



Agronomía Costarricense

ISSN: 0377-9424

ISSN: 2215-2202

Universidad de Costa Rica. Colegio de Ingenieros y Agrónomos. Ministerio de Agricultura y Ganadería

Ospina-Gómez, José Omar; Ligarreto-Moreno, Gustavo Adolfo
CARACTERIZACIÓN MORFOAGRONÓMICA DEL BANCO DE GERMOPLASMA
DE FEDEARROZ-FNA EN TRES AMBIENTES DEL TRÓPICO COLOMBIANO

Agronomía Costarricense, vol. 43, núm. 2, 2019, Julio-Diciembre, pp. 139-155

Universidad de Costa Rica. Colegio de Ingenieros y Agrónomos. Ministerio de Agricultura y Ganadería

DOI: <https://doi.org/10.15517/rac.v43i2.38204>

Disponible en: <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=43662066009>

- Cómo citar el artículo
- Número completo
- Más información del artículo
- Página de la revista en redalyc.org

UAEH  redalyc.org

Sistema de Información Científica Redalyc

Red de Revistas Científicas de América Latina y el Caribe, España y Portugal

Proyecto académico sin fines de lucro, desarrollado bajo la iniciativa de acceso abierto

Nota técnica

CARACTERIZACIÓN MORFOAGRONÓMICA DEL BANCO DE GERMOPLASMA DE FEDEARROZ-FNA EN TRES AMBIENTES DEL TRÓPICO COLOMBIANO

José Omar Ospina-Gómez^{1/}, Gustavo Adolfo Ligarreto-Moreno^{**}*

Palabras clave: Características agronómicas; descriptores; fenotipo; fitomejoramiento; recursos genéticos.

Keywords: Agronomic traits; descriptors; phenotype; breeding; genetic resources.

Recibido: 29/01/18

Aceptado: 08/01/19


RESUMEN


El banco de germoplasma del programa de mejoramiento de la Federación Nacional de Arroceros de Colombia, constituye una importante reserva de recursos genéticos que deben explorarse para optimizar su uso. Este trabajo se desarrolló al buscar caracterizar las accesiones de la colección de trabajo utilizando 28 descriptores morfoagronómicos, 14 cualitativos y 14 cuantitativos. Se estudiaron 192 genotipos y 4 testigos bajo un diseño de bloques aumentados en 3 experimentos sembrados bajo el sistema de trasplante entre abril y mayo de 2015 en las localidades de Saldaña, Villavicencio y Montería. Se emplearon 8 bloques con 28 genotipos cada uno, conformando 224 parcelas de 7,5 m², por lo que alcanzó un área total de 1680 m² por localidad. La distribución de las variables cualitativas reveló diferencias en su expresión en las localidades, excepto virus de hoja blanca estado vegetativo (VHBVg) en Montería. Asimismo, el

ABSTRACT

Morphoagronomic characterization of FEDEARROZ – FNA Rice Germplasm collection in three Colombian tropic environments. Colombian Rice Growers Federation germplasm collection stores an important genetic resource that must be widely explored in order to use it efficiently in national rice breeding program activities. The aim of this study was to strictly characterize the work collection accessions using 28 morphoagronomic descriptors, 14 qualitative and 14 quantitative. 192 genotypes and 4 elite lines used as controls were studied in a field trial conducted under an augmented block design. Field experiments were carried out between April and May 2015 in Montería, Saldaña and Villavicencio. At each site, total experimental area was 1680 m² defined by 224 plots of 7,5 m² distributed in 8 blocks with 28 genotypes each one. Qualitative variables distribution revealed differences in

1 Autor para correspondencia. Correo electrónico: joseospina@fedearroz.com.co

* Federación Nacional de Arroceros, Fondo Nacional del Arroz, Aguazul, Casanare, Colombia.
 0000-0003-1654-5614.

