20	46	63
131 - 160	0	0	> 21	51	30
Total	100	100		100	100
Promedio	92	95		23	18
Desviación estándar	13.1	12.4		9.2	6.2

genético se estableció con 1000 plantas sembradas en dos épocas con intervalo de 10 días. Como la población PCT-7 mostró más características favorables y mejor comportamiento, se seleccionó como fuente del gen de androesterilidad para crear una población local para el ecosistema de secano favorecido o riego.

Los progenitores que se van a considerar como fuente de variabilidad para la nueva población, deberán obedecer a las recomendaciones propuestas por Chaves (1997) y aún están bajo evaluación. En este año también se recibió del CIAT, Colombia, 176 líneas S_2 derivadas de la población PCT-4\SA\1\1 que se está mejorando para tolerancia a suelos ácidos en Colombia. De esos materiales se seleccionaron 22 líneas que se van a evaluar en ensayos comparativos de rendimiento en tres localidades.

Planes Futuros

Las tres poblaciones introducidas —CNA-7, PCT-4, y PCT-7— se sometieron al primer año de selección fenotípica de plantas con características deseadas con base en plantas androestériles y cumplir así su primer ciclo de mejoramiento poblacional. Para el segundo año está prevista la selección de plantas fértiles que se van a evaluar en diferentes ambientes. La metodología que se va a utilizar para la conducción de los ciclos de recurrencia descrita por Chatel y Guimarães (1995), se basa en la selección masal.

Las actividades realizadas hasta el momento son la base para los planes futuros. Se espera, después de algunos ciclos de recurrencia y con base en la selección masal, tener una nueva población bien adaptada y con un cúmulo de genes favorables a

las características de interés del PMGA de Bolivia. A partir de ese momento se analizará la posibilidad de introducir nuevas fuentes de variabilidad utilizando las líneas y variedades evaluadas y desarrolladas en particular para los ecosistemas del país. Como no se tiene la posibilidad de realizar dos generaciones al año para evaluación y selección de materiales, la metodología basada en la evaluación de familias $S_{0:2}$ requerirá mucho más tiempo. Si el país se decide a utilizarla se espera contar con el apoyo de otros países e instituciones. El CIAT podría ser una buena alternativa.

La estrategia que se plantea es disponer de la generación S_0 en el país bajo presión de selección para identificar plantas que cumplan los objetivos del programa. La generación $S_{0:1}$ debería realizarse en otro país para incrementar semillas, avanzar generación, ganar tiempo e incrementar las posibilidades de obtener mayores ganancias genéticas por año en el trabajo.

La generación siguiente, ya en familias $S_{0:2}$, se evaluará en diferentes localidades en Bolivia, y las selecciones se enviarán de nuevo a otro país para la producción de la población mejorada a través de la recombinación de los mejores materiales. Como la meta principal del PMGA es desarrollar variedades en cada selección, se identificarán plantas o familias con las características objeto del programa y se avanzarán hasta fijar éstas para posibilitar el desarrollo de nuevas variedades.

Consideraciones Finales

Las poblaciones PCT-4 y CNA-7 se seleccionaron para condiciones de secano no favorecido y se sometieron al mejoramiento poblacional a través de la selección plantasandroestériles. En contraste, la población PCT-7 se seleccionó para condiciones de secano favorecido o riego.

Los resultados preliminares del comportamiento general de las poblaciones, después de un ciclo de selección masal, son muy promisorios. A mediano plazo se espera obtener —con los próximos ciclos de recurrencia y utilizando la selección en plantas androestériles, fértiles y la evaluación de familias— poblaciones mejoradas que se van a utilizar como fuentes para la extracción de líneas y desarrollo de variedades. Esa nueva estrategia permitirá al país contar con fuentes permanentes de variabilidad genética para el PMGA, a un costo bajo y con un requerimiento de recursos manejable para las condiciones de Bolivia.

Referencias

CIAT-JICA. 1994. Investigación sobre técnicas en la producción de arroz en secano. Informe No. 8. Santa Cruz, Bolivia. 546 p.

Chaves, L. J. 1997. Criterios para escoger progenitores para un programa de selección recurrente. En: Guimarães, E. P. (ed.). Selección recurrente en arroz. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. p. 13-24.

Chatel, M. y Guimarães, E. P. 1995. Selección recurrente con androesterilidad en arroz. Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement-Départment des cultures annuelles (CIRAD-CA) y Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. 70 p.

Chatel, M.; Guimarães, E. P.; Ospina, Y.; y Borrero, J. 1997. Utilización de acervos genéticos y poblaciones de arroz de secano que segregan para un gen de androesterilidad. En: Guimarães, E. P. (ed.). Selección recurrente en arroz. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. p. 125-138.

