

18. GANANCIA GENÉTICA DEL PROGRAMA DE MEJORAMIENTO DE ARROZ DE INIA

E. Monteverde¹, S. Scheffel², I. Rebollo³, P. Blanco⁴, F. Molina⁵, F. Pérez de Vida⁶, J. E. Rosas⁷

PALABRAS CLAVE: BLUP, modelos mixtos, tendencia genética.

INTRODUCCIÓN

La ganancia genética es el mejoramiento del valor genético promedio de una población como producto de la selección sostenida a lo largo de varios ciclos de mejoramiento para una característica o conjunto de características de interés. El mejoramiento genético es un proceso del que depende la adecuación de los cultivares a las necesidades productivas, comerciales y ambientales. Para cumplir ese rol de forma eficiente, los programas de mejoramiento deben monitorear periódicamente su desempeño para determinar si sus estrategias y estructuras son adecuadas y realizar los ajustes necesarios para el desarrollo de nuevos cultivares. Uno de los indicadores más utilizados para medir el desempeño de los programas de mejoramiento es la estimación de la ganancia genética por ciclo mediante el análisis de datos históricos de las líneas generadas en el programa. En este estudio se analizó la ganancia genética del Programa de Mejoramiento de Arroz de INIA (PMGA) para rendimiento y sanidad, tanto en los cultivares *indica* como *japónica* tropical, utilizando datos históricos del programa entre 1997-2020.

MATERIALES Y MÉTODOS

Se utilizaron los datos disponibles en la base de datos del programa, la cual recopila toda la información disponible sobre ensayos durante el período 1997-2020 (Rebollo *et al.*, 2020). Los datos utilizados en este informe corresponden a rendimiento (kg/ha) y resistencia a enfermedades causadas por los hongos *Pyricularia oryzae*, *Sclerotium oryzae* y *Rhizoctonia oryzae-sativae*, en ensayos de evaluación final en la Unidad Experimental Paso de la Laguna, Treinta y Tres, para los genotipos *indica* y *japónica* tropical del PMGA.

Tanto para los datos *indica* como *japónica* se utilizaron todos los datos históricos disponibles para ajustar modelos mixtos para estimar el valor genético BLUP (Best Linear Unbiased Predictor) de cada línea. El modelo utilizado fue: $Y_{ijkl} = \mu + g_i + a_j + ga_{ij} + e_{k(j)} + b_{l(k(j))} + \dots$ donde Y_{ijkl} es la variable de respuesta (rendimiento o resistencia a enfermedades), μ es la media general, g_i es el efecto aleatorio del i -ésimo genotipo (línea) con $g_i \sim N(0, A\sigma_g^2)$ donde A es la matriz de relacionamiento entre líneas estimada a partir de los datos de pedigrí, a_j es el efecto aleatorio del j -ésimo año de cosecha, ga_{ij} es el efecto aleatorio de la interacción entre el i -ésimo genotipo y el j -ésimo año de cosecha, $e_{k(j)}$ es el efecto

¹ Eliana Monteverde, PhD. Departamento de Biología Vegetal, F. Agronomía, UDELAR. emonteverde@fagro.edu.uy

² Sheila Scheffel Ing. Agr. INIA. estudiante de maestría Cs. Agrarias F. Agronomía, UDELAR.

³ Inés Rebollo, Ing. Agr. INIA. estudiante de maestría Cs. Agrarias F. Agronomía, UDELAR.

⁴ Pedro Blanco MSc. INIA, Programa Nacional de Investigación en Producción de Arroz hasta junio 2018.

⁵ Federico Molina, Ph.D. INIA. Programa Nacional de Investigación en Producción de Arroz.

⁶ Fernando Pérez de Vida, PhD. INIA. Programa Nacional de Investigación en Producción de Arroz.

⁷ Juan E. Rosas, Dr. INIA. Programa Nacional de Investigación en Producción de Arroz. jrosas@inia.org.uy

aleatorio del k-ésimo ensayo en el j-ésimo año, $b_{l(k(j))}$ es el efecto aleatorio del l-ésimo bloque dentro del k-ésimo ensayo en el j-ésimo año, $ijkl$ es el residual del modelo.