** Universidad Nacional de Colombia, Bogotá D.C., Colombia.  0000-0001-9372-6094.

análisis comparativo entre los datos ajustados y el promedio del mejor testigo por localidad para cada variable cuantitativa evidenció diferencias. Se identificaron accesiones de la colección con rasgos agronómicos sobresalientes para variables fisiológicas como fortaleza de los tallos (*FrTll*), senescencia de la hoja (*SnHj*), excursión de panícula (*ExPc*), habilidad de macollamiento (*HbMc*), vigor vegetativo (*VVg*); así como para variables relacionadas con el rendimiento y sus componentes, como rendimiento en grano (*RnGr*), número total de espiguillas por panícula (*NmEsPn*), número de espiguillas llenas por panícula (*NmEsLlPn*), longitud de panícula (*LnPn*) y peso de mil granos secos (*PsMIGr*); también para variables de calidad y apariencia de grano tales como longitud (*LnGr*) y ancho de grano (*AnGr*) y contenido de amilosa (*CnAm*). Tales materiales adquieren interés para uso potencial como progenitores en programas nacionales e internacionales de mejoramiento.

their expression across environments, except rice white leaf virus at vegetative state (VHBVg) in Montería. Likewise, for each quantitative trait, comparative analysis between adjusted data with block effect for rice accessions and the best control genotype showed differences at each location. Accessions of the collection were identified with outstanding agronomic performance for physiological traits such as stem strength (*FrTll*), leaf senescence (*SnHj*), panicle excursion (*ExPc*), tillering ability (*HbMc*), vegetative vigor (*VVg*). Differences were also observed for variables related to yield and its components, such as grain yield (*RnGr*), total number of spikelets per panicle (*NmEsPn*), number of spikelets filled per panicle (*NmEsLlPn*), panicle length (*LnPn*) and weight of a thousand dried grains (*PsMIGr*), as well as for grain quality and appearance traits such as length (*LnGr*), grain width (*AnGr*) and amylose content (*CnAm*). Such materials are of special interest for potential use as parents for national and international breeding programs.

INTRODUCCIÓN

El arroz pertenece a la División: Angiospermae, Clase: Monocotyledoneae, Orden: Glumiflorae, Tribu: Oryzeae, Familia: Poaceae (gramineae), y las especies cultivadas son: *Oryza sativa* L. y *Oryza glaberrima* Steud, ambas de reproducción autógama, diploides con $2n=24$ cromosomas. El género *Oryza* cuenta con más de 24 especies silvestres que crecen en regiones inundadas, semi-sombreadas y bosques en el sureste asiático, Austria, África, Sur y Centro América (Acevedo *et al.* 2006).

La especie *O. sativa* presenta un número básico de cromosomas $X=12$, mientras que el genoma diploide ($2n=24$) es considerado relativamente pequeño cuando es comparado con cualquier otro genoma estudiado, al contar con 430 millones de pares de bases; aproximadamente 50% del genoma

está compuesto de secuencias repetitivas (Chang 2003).

La producción mundial de arroz (*O. sativa* L.) en el 2013 alcanzó las $7,40 \times 10^8$ toneladas (FAO 2015). Así, el arroz se constituyó como el segundo cereal más producido después del maíz ($1,01 \times 10^9$ toneladas), superando incluso al trigo ($7,15 \times 10^8$ toneladas) por escaso margen. El análisis a nivel continental, de acuerdo con datos de la misma entidad, muestra que Asia fue el mayor productor del grano, al alcanzar el 90,6% de la producción mundial, seguido por América con el 4,9%, África con el 3,9%, Europa con el 0,5% y Oceanía cerrando con el 0,2%. En la región de las Américas, América del Sur contribuyó con el 3,3% de la producción mundial.

El aumento de los rendimientos ha representado históricamente la mayor parte del crecimiento en la producción de arroz a nivel mundial, sin embargo, esta tendencia se ha

desacelerado en los últimos años a tasas inferiores con respecto al crecimiento poblacional. Además, el aumento de la superficie cultivada hoy en día es más lento de lo que fue en el pasado. En consecuencia, será un reto aumentar el crecimiento del rendimiento en el futuro para lograr alimentar a una población creciente a precios asequibles para los pobres (Pandey *et al.* 2010). Tal situación, sumada a un escenario ambiental cambiante y cada vez más complejo, ha llevado a los investigadores de los programas de mejoramiento a tomar acciones encaminadas hacia la generación de cultivares con alto potencial de rendimiento, eficiencia en el uso de los recursos y con adaptación a las condiciones medioambientales adversas.

Tanto la exploración como el uso eficiente de los recursos genéticos de una especie permiten encontrar variantes que, mediante procesos de fitomejoramiento, facilitan la adaptación a necesidades y condiciones cambiantes, lo cual hace posible la agricultura sostenible en los ambientes de producción. Por tanto, la identificación de germoplasma promisorio con rasgos de interés, constituye una actividad relevante en el mejoramiento del arroz, al tener en cuenta que el potencial genético de las accesiones es evaluado de acuerdo con su expresión fenotípica en los ambientes objetivo, bajo los tipos de estrés de interés (IRRI 2014).