Guzmán, R. 1995. Nuevas variedades de arroz para secano en Santa Cruz, Bolivia. En: Red Internacional para la Evaluación Genética de Arroz, INGER-América Latina, 1994. Informe INGER América Latina 1994. Resultados de Viveros 1993. Variedades de arroz liberadas en América Latina y el Caribe en 1993 y su variabilidad genética. Trabajos de INGER-América Latina presentados en la Reunión del Comité Asesor del INGER-Global, Yangon, Myanmar, Noviembre 28-30, 1994. Cali, Colombia. p. 15-19.

IRRI (International Rice Research Institute). 1988. Standard evaluation system for rice. 3a. ed. Los Baños, Philippines. 54 p.

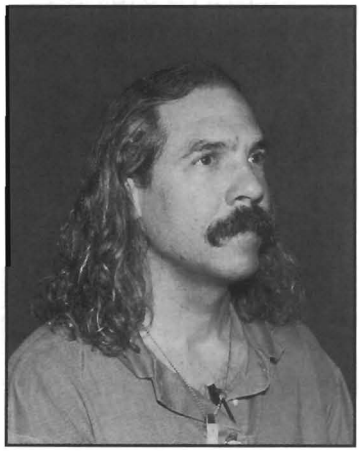
Rapp, M. 1996. Plan quinquenal del arroz 1996-2000. Proyecto Tierras Bajas del Este. Análisis de la situación actual del subsector arrocero. Santa Cruz, Bolivia. 103 p.

Singh, R. J. e Ikehashi, H. I. 1981. Monogenic male sterelity in rice: induction, identification and inheritance. Crop Sci. 21:286-289.

Comentarios Finales

Capítulo 19

Mejoramiento Poblacional del Arroz en América Latina: Dónde Estamos y para Dónde Vamos



Elcio P. Guimarães

Elcio P. Guimarães

Investigador de Embrapa Arroz e Feijão de la Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA), Caixa Postal 179, 75375-000, Santo Antônio de Goiás, Goiás, Brasil; Correo electrónico: eguimara@cnpaf.embrapa.br; Caixa Postal 179, 75375-000 Santo Antônio de Goiás, Goiás, Brasil;
con el apoyo del CNPq

Contenido

Resumen

Abstract

Introducción

¿Por qué se Utiliza el Mejoramiento Poblacional?

¿Qué y Cómo se Está Trabajando?

¿Cuál es el Camino que se Debe Seguir?

Conclusión

Referencias

Resumen

A pesar de que el mejoramiento poblacional del arroz en América Latina y en el Caribe es ya una realidad, la mayoría de los países está en la etapa inicial del proceso, esto es, introducción, caracterización y desarrollo de poblaciones. La adopción de esa metodología es el resultado de la estrecha base genética del germoplasma que manejan los programas nacionales en la región; del techo de rendimiento de granos observado y de las pequeñas ganancias obtenidas con los métodos tradicionales de mejoramiento. En la región se estudiaron 22 acervos genéticos y poblaciones, entre ellos los más evaluados fueron PCT-7 y GPCT-9. Casi todos los países desarrollaron sus poblaciones utilizando el material introducido como fuente del gen de androesterilidad e incorporando a éste variedades o líneas locales. Las características bajo selección varían de monogénicas a oligogénicas y las evaluaciones se realizan con base en plantas individuales (generación S_0) o familias ($S_{0:1}$ o $S_{0:2}$). Debe mejorarse el hecho de que todos los proyectos utilizan un número bajo de ambientes para las evaluaciones, y el que se otorge poca atención a estudios sobre las relaciones entre los diferentes caracteres bajo selección. En un futuro próximo la determinación del progreso genético con los ciclos de recurrencia debe hacer parte de la agenda de trabajo de todos los programas nacionales, lo mismo que los estudios genéticos. La región requiere mayor capacitación, en particular, en los aspectos identificados como deficientes. La creación de una red que permita intercambiar experiencias, resultados y materiales podría resultar de mucha utilidad.

Populational Improvement in Latin America: Where We Are and Where to Go

Abstract

Although population improvement by recurrent selection in rice is now a reality in Latin America and the Caribbean (LAC), most countries are only in the early stages of the process, that is, they are introducing, characterizing, and developing new populations. The adoption of this methodology is a result of the regional germplasm's narrow genetic base, the yield plateau, and the small gains obtained with conventional breeding methods. In LAC, 22 gene pools and populations have been studied, particularly population PCT-7 and gene pool GPCT-9. Almost all LAC countries have developed their own populations, using introduced germplasm as a source for the male-sterile gene and incorporating local varieties and lines into it. Traits under selection vary from simple to polygenic, and evaluations are made on either an individual plant (S_0 generation) or family ($S_{0:1}$ or $S_{0:2}$) basis. Points of concern are that almost all projects use a tiny number of environments for evaluation and give little attention to the relationships among traits being selected. Evaluation of genetic progress in recurrent cycles must become part of national programs' future project agenda, as well as genetic studies. Of great use to the region would be increased training and, particularly, a regional network for exchanging experiences, results, and materials.