Los BLUPs correspondientes sólo a las líneas que fueron evaluadas en ensayos finales obtenidos a partir del modelo fueron utilizados como variable de respuesta en el modelo $y_i = \mu + \beta r_i + \epsilon_i$ donde β es un coeficiente de regresión y r_i es el año calendario en que esa línea entró en los ensayos de evaluación avanzada. Se analizó tanto el promedio de los BLUPs de todas las líneas evaluadas cada año como el de las 3 mejores líneas de cada año.

RESULTADOS DE LA INVESTIGACIÓN

Los BLUPs promedio por año para las líneas *índica* mostraron una tendencia genética positiva para rendimiento y una tendencia genética negativa para resistencia a *Pyricularia oryzae*, aunque en ambos casos esta tendencia no fue significativamente diferente de cero ($\alpha=0,05$). Para los índices de resistencia a enfermedades de tallo causadas por los hongos *Rhizoctonia oryzae-sativae* y *Sclerotium oryzae* de los genotipos *índica*, las pendientes de la regresión de los BLUPs promedio por año fueron muy cercanas a cero. En el caso de los genotipos *japónica* tropical la pendiente de rendimiento fue significativa ($\alpha=0,05$) mostrando una ganancia genética promedio de 33,06 kg/ha por año. Asimismo, también se observa ganancia genética significativa ($\alpha=0,05$)

para el índice de resistencia a *Sclerotium* (Cuadro 1).

Tomando en cuenta los valores genéticos de las mejores 3 líneas que evaluadas en ensayos finales cada año, los genotipos *índica* presentaron una tendencia genética positiva para rendimiento (37 kg/ha por año) y negativa para los índices de resistencia a *Pyricularia* y enfermedades de tallo (Figura 1). En todos los casos estas tendencias fueron significativamente diferentes de cero ($\alpha=0,05$). Para el caso de los 3 mejores genotipos *japónica* tropical evaluados cada año, se observa una tendencia genética positiva y significativa para rendimiento, con una ganancia estimada de 29 kg/ha por año. Para los índices de incidencia de enfermedades, la resistencia a *Sclerotium* fue la única que mostró una pendiente negativa significativamente diferente de cero ($\alpha=0,05$). Si bien no se observa ganancia genética para *Pyricularia* y *Rhizoctonia* en los genotipos *japónica* tropical, los índices se mantienen en valores de incidencia aceptables durante todo el período estudiado (Figura 1).

CONCLUSIONES

Existe una gran variabilidad en el desempeño de las líneas que llegaron a evaluación final para las características observadas. Sin embargo, cuando se toman en cuenta las mejores líneas en evaluación final para cada característica se observa un progreso genético lineal y consistente. El análisis estadístico de

Cuadro 1. Valores de pendientes, coeficientes de regresión y p-valores para las tendencias genéticas del promedio de los BLUPs del total de líneas *índica* y *japónica* tropical evaluadas en ensayos finales durante el período 1997-2020.

| Característica | Intercepto | | Pendiente | | P-valor pendiente ($\beta = 0,05$) | |
|--------------------|------------|------------|------------|------------|--------------------------------------|------------|
| | <i>ind</i> | <i>jap</i> | <i>ind</i> | <i>jap</i> | <i>ind</i> | <i>jap</i> |
| Rendimiento | -13.098 | -58.092 | 10,66 | 33,06 | 0,396 | 0,001 |
| <i>Pyricularia</i> | 101,7 | 57 | -0,05 | -0,018 | 0,37 | 0,180 |
| <i>Rhizoctonia</i> | -6,65 | 23,3 | 0,00035 | -0,115 | 0,57 | 0,320 |
| <i>Sclerotium</i> | -14,85 | 72,6 | 0,007 | -0,036 | 0,67 | 0,002 |