El arroz cuenta con un amplio número de bancos de genes en el planeta que conservan la diversidad genética presente en las especies del género *Oryza* (Guimaraes 2009). Sin embargo, es necesario avanzar en procesos de caracterización y evaluación del germoplasma preservado para utilizar eficientemente el recurso genético almacenado.

La colección de germoplasma estudiada está compuesta por 196 genotipos, de los cuales 192 corresponden a líneas de la colección de trabajo, mientras que los 4 materiales restantes incluyen líneas avanzadas y variedades de buen comportamiento agronómico en los ambientes de estudio. Este grupo de materiales constituye una importante reserva de recursos genéticos para el

programa de mejoramiento que, aunque ha sido utilizada como fuente de genes en algunos procesos de mejoramiento, hasta el momento no cuenta con estudios a profundidad sobre su variabilidad morfoagronómica; en consecuencia, el potencial de la colección aún no ha sido explotado eficientemente. Por tanto, el objetivo de este trabajo fue caracterizar en 3 ambientes la colección de parentales del programa nacional de mejoramiento de arroz de la Federación Nacional de Arroceros de Colombia, con base en 28 descriptores morfoagronómicos.

MATERIALES Y MÉTODOS

Material vegetal y localidades de evaluación

Se emplearon en total 196 genotipos en este estudio. De ellos, 192 correspondieron a la colección de trabajo del programa nacional de mejoramiento de la Federación Nacional de Arroceros de Colombia, mientras que los 4 restantes fueron la línea avanzada FA495-5-2-A2-1A-1A-8-M, y las variedades Fedearroz 67, FL Fedearroz 68 y Fedearroz 174, designados como testigos por su buen comportamiento agronómico en los ambientes de evaluación. La composición de la colección de estudio, según el origen de las accesiones es la siguiente: FEDEARROZ – FNA (Federación Nacional de Arroceros – Fondo Nacional del Arroz) 72 genotipos, FLAR (Fondo Latinoamericano de Arroz Riego) 56 genotipos, CIAT (Centro Internacional de Agricultura Tropical) 26 entradas, IRRI (International Rice Research Institute) 13 accesiones, 15 accesiones de otros programas de mejoramiento, 10 líneas localmente adaptadas.

Los ensayos se sembraron en campo entre abril y mayo de 2015. Las localidades de evaluación fueron los Centros Experimentales Las Lagunas (CELL), Santa Rosa (CESR) y La Victoria (CELV), propiedad de FEDEARROZ. El Cuadro 1 describe los ambientes en que se efectuó la caracterización.

Cuadro 1. Descripción de los ambientes en que se efectuó el estudio caracterización de la colección de germoplasma del programa nacional de mejoramiento de la Federación Nacional de Arroceros (FEDEARROZ). Colombia. 2015.

Parámetro	Ambiente		
	CELL ¹	CELV ²	CESR ³
Ubicación	Saldaña	Montería	Villavicencio
Latitud	3°56'N	8°89'N	4°03'N
Longitud	75°01'W	75°09'W	73°29'W
Elevación media (msnm)	310,0	20,0	430,0
Temperatura promedio (°C) ⁴	27,9	27,7	25,8
Temperatura mínima (°C) ⁴	23,7	24,1	22,1
Temperatura máxima (°C) ⁴	33,4	33,5	31,4
Energía solar promedio (Ly/día) ⁴	440,3	358,0	354,7
Humedad relativa promedio (%) ⁴	81,0	84,8	82,0
Precipitación (mm) ⁴	1282,0	1276,9	4538,0

¹/Centro Experimental Las Lagunas; ²/Centro Experimental La Victoria; ³/Centro Experimental Santa Rosa; ⁴/Datos de la red de estaciones climatológicas FEDEARROZ.

Se evaluaron 28 descriptores, 14 de ellos cualitativos (Cuadro 2) y 14 cuantitativos (Cuadro 3), se tomó como referencia el Sistema de Evaluación Estándar (IRRI 2014).

Adicionalmente, se tuvieron en cuenta algunos descriptores propuestos por CIAT (1989), Muñoz *et al.* (1993) y Bioversity International (2011).