Introducción

Cuando nuestros ancestros domesticaron los primeros cultivos utilizaron el método de mejoramiento poblacional pues cosechaban los granos de las plantas más bonitas (etapas de evaluación y selección), y los volvían a sembrar en las próximas lluvias. En la siembra siguiente permitían que las plantas originarias de esos granos intercambiaran polen y, por consiguiente, informaciones genéticas (etapa de recombinación). Esa simplificación del complejo proceso evolutivo describe la forma como el hombre utilizó el mejoramiento poblacional de manera inconsciente, para desarrollar algunos de los cultivos alógamos más importantes de nuestros días.

Las especies autógamas marcharon por otra vía pues sin tales posibilidades naturales de recombinación tuvieron que centrar su evolución en las mutaciones y, en algunos casos, en las pocas y raras posibilidades de cruzamientos naturales o en variaciones del tipo 'de novo' (Phillips, 1999). Lo importante aquí es que el hombre, en asociación con la naturaleza, actuó mejorando poblaciones. Debido a las facilidades que presentan las plantas alógamas en la etapa de recombinación en esos cultivos, en este siglo, los métodos de mejoramiento evolucionaron rápidamente.

Para las autógamas, como el arroz, sólo la identificación de mecanismos de autoincompatibilidad (East y Mangelsdorf, 1925) o la producción de mutantes que causan la androesterilidad (Singh e Ikehashi, 1981), permitió pensar en métodos de mejoramiento más complejos que el masal, el masal modificado, el genealógico o el de retrocruzamiento.

Al analizar el cultivo del arroz se observa que las técnicas de cruzamientos manuales evolucionaron de manera rápida, en particular, en los últimos diez años como lo sugiere Guimarães (1999). Sin embargo, el empleo frecuente del mejoramiento poblacional en arroz solamente se observó cuando se crearon acervos y poblaciones de amplia base genética utilizando el gen de androesterilidad (Chatel *et al.*, 1997).

¿Por qué se Utiliza el Mejoramiento Poblacional?

Varios capítulos de esta publicación mencionan que la base genética del arroz que se cultiva en América Latina y en el Caribe es estrecha, posición que argumentan algunos autores tanto en riego (Cuevas-Pérez *et al.*, 1992; Rangel *et al.*, 1996), como en secano (Guimarães, 1993; Montalván *et al.*, 1998).

Otro aspecto que se menciona es la dificultad para continuar con ganancias genéticas para algunas características cuantitativas, como por ejemplo rendimiento de granos (Santos *et al.*, 1997). A pesar de que esos dos aspectos fueron fundamentales para que los

investigadores decidieran utilizar el mejoramiento poblacional como estrategia adicional al convencional para resolver esos problemas, deben considerarse otros dos. El primero es una consecuencia de los cambios ocurridos en la generación y distribución de germoplasma en la región. Importantes organismos de investigación en arroz —como el Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Colombia— que trabajan en el desarrollo de líneas con las características agronómicas que requieren los programas nacionales, cambiaron su rumbo y sus prioridades y pasaron a concentrar sus trabajos en estudios más estratégicos. Por esta razón, la continua fuente de variedades potenciales o variabilidad genética prácticamente se agotó.

Dado lo anterior fue necesario tener fuentes propias de segregantes. El segundo factor que se cree jugó un papel importante en la adopción masiva del método en la región, fue la continua capacitación de investigadores de los programas nacionales en el manejo de la metodología y la propaganda basada en los resultados preliminares de proyectos. Entre estos últimos figura los que desarrollaron CIAT/CIRAD y Embrapa Arroz e Feijão, algunos de los cuales se reportan en detalle en esta publicación.

Otra razón para que se utilice el mejoramiento poblacional en arroz es la dificultad que existe para desarrollar germoplasma con resistencia o tolerancia a problemas bióticos y abióticos: las fuentes casi siempre están poco adaptadas a las condiciones locales y cuando se involucran en cruces producen descendientes de poco potencial general y casi siempre son eliminadas de los programas. Esta estrategia permite utilizar las mismas fuentes sin tener esos problemas ya que sus genes se mezclan en las poblaciones, y el proceso de acumulación gradual de los genes favorables permite utilizarlos sin tener efectos negativos asociados a la descendencia.