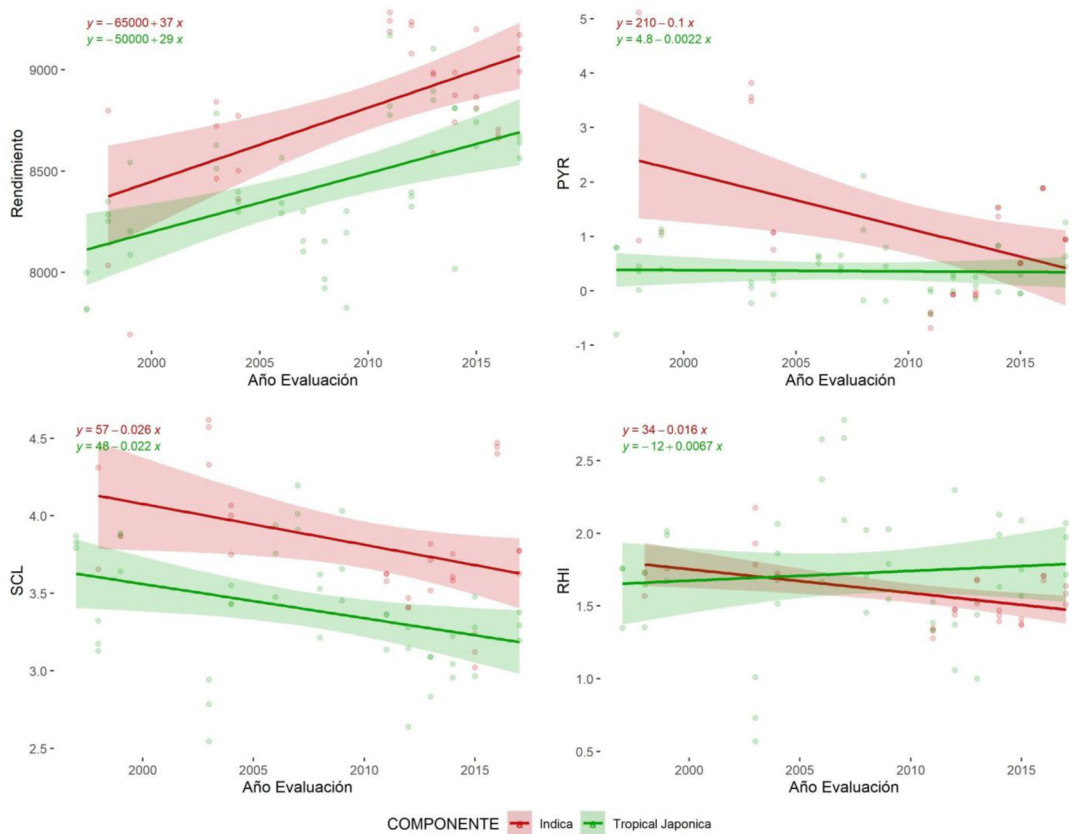


Figura 1. Tendencias genéticas de rendimiento (kg/ha) e índice de incidencia de enfermedades de hoja y tallo para las tres mejores líneas *indica* y *japónica* tropical evaluadas en ensayos finales durante el período 1997-2020. PYR: *Pyricularia oryzae*, RHI: *Rhizoctonia oryzae-sativae*, SCL: *Sclerotium oryzae*.

los datos históricos revela que el PMGA ha logrado mejoras para rendimiento y resistencia a enfermedades de hoja y tallo en genotipos *indica* y *japónica* tropical. Si bien es posible realizar ciertos ajustes en el programa, como por ejemplo aumentar la intensidad de selección en etapas intermedias, en general estos resultados avalan las decisiones de mejoramiento tomadas durante este período.

REFERENCIAS

Rebollo, I.; Scheffel, S.; Iriarte, W.; Blanco, P.; Molina, F.; Peirez De Vida, F.; Rosas, J. 2020. Consolidación de los datos históricos del programa de mejoramiento de arroz en una base de datos. In: Terra, J. A.; Martínez, S.; Saravia, H.; Mesones, B.; Álvarez, O. Eds. Arroz 2020. Montevideo (UY): INIA. p. 5-8. (INIA Serie Técnica 257). Doi: <http://doi.org/10.35676/INIA/ST.257>