Cuadro 2. Relación de descriptores cualitativos empleados en la evaluación de la colección de germoplasma del programa nacional de mejoramiento de la Federación Nacional de Arroceros (FEDEARROZ). Colombia. 2015.

Descriptor	Acrónimo	Descripción
I. Fase Vegetativa		
Virus de Hoja Blanca CIAT ¹	<i>VHB CIAT</i>	Calificación 1-9 según incidencia (0 = Sin síntomas, 1 = Menos del 1%, 3 = 1-10%, 5 = 11-30%, 7 = 31-60%, 9 = 61-100%)
Virus de Hoja Blanca estado vegetativo ¹	<i>VHBVg</i>	Calificación 1-9 según incidencia (0 = Sin síntomas, 1 = Menos del 1%, 3 = 1-10%, 5 = 11-30%, 7 = 31-60%, 9 = 61-100%)
Vigor Vegetativo ¹	<i>VVg</i>	Calificación 1-9 (1 = Extra vigoroso, 3 = Vigoroso, 5 = Normal, 7 = Débil, 9 = Muy débil)
II. Fase Reproductiva		
Virus de Hoja Blanca estado reproductivo ¹	<i>VHBRep</i>	Calificación 1-9 según incidencia (0 = Sin síntomas, 1 = Menos del 1%, 3 = 1-10%, 5 = 11-30%, 7 = 31-60%, 9 = 61-100%)
Angulo de hoja bandera ¹	<i>AnHjBn</i>	Calificación 1-7 (1 = Erecto, 3 = Intermedio, 5 = Horizontal, 7 = Descendente)
Habilidad de macollamiento ¹	<i>HbMc</i>	Calificación 1-9 (1 = Muy alta, 3 = Buena, 5 = Intermedia, 7 = Baja, 9 = Muy baja)
Pubescencia de lámina de la hoja ¹	<i>PbLmHj</i>	Calificación 1-3 (1 = Glabra, 2 = Intermedia, 3 = Pubescente)
III. Fase Maduración		
Tipo de panícula ¹	<i>TpPc</i>	Calificación 1-3 (1 = Compacta, 2 = Intermedia, 3 = Abierta)
Excursión de panícula ²	<i>ExPc</i>	Calificación 1-9 (1 = Encerrada, 3 = Parcialmente excerta, 5 = Solo excerta, 7 = Moderadamente bien excerta, 9 = Bien excerta)
Angulo de los tallos ²	<i>AnTll</i>	Calificación 1-9 (1 = Erecto, 3 = Intermedio, 5 = Abierto, 7 = Esparcido, 9 = Procumbente)
Arista ¹	<i>Ar</i>	Calificación 0-9 (0 = Ausente, 1 = Corta algunos granos, 5 = Corta todos los granos, 7 = Larga algunos granos, 9 = Larga todos los granos)
Fortaleza de los tallos ¹	<i>FrTll</i>	Calificación 1-9 (1 = Fuerte, 3 = Moderadamente fuerte, 5 = Intermedia, 7 = Débil, 9 = Muy débil)
Senescencia de la hoja ¹	<i>SnHj</i>	Calificación 1-9 (1 = Muy temprana, 3 = Temprana, 5 = Intermedia, 7 = Tardía, 9 = Muy tardía)
Desgrane de panícula ¹	<i>DsPc</i>	Calificación 1-3 (1 = Difícil desgrane, 2 = Desgrane intermedio, 3 = Fácil desgrane)

¹/IRRI, 2014 ; ²/Muñoz *et al.* 1993.

Cuadro 3. Relación de descriptores cuantitativos empleados en la evaluación de la colección de germoplasma del programa nacional de mejoramiento de la Federación Nacional de Arroceros (FEDEARROZ). Colombia. 2015.