¿Qué y Cómo se Está Trabajando?

Las discusiones sobre qué y cómo se está trabajando se basan en los Cuadros 1, 2, 3 y 4 dónde se incluyen detalles de cuándo, cuáles y cuántos acervos genéticos y poblaciones se introdujeron en los países y cómo los están manejando los investigadores de los programas nacionales.

En general, las prioridades mencionadas como objetivo de los proyectos de mejoramiento poblacional van desde caracteres de herencia simple hasta poligénica. Algunos ejemplos para el ecosistema de riego son rendimiento de granos, calidad de grano, enfermedades (piricularia y virus de la hoja blanca-VHB), y tolerancia al frío.

Para el ecosistema de secano se repiten rendimiento de granos, calidad de grano y resistencia a piricularia, y se suman resistencia a plagas (termitas, barrenador y mión), y tolerancia a bajo fósforo.

Se introdujeron un total de 22 fuentes de variabilidad a los programas de mejoramiento (Cuadro 1) de las cuales la población PCT-7, germoplasma compuesto por líneas del grupo *índica*, fue la que más se evaluó. Sin embargo, sólo los programas de Argentina y Venezuela la consideraron como fuente para generar nuevas poblaciones (Cuadro 2); en Bolivia se utilizó para mejorarla para varias características agranómicas y en Cuba, para incrementar su resistencia a piricularia (Cuadro 3).

La GPCT-9, la única desarrollada con el gen de androesterilidad de la línea TOx 1011-4-1 y variedades de elevado potencial de rendimiento de granos de América Latina (Martínez *et al.*, 1997), ocupó el segundo lugar entre los germoplasmas más utilizados en los países. Aún así no fue de gran interés de los programas nacionales. Otros de mayor interés para los programas fueron las poblaciones PCT-4, PCT-6, y CNA-IRAT 4 y el acervo genético GPIRAT-10 utilizadas en Argentina, Colombia, Cuba, Uruguay y Venezuela (Cuadro 2).

La etapa inicial de mejoramiento poblacional que siguieron los países fue la caracterización de los germoplasmas introducidos, y la selección del más adaptado a las condiciones locales. En esta etapa se observó que los investigadores siguieron cuatro estrategias:

Cuadro 1. Distribución de los acervos genéticos y poblaciones en los países de América Latina en el período 1995/99.

	PCT							CG			CNA-IRAT		GPCT		IRAT	IRAT	CNA				
País	A	4	5	6	7	8	GPIRAT10	1	2	3	P	4	8	9	Mana	1/4/20	1	5	6	7	10	PQUI-1
Argentina				U	U	U																X
Bolivia		X	X		U									X						X		
Brasil								U	U	U	U	U					U	U	U	U	U	
Chile							U															
Colombia	U	U	U	U	U	U						U		U	U	U						
Costa Rica					X									X								
Cuba		U			X		U															
El Salvador				X	X	X						U		X								
Panamá					X									X								
Uruguay							U															
Venezuela				U	U	X								X	X	X						
Total	1	3	2	4	8	4	3	1	1	1	1	3	0	6	2	2	1	1	1	2	1	1

X: Acervos genéticos y poblaciones evaluadas por los programas nacionales.
U: Aquellas seleccionadas para introducción de nueva variabilidad o para iniciar los trabajos de mejoramiento poblacional.

Cuadro 2. Poblaciones trabajadas por programas de mejoramiento genético de arroz en América Latina; poblaciones utilizadas como fuente de androesterilidad, número de líneas introducidas para ampliar la variabilidad genética, ciclos de recombinación y nombre de la nueva población.

País	Población base	Líneas introducidas (no.)	Ciclos de recombinación	Nombre
Argentina	PCT-8	6	2	PARG-3
	PCT-6, PCT-7, PCT-8	Mezcla	1	PARG-2
	PCT-6, PCT-7	15 (PCT-8)	1	PARG-1
Chile	GPIRAT-10	5	3	PQUI-1\CO
	GPIRAT-10	5	3	PQUI-1\CH
Cuba	GPIRAT10	4	2	PIACuba-1
	PCT-4	5	2	PIACuba-2
Colombia (CIAT)	PCT-4	18	3	PCT-11
Colombia (Fedearroz)	CNA-IRAT 4	15	3	PFB-1
	CNA-IRAT 4	Criollos y rojos	4	PFB-2
El Salvador	CNA-IRAT 4	4	2	CNA-IRAT 4 ES
Uruguay	GPIRAT-10	16	3	PURG-1
	PURG-1	45 (GPIRAT-10)	3	PURG-3
	GPIRAT-10	57	3	PURG-2
	PURG-2, GPIRAT-10	Mezcla	3	PURG-4
Venezuela	PCT-6	5	2	PFD-1
	PCT-7	4	2	PFD-2

- En algunos países se utilizaron varios años o períodos y localidades de siembra, y se colectaron datos de varias características para determinar el potencial de las introducciones (Venezuela).
- Se sembraron los materiales en un solo ambiente y año y con base en una serie de informaciones colectadas se seleccionó el material para trabajar (Colombia y Uruguay).
- Se seleccionó el material para trabajar de manera similar a la anterior pero sólo con informaciones visuales; sin tomar datos planta a planta (Argentina).
- Se inició el trabajo con el material introducido sin ninguna caracterización (El Salvador).