Descriptor	Acronimo	Descripción
Fase Reproductiva		
Días a 50% de floración ¹	<i>DsFl50</i>	Días desde emergencia (dde) hasta floración del 50% de las plantas de la parcela
Fase Maduración		
Longitud de panícula ¹	<i>LnPn</i>	Distancia (cm) desde la base (nudo ciliar) hasta el ápice de la panícula más alta de cada planta
Altura de planta ¹	<i>AlPl</i>	Medida (cm) desde la superficie del suelo hasta el ápice de la panícula más alta excluyendo las aristas
Rendimiento en grano ¹	<i>RnGr</i>	Área cosechada en 5 metros cuadrados por parcela reportada en kilogramos por hectárea (Kg.ha ⁻¹) al 14% de humedad
Poscosecha		
Longitud de grano ²	<i>LnGr</i>	En grano blanco entero (Corto = 5,5 mm o menos, Medio = 5,6 a 6,5 mm, Largo = 6,6 a 7,5 mm, Extra largo = 7,6 mm o más)
Ancho de grano ¹	<i>AnGr</i>	Valor medido en grano blanco entero (mm)
Peso de 1000 granos secos ¹	<i>PsMIGr</i>	Peso de 1000 granos de paddy seco expresado en gramos (g)
Índice de pilada (%) ²	<i>InPl</i>	Porcentaje de grano excelso obtenido a partir de 100 gramos de arroz paddy seco (incluye el grano blanco entero más el grano que conserva hasta 3 cuartas partes de su tamaño)
Centro blanco (%) ²	<i>CnBl</i>	En muestra de 25 gramos de arroz excelso, corresponde a cantidad en gramos de granos con opacidad localizada en el endospermo. Escala 1-5 (1 = Grano translúcido, 5 = Grano opaco en gran porcentaje)
Contenido de amilosa en grano (%) ²	<i>CnAm</i>	En muestra de grano excelso (Alta: 28 a 32%, Intermedio: 23 a 28%, Baja: 8 a menos de 23%)
Número total de espiguillas por panícula ³	<i>NmEsPn</i>	Promedio del conteo total de espiguillas en 10 panículas
Número de espiguillas llenas por panícula ³	<i>NmEsLlPn</i>	Promedio del conteo de espiguillas llenas en 10 panículas
Número de espiguillas vanas por panícula ³	<i>NmEsVnPn</i>	Promedio del conteo de espiguillas vacías en 10 panículas
Vaneamiento (%) ³	<i>Vn</i>	Número de espiguillas vacías dividido en el número total de espiguillas en la muestra, en porcentaje

^{1/} IRRI, 2014 ; ^{2/} CIAT, 1989 ; ^{3/} Muñoz *et al.* 1993.

Diseño experimental - análisis estadístico

Se aplicó el diseño de bloques aumentados (Federer 1961, Petersen 1994) en un arreglo completamente al azar. En cada localidad el ensayo contó con 8 bloques, cada uno con 28 genotipos, para un total de 224 parcelas. Cada unidad experimental tuvo un área de 7,5 m², conformada por 6 surcos de 5 metros de longitud, separados a 0,25 metros entre sí, para un área total de 1680 m² por localidad. El sistema de siembra utilizado fue transplante, se ubicó cada plántula a 0,25 metros de la otra, con 21 plantas por surco y 126 en total por parcela.

Los análisis estadísticos se llevaron a cabo con el programa SAS University edition® (SAS Institute 2015). Mediante la implementación de diferentes procedimientos, se analizaron los datos obtenidos para las variables cualitativas y cuantitativas, como se describe a continuación.

Análisis variables cualitativas

Con los datos de 14 variables cualitativas obtenidas en cada localidad, se implementó el procedimiento MEANS para generar las medidas de resumen. Seguidamente, con base en los procedimientos SORT y GCHART, se generó el análisis descriptivo correspondiente para identificar los descriptores más variables por ambiente.

Análisis variables cuantitativas

Para cada variable en cada localidad, se identificaron las líneas superiores a los testigos

mediante: *i*) validación supuestos normalidad (Shapiro–Wilk) y homocedasticidad (Bartlett) para los testigos replicados, utilizando los procedimientos GLM, UNIVARIATE y ANOVA; *ii*) transformación de variables que no cumplieron supuestos, *iii*) análisis de varianza (ANAVA) y ajuste de datos por efecto de bloque, al implementar los procedimientos GLM, MIXED, SORT y ANOVA, se asumió el modelo como mixto, donde la variable genotipo se consideró como de efectos fijos y la variable localidad de efectos aleatorios; *iv*) test de comparación entre valores ajustados de las líneas experimentales y la media del mejor testigo. Lo anterior, mediante el cálculo del error estándar y la aplicación de la prueba de t (DMS con $\alpha=0,05$ y 21 grados de libertad), en la que se implementó el procedimiento FREQ.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El análisis de la distribución de las variables cualitativas permitió evidenciar diferencias en su expresión a lo largo de las localidades. A excepción del rasgo *VHBVg* en Montería, todas las variables cualitativas mostraron polimorfismo en los 3 ambientes (Cuadro 4). Ferreira y Veasey (2011) reportan resultados similares en un estudio de caracterización de 146 accesiones de arroz en Brasil, al señalar que 14 de 15 variables cualitativas evaluadas en campo resultaron polimórficas.

Cuadro 4. Distribución de 13 variables cualitativas evaluadas en la colección de germoplasma del programa nacional de mejoramiento de la Federación Nacional de Arroceros (FEDEARROZ) en 3 localidades, Colombia, 2015.

Variable	Calificación según escala ^v																				
	Montería							Saldaña							Villavieco						
	0	1	2	3	5	7	9	0	1	2	3	5	7	9	0	1	2	3	5	7	9
<i>VHBVgI</i>	196	0	-	0	0	0	0	53	77	-	58	8	0	0	140	42	-	14	0	0	0
<i>VHBRrep</i> ²	49	28	-	109	10	0	0	0	0	-	18	72	48	56	118	58	-	20	0	0	0
<i>Ar</i> ³	176	20	-	0	0	0	0	131	47	-	0	1	17	0	164	31	-	0	0	1	0
<i>VVg</i> ⁴	-	0	-	81	106	9	0	-	134	-	50	9	3	0	-	40	-	82	72	2	0
<i>AnHjBn</i> ⁵	-	170	-	16	2	8	0	-	108	-	74	9	5	0	-	167	-	28	1	0	0
<i>HbMc</i> ⁶	-	0	-	28	154	13	1	-	7	-	34	145	7	3	-	4	-	25	149	18	0
<i>ExPc</i> ⁷	-	0	-	0	33	87	76	-	0	-	32	29	127	8	-	0	-	0	2	17	117
<i>AnTl</i> ⁸	-	141	-	54	1	0	0	-	163	-	33	0	0	0	-	106	-	87	3	0	0
<i>FrTl</i> ⁹	-	78	-	53	30	29	6	-	66	-	93	32	4	1	-	185	-	10	1	0	0
<i>SnHj</i> ¹⁰	-	0	-	7	17	51	121	-	5	-	13	93	78	7	-	0	-	0	1	123	72
<i>PbLmHj</i> ¹¹	-	7	189	0	-	-	-	-	6	190	0	-	-	-	-	6	190	0	-	-	-
<i>TpPc</i> ¹²	-	68	98	30	-	-	-	-	15	167	14	-	-	-	-	96	92	8	-	-	-
<i>DsPc</i> ¹³	-	106	54	36	-	-	-	-	32	108	56	-	-	-	-	2	185	9	-	-	-

^WLos valores en cada celda señalan el número de genotipos en cada estado de la variable. ¹¹Virus de Hoja Blanca estado vegetativo; ²Virus de Hoja Blanca estado reproductivo; ³Arista; ⁴Vigor vegetativo; ⁵Angulo de hoja bandera; ⁶Habilidad de macollamiento; ⁷Exerción de panícula; ⁸Angulo de los tallos; ⁹Fortaleza de los tallos; ¹⁰Senescencia de la hoja; ¹¹Pubescencia de la lámina de la hoja; ¹²Tipo de panícula; ¹³Desgrane de panícula.

Los ambientes causaron variaciones en la respuesta de las accesiones para rasgos específicos. Esto coincide con reportes de Moukoubi *et al.* (2011), quienes encontraron qué variables morfoagronómicas específicas presentaron diferencias tanto en sus patrones de distribución como en su nivel de variación al evaluar germoplasma de arroz en 2 ambientes africanos.

Las variables con mayor nivel de polimorfismo en Montería fueron *FrTll*, *SnHj* y *VHBRep*, mientras que, en el ambiente de Saldaña, destacaron *Ar*, *VHBRep* y *ExPc*. En Villavicencio, se

observó que las variables *VVg*, *HbMc* y *AnTll* fueron las de mayor variabilidad.

La variable *VHBRep* presentó altos valores en Saldaña. El 9,2% de los materiales alcanzó 10% o menos de incidencia en campo, equivalentes a calificación de 1 a 3 en la escala de evaluación. Esta respuesta fue similar a la observada en condiciones controladas en CIAT, en donde el 9,7% de los materiales presentó incidencia de 10% o menos. Los valores de los testigos, así como los genotipos con calificaciones 1 y 3, considerados como resistentes y moderadamente resistentes, se muestran en el Cuadro 5.