En todos los programas nacionales que iniciaron trabajos con el mejoramiento poblacional, el

germoplasma seleccionado se utilizó como fuente de variabilidad y del gen de androesterilidad, para la introducción de nueva variabilidad o como material base para iniciar un proyecto nacional.

Es importante resaltar los cuidados que prestó el proyecto de Venezuela (Capítulo 5 de esta publicación): introdujo seis germoplasmas, caracterizó la mayoría de ellos en dos ciclos de cultivo y sólo entonces escogió las poblaciones PCT-6 y PCT-7 para introducir líneas y variedades locales para ampliar la variabilidad y mejorar la adaptabilidad. La mayoría de los investigadores considera este procedimiento muy cercano a la situación ideal. En el otro extremo se encuentra el proyecto de El Salvador que introdujo solamente la población CNA-IRAT 4 y de manera inmediata, inició un proceso de mejoramiento poblacional a través del uso de la selección recurrente.

Es obvio que las cuatro estrategias pueden ser válidas y que deben analizarse considerando el contexto de cada programa nacional (prioridades, recursos humanos, financieros, etc.). Sin embargo, en general, una de las razones determinantes del éxito o fracaso de la utilización del mejoramiento poblacional es el punto de partida (la población base). Ello se debe a que la metodología que sigue la selección recurrente no genera nuevos genes ni amplía la variabilidad genética inicialmente disponible pero sí permite escoger, combinar y acumular los genes existentes en la poblacional original según los objetivos de la selección. La generación de nueva variabilidad sólo ocurre en la etapa de recombinación, cuando los genes seleccionados se reorganizan por los intercruzamientos entre los individuos identificados como portadores de los caracteres de interés para los objetivos del proyecto. Esta es una de la ventajas del método pues permite mantener la variabilidad para los caracteres que se está seleccionando, sin ser drástico como el método genealógico, por ejemplo. Kelly y Adans (1987) presentan datos que corroboran ese aspecto y mencionan que el uso de la selección recurrente fenotípica fue eficiente en romper y reorganizar un pequeño número de bloques ligados en poblaciones de frijol.

Los proyectos de los programas nacionales fueron creativos en la composición de las nuevas poblaciones. Algunos, como los de Argentina y Uruguay (Capítulos 11 y 10) combinaron dos o tres poblaciones; otros, como Venezuela y Chile (Capítulos 5 y 12) introdujeron líneas y variedades locales. El único que buscó la ampliación de la variabilidad genética introduciendo materiales no muy adaptados, fue Colombia (Capítulo 7) que introdujo materiales criollos y rojos a la población CNA-IRAT 4. En la mayoría de los casos, la existencia del CIAT facilitó el proceso pues se le solicitó que colaborara en la introducción de la variabilidad o en los intercruzamientos para combinar los genes introgredidos con los del germoplasma utilizado como base. El método utilizado para introducción de la nueva variabilidad se basó en la

descripción de Borrero *et al.* (1997), en la cual poblaciones y progenitores se colocan de lado a lado y las semillas de las plantas androestériles se cosechan y mezclan en proporciones iguales o diferentes.

El número de progenitores utilizados para aportar nueva variabilidad osciló de 4 —en los casos de Cuba, El Salvador y Venezuela— a 57 líneas como Uruguay (Cuadro 2). No obstante que la justificación de la mayoría fue incrementar la variabilidad genética, se realizaron pocos estudios para indicar cuáles materiales introducidos estaban en realidad ampliando la variabilidad existente en la población utilizada como base.

De acuerdo con lo descrito en los capítulos correspondientes, parece que la preocupación de introducir nuevos materiales se concentró mucho más en mejorar la adaptación del germoplasma que en incrementar su variabilidad.