Cuadro 5. Genotipos pertenecientes a la colección de germoplasma estudiada con calificaciones de 1 y 3 en la escala de evaluación de VHB en Saldaña y CIAT - Palmira. Colombia. 2015.

Genotipo	Calificación		Genotipo	Calificación	
	VHB CIAT	VHBRep Saldaña		VHB CIAT	VHBRep Saldaña
FA366-4-2-A1-1A-3-M	3	3	IRRI5CA-1-1	1	3
FEDCLR-64-86	3	3	IRRI5CA-1-2	1	3
Fedearroz 174-6-38	3	3	LV1198-18-3-4-M	3	3
Fedearroz 2000	3	3	LV1401-202-2L	3	3
FL00595-12P-1-1P-M	3	3	LV1521-M-6-IV-M 2L	3	3
FL02173-3P-8-2P-2P-M	3	3	LV1651-4A-IV-2A-MV-MV	3	3
FL03272-5P-7-2P	3	3	LV1942-M-4A-ML-3-1	3	3
FL03664-3P-4-1P-M	3	3	FA495-5-2-A2-1A-1A-8-M ¹	5	5
FL09252-2P-14-3P-1P-M	3	3	FL Fedearroz 68 ¹	5	5
FLL0905-ML-1L-1	3	3	Fedearroz 174 ¹	7	7
IR 58	3	3	Fedearroz 67 ¹	7	7
IR10781-75-3-2-2	3	3			

Estos resultados revisten gran importancia dado que, según Romero *et al.* (2014), las epidemias del VHB ocurren esporádicamente, pero con resultados catastróficos sobre los rendimientos del cultivo, los cuales alcanzan incluso pérdidas del 50%. Así, resulta imprescindible en la valoración de germoplasma la búsqueda de fuentes de resistencia, al ser esta la mejor estrategia

para el control de la enfermedad (Morales y Jennings 2010).

Para la variable *HbMc*, sobresalieron 7 materiales en Saldaña (IR58, K-60, CT11981-2-2-3-6, FL04208-6P-5-2P-3P-M, FL09201-5P-10-3P-3P-M, FL10047-6P-1-2P-2P-M e IR2307-247-2-2-3) y 4 en Villavicencio (IR58, K-60, HI56A 7617 e IR1561-228-3-3); esto al

presentar calificación de uno con respecto al valor de 5 presentado por los testigos. Estos materiales resultan promisorios, ya que la *HbMc* es uno de los rasgos determinantes para el rendimiento en arroz, el cual está condicionado fundamentalmente por la genética. Por lo general los genotipos con alto macollamiento poseen también un alto número de panículas (Nuruzzaman *et al.* 2000, Hussien *et al.* 2014).

El análisis comparativo efectuado entre los datos ajustados por el efecto de bloque y el promedio del mejor testigo en cada localidad para cada variable, permitió observar diferencias en el

comportamiento de las accesiones. Se encontraron genotipos con respuestas similares, superiores o inferiores estadísticamente en relación con los testigos (Cuadros 6, 7 y 8). Estos resultados demuestran la existencia de materiales con caracteres agronómicos destacados en los ambientes de estudio, con potencial uso como parentales. Tales resultados coinciden con los generados en estudios de caracterización efectuados por Saini *et al.* (2013) y Shiva *et al.* (2013) con diferentes colecciones de arroz en India, en donde identificaron progenitores potenciales para rasgos de interés específicos.

Cuadro 6. Número de genotipos en la colección de germoplasma estadísticamente superiores, iguales o inferiores al mejor testigo para 14 variables cuantitativas evaluadas en la localidad de Montería, Colombia. 2015.