Como casi todos los programas nacionales iniciaron sus trabajos en mejoramiento poblacional en fecha reciente (Cuadro 3), la mayoría se encuentra en la etapa de introducción, evaluación y caracterización. Sólo dos o tres — con excepción de Embrapa Arroz e Feijão— completaron ya ciclos de selección recurrente. Tal situación se ilustra en el Capítulo 17 de esta publicación dónde Servellón describe la estrategia utilizada en El Salvador. Según los trabajos ya iniciados y aquellos planeados se observa que la generación base para la evaluación y selección es la S_0 cuando se utiliza la selección masal, o la $S_{0:2}$, cuando se hace evaluación de familias (Cuadro 4). Parece que faltó creatividad en la

Cuadro 3. Acervos genéticos, poblaciones y año de introducción en países de América Latina.

País	Población	Año de introducción
Argentina	PCT-6, PCT-7, PCT-8	1996
	PQUI-1	1998
Uruguay	GPIRAT-10	1995
El Salvador	CNA-IRAT 4	1995
	PCT-7, PCT-8	1996
	PCT-6, GPCT-9	1999
Bolivia	CNA- 7, PCT-4, PCT-5	1997
	PCT-7, GPCT-9	1998
Chile	GPIRAT-10	1994
Colombia	CNA-IRAT 4	1994
Cuba	PCT-4, PCT-7, GPIRAT-10	1996
Venezuela	PCT-6, PCT-7, PCT-8, IRAT Mana, IRAT 1/420P	1996

etapa de evaluación y que no se están explorando las diferentes posibilidades que ofrece la metodología. Se sabe que la ganancia por ciclo de recurrencia puede aumentar en cada generación de autofecundación ya que la varianza genética aditiva entre las familias se incrementa aún más. Como se requiere más tiempo para completar cada ciclo sería necesario estudiar esa relación para definir la mejor estrategia.

En el Cuadro 4 se observa que las generaciones de evaluación no continúan después de la $S_{0:2}$ o de una evaluación de rendimiento. Los investigadores de los programas nacionales deberían revisar este aspecto, en particular, porque en la mayoría de los casos se utilizan pocos sitios para evaluación. Rangel *et al.* (Capitulo 4) muestran las implicaciones de esa estrategia en las ganancias genéticas. Entre más

Cuadro 4. Poblaciones bajo mejoramiento poblacional en diferentes países de América Latina.

País	Población	Caracter bajo selección	Generación de selección	Progenitores recombinados entre ciclos (no.)	Año para completar cada ciclo (no.)
Argentina	PARG-3	Varios	$S_{0:2}$	-	4
	PCT-8	Varios	$S_{0:2}$	-	4
Bolivia	PCT-4	Varios	S_0	-	1
	CNA-7	Varios	S_0	-	1
	PCT-5	Varios	S_0	-	1
Chile	PQUI-1	Tolerancia al frío	$S_{0:1}$	169	2
Colombia	PCT-4	Suelos ácidos	$S_{0:2}$	50-60	2
(CIAT)	PCT-A, PCT-4, PCT-5	Piricularia	S_0	90-450	1
	PCT-A, PCT-4, PCT-5	VHB	S_0	90-450	1
Colombia	CNA-IRAT 4	Varios	S_0	85-140	0.5
			$S_{0:1}$	10-20	1
Cuba	PCT-4, PCT-7, GPIRAT-10	Piricularia	S_0	-	1
El Salvador	CNA-IRAT 4 ES	Varios	$S_{0:2}$	11	2
	CNA-IRAT 4	Varios	$S_{0:2}$	23	2
Uruguay	PURG-1	Tipo de planta y ciclo	$S_{0:2}$	-	4
	PURG-2	Enfermedades	$S_{0:2}$	-	4
	PURG-3	Varios	$S_{0:2}$	-	4
	PURG-4	Varios	$S_{0:2}$	-	4
Venezuela	PFD-1	Enfermedades	S_0 y $S_{0:2}$	-	2
	PFD-2	Sogata y VHB	S_0 y $S_{0:2}$	-	2

alto el número de localidades y repeticiones por sitio, más precisas serán las informaciones disponibles para la toma de decisiones en el momento de la selección. Sin excepción todos efectúan sólo una evaluación y máximo en tres localidades.

Tal estrategia puede ser muy arriesgada porque no permite una buena representación de las condiciones ambientales de la región objetivo del trabajo. Así mismo, todos realizan sólo una recombinación entre ciclos de recurrencia. Guimarães y Fehr (1989) estudiaron esos aspectos en soya con interesantes resultados que pueden ayudar en ese tipo de decisiones.

Debido a la utilización de esas estrategias el tiempo requerido para completar un ciclo de recurrencia varió de 0.5 a cuatro años. En el primer caso se utilizó la selección recurrente masal en ambos sexos y en el segundo, la evaluación de familias $S_{0:2}$ pero sin la posibilidad de avance de generación y recombinación en el mismo año, como en los países dónde el arroz solamente se cultiva una vez al año (Cuadro 4).

En el Capítulo 1 Geraldi y Souza Jr. incluyen una interesante discusión sobre el tamaño efectivo de poblaciones. El Cuadro 4 muestra que aquellos proyectos que ya están trabajando con el mejoramiento poblacional mediante la selección recurrente fueron cuidadosos para que la representación de los genes presentes en cada población se mantuviera en las siguientes, y tomaron precauciones para no agotar o estrechar rápidamente la base genética de las poblaciones. Cabe resaltar el caso de El Salvador que introdujo cuatro variedades comerciales en la población CNA-IRAT 4 para ampliar la base genética o mejorar la adaptación, y que en el primer ciclo de selección utilizó solamente 11 familias $S_{0:2}$ para crear la población mejorada del ciclo uno. Esta alternativa puede llevar la población a agotar su variabilidad a corto plazo o a presentar derivación genética que disminuye su progreso. Morais (1997) muestra que el tamaño efectivo ideal es de 50 individuos para familias de autofecundación.

No obstante que el principio de la selección recurrente, es la acumulación de genes favorables (incremento en la frecuencia de genes) con los ciclos de recurrencia, todos los proyectos desde la misma población base extrajeron plantas fértiles para el desarrollo de líneas fijas. Este comportamiento indica que la expectativa de los investigadores que adelantan proyectos de mejoramiento poblacional, es que esas poblaciones puedan reemplazar las fuentes de variabilidad que tenían disponibles antes de los cambios ocurridos en los programas internacionales. Las ganancias que sin duda ocurrirán con la acumulación de genes en el transcurso del tiempo, se explorarán en cada etapa de evaluación y selección.

La mayor parte de los autores de los capítulos de esta publicación dedicaron parte de sus trabajos a describir los estimulantes resultados que han obtenido de la extracción y desarrollo de líneas fijas a partir de las poblaciones que han trabajado. Cabe destacar el caso de Brasil que tiene dos líneas en etapas finales de evaluación y lanzamiento programado para el año 2001.

¿Cuál es el Camino que se Debe Seguir?

Algunas observaciones de los trabajos iniciales de mejoramiento poblacional, señalan los caminos que deben seguirse en el futuro. Analicemos aquellos que en ese momento podrían considerarse los más importantes para mejorar la eficiencia de los proyectos de selección recurrente. El primero de ellos está relacionado con el método de autofecundación que se va utilizar. Los trabajos existentes en la región evalúan S_0, $S_{0:1}$ o $S_{0:2}$ y no hay intentos de avance de generación con la utilización de otros métodos, como la descendencia de una semilla o el cultivo de anteras. Esto deberá estudiarse para aumentar la eficiencia de las estrategias de mejoramiento poblacional. Jannink y Abadie (1999), por ejemplo, comparan los dos últimos métodos de avance de generación y señalan que para trabajos a largo plazo el avance a través de la descendencia de una semilla es más recomendable; para objetivos a corto plazo el doble haploide es una mejor alternativa.

El segundo aspecto está relacionado con el costo en tiempo que se cobrará a los investigadores que trabajan en estos proyectos. En general, aún cuando el mejoramiento convencional es una estrategia que requiere un largo plazo para presentar resultados (ocho a diez años), en la región ha surgido la expectativa de que con la utilización de esta nueva metodología se pueden obtener resultados a más corto plazo. Por esa razón consideramos que debe enfatizarse y continuarse la estrategia de extraer líneas en todas las oportunidades de evaluación y selección que el método ofrece, y así disminuir la presión sobre los resultados del mejoramiento poblacional.

Un aspecto que se menciona poco en los trabajos de la región son los estudios genéticos: cómo funciona genéticamente cada característica, cómo se relaciona con otras, y cuál es el efecto de seleccionar un caracter cuando los objetivos del trabajo son múltiples. Algunos ejemplos de ello se incluyen en los trabajos de Pérez de Vida *et al.* y Servellón (Capítulos 10 y 17). Este tipo de investigación debe incrementarse y coordinarse en los centros internacionales o en los programas nacionales más adelantados en el proceso.

La evaluación del progreso genético obtenido con la utilización de las diferentes estrategias de mejoramiento poblacional debe ser también una prioridad en los próximos años. Esta es la manera más sencilla para saber si el proyecto

está marchando o no rumbo a los objetivos planteados. De nuevo, en esto los proyectos mas avanzados y con más experiencia en esas actividades juegan un papel importante.

Todos estos aspectos señalan la necesidad de seguir con propuestas de capacitación sobre la metodología en la región. Hasta la fecha las oportunidades que se han dado al respecto buscaron mostrar a los investigadores las bondades y limitaciones del método, y ofrecer conocimientos básicos para que en cada país fuera posible utilizar el mejoramiento poblacional para resolver algunos de los problemas en los cuales los métodos tradicionales de mejoramiento presentaban limitaciones o baja eficiencia.