Variable	Montería			Criterio de selección
	Genotipos promisorios	Mínimo y Máximo genotipos promisorios	Media mejor testigo	
Días a 50% de floración (<i>DsF150</i>)	168 ¹	70,0-98,0	83,0	Precocidad
Longitud de panícula (<i>LnPn</i>)	38 ³	29,2-35,4	26,4	Mayor longitud de panícula
Altura de planta (<i>AlPl</i>)	3 ¹	95,1-100,4	112,2	Porte bajo (semienano)
Rendimiento en grano (<i>RnGr</i>)	118 ¹	5740,9-9684,3	7850,6	Mayor rendimiento
Longitud de grano (<i>LnGr</i>)	167 ¹	6,5-8,4	7,5	Mayor longitud de grano
Ancho de grano (<i>AnGr</i>)	1 ³	2,8	2,3	Mayor ancho de grano
Peso de 1000 granos secos (<i>PsMI(Gr)</i>)	3 ³	33,4-35,6	30,2	Mayor peso de 1000 granos
Índice de pilada (%) (<i>InPl</i>)	1 ³	65,8	54,2	Mayor índice de pilada
Centro blanco (%) (<i>CnBl</i>)	112 ¹	0,0-1,15	0,4	Menor centro blanco
Contenido de amilosa grano (%) (<i>CnAm</i>)	158 ¹	26,2-36,2	32,1	Mayor contenido de amilosa
Número total de espiguillas por panícula (<i>NmEsPn</i>)	4 ³	264,8-340,0	198,5	Mayor número de espiguillas/panícula
Espiguillas llenas por panícula (<i>NmEsLLPn</i>)	2 ³	241,1-266,8	166,3	Mayor número de espiguillas llenas/panícula
Número de espiguillas vanas por panícula (<i>NmEsVnPn</i>)	113 ¹	2,3-35,8	13,5	Menor número de espiguillas vanas
Vaneamiento (%) (<i>Vn</i>)	109 ¹	0,2-18,8	8,2	Menor vaneamiento

¹ Líneas estadísticamente iguales al mejor testigo; ² Líneas estadísticamente inferiores al mejor testigo; ³ Líneas estadísticamente superiores al mejor testigo. Resultados obtenidos mediante la Prueba de t (DMS $p \leq 0,05$; 21 grados de libertad) comparando las medias del mejor testigo con valores ajustados de cada línea experimental.

Cuadro 7. Número de genotipos en la colección de germoplasma estadísticamente superiores, iguales o inferiores al mejor testigo para 14 variables cuantitativas evaluadas en la localidad de Saldaña. Colombia. 2015.

Variable	Saldaña			Criterio de selección
	Genotipos promisorios	Mínimo y Máximo genotipos promisorios	Media mejor testigo	
Días a 50% de floración (<i>DsF/50</i>)	1 ²	68,0	85,0	Precocidad
Longitud de panícula (<i>LnPn</i>)	22 ³	31,5-35,1	28,5	Mayor longitud de panícula
Altura de planta (<i>AlPl</i>)	3 ¹	85,0-89,4	102,7	Porte bajo (semienano)
Rendimiento en grano (<i>RnGr</i>)	1 ³	1351,2-10616,8	8833,5	Mayor rendimiento
Longitud de grano (<i>LnGr</i>)	6 ³	8,1-8,6	7,4	Mayor longitud de grano
Ancho de grano (<i>AnGr</i>)	1 ³	2,8	2,4	Mayor ancho de grano
Peso de 1000 granos secos (<i>PsMIGr</i>)	3 ³	33,86-34,9	31,3	Mayor peso de 1000 granos
Índice de pilada (%) (<i>InPl</i>)	137 ¹	44,5-65,7	55,1	Mayor índice de Pilada
Centro blanco (%) (<i>CnBl</i>)	137 ¹	0,0-1,6	0,4	Menor Centro Blanco
Contenido de amilosa grano (%) (<i>ChAm</i>)	2 ³	37,3-37,6	33,1	Mayor contenido de amilosa
Número total de espiguillas por panícula (<i>NmEsLPn</i>)	11 ³	281,6-353,8	248,5	Mayor número de espiguillas/panícula
Número de espiguillas llenas por panícula (<i>NmEsLPn</i>)	14 ³	240,7-313,7	214,6	Mayor número de espiguillas llenas/panícula
Número de espiguillas vanas por panícula (<i>NmEsVnPn</i>)	133 ¹	4,5-30,1	13,2	Menor número de espiguillas vanas
Vaneamiento (%) (<i>Vn</i>)	114 ¹	3,24-12,7	5,9	Menor vaneamiento

¹Líneas estadísticamente iguales al mejor testigo; ²Líneas estadísticamente inferiores al mejor testigo; ³Líneas estadísticamente superiores al mejor testigo. Resultados obtenidos mediante la Prueba de t (DMS $p \leq 0.05$; 21 grados de libertad) comparando las medias del mejor testigo con valores ajustados de cada línea experimental.

Cuadro 8. Número de genotipos en la colección de germoplasma estadísticamente superiores, iguales o inferiores al mejor testigo para 14 variables cuantitativas evaluadas en la localidad de Villavicencio, Colombia. 2