La creación de una red formal —que sería lo ideal— o de una informal entre los fitomejoradores de arroz que trabajan con la metodología de mejoramiento poblacional mediante la selección recurrente, podría ser una alternativa interesante en los dos aspectos discutidos.

Conclusión

Casi todos los países de América Latina y el Caribe están trabajando en mejoramiento poblacional pero la mayoría se encuentra en las etapas iniciales del proceso. A pesar de que los resultados preliminares son halagadores aún es prematuro evaluar el potencial de la estrategia a nivel regional. Algunos proyectos a corto plazo deberán revisarse para aumentar sus eficiencias o corregir rumbos. No obstante que los investigadores conocen la metodología, es necesario seguir un proceso de capacitación y buscar mecanismos que posibiliten estrechar el intercambio de experiencias entre los países.

Referencias

Borrero, J.; Ospina, Y.; Guimarães, E. P.; y Chatel, M. 1997. Ampliación de la base genética de los acervos de arroz, mediante la introducción de variabilidad. En: Guimarães, E. P. (ed.). Selección recurrente en arroz. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. p. 55-66.

Chatel, M.; Guimarães, E. P.; Ospina, Y.; y Borrero, J. 1997. Utilización de acervos genéticos y poblaciones de arroz de secano que segregan para un gen de androesterilidad. En: Guimarães, E. P. (ed.). Selección recurrente en arroz. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. p. 125-138.

Cuevas-Pérez, F. E. ; Guimarães, E. P.; Berrio, L. E.; y González, D. I. 1992. Genetic base of irrigated rice in Latin America and the Caribbean, 1971 to 1989. Crop Sci. 32:1054-1059.

East, E. M. y Mangelsdorf, A. J. 1925. A new interpretation of the heritability behavior of self-sterile plants. Proc. Nat. Acad. Sci. 11:116-183.

Guimarães, E. P. 1993. Genealogy of Brazilian upland rice varieties. Int. Rice Res. News 18(1):6.

Guimarães, E. P. 1999. Hibridação em arroz. En: Borém, A. (ed.). Hibridação artificial de plantas. Universidade Federal de Viçosa (UFV), Viçosa, Brasil. p. 101-120

Guimarães, E. P. y Fehr, W. R. 1989. Alternative strategies of recurrent selection for seed yield of soybean. Euphytica 40:111-120.

Jannink, J. L. y Abadie, T. E. 1999. Inbreeding method effects on genetic mean, variance, and structure of recurrent selection populations. Crop Sci. 39:988-997.

Kelly, J. D. y Adans, M. W. 1987. Phenotypic recurrent selection in ideotype breeding of pinto beans. Euphytica 36:69-80.

Martinez, C. P.; Lentini, Z.; Chatel, M.; González, D.; y Mojica, D. 1997. Uso de selección recurrente en combinación con cultivo de anteras en el programa de arroz de riego del CIAT. En: Guimarães, E. P. (ed.). Selección recurrente en arroz. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. p. 139-149.

Montalván, R.; Destro, D.; Silva, E. F. da; y Montaño, J. C. 1998. Genetic base of Brazilian upland rice cultivars. J. Genet. Breed. 52:203-209.

Morais, O. P. de. 1997. Tamaño efectivo de la población. En: Guimarães, E. P. (ed.). Selección recurrente en arroz. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. p. 25-44.

Phillips, R. L. 1999. Unconventional sources of genetic diversity: *de novo* variation and elevated epistasis. En: Borém, A.; Giúdice, M. P; y Sakiyama, N.S. (eds.). Plant breeding in the turn of the millennium. Universidade Federal de Viçosa (UFV), Viçosa, Brasil. p. 103-131.

Rangel, P. H. N.; Guimarães, E. P.; y Neves, P. de C. F. 1996. Base genética das cultivares de arroz (*Oryza sativa* L.) Irrigado do Brasil. Pesq. Agropec. Bras. 31(5):349-357.

Santos, P. G.; Soares, P. C.; Soares, A. A.; Morais, O. P. de; y Cornélio, V. M. de O. 1997. Estimativa do progresso genético do programa de melhoramento de arroz irrigado desenvolvido em Minas Gerais no período de 1974 a 1996. En: Anais da XXII Reunião da Cultura do Arroz Irrigado, 1997. Balneário Camboriú, Santa Catarina, Brasil. p. 27-30.

Singh, R. J. e Ikehashi, H. I. 1981. Monogenic male-sterility in rice: Induction, identification, and inheritance. Crop Sci. 21:286-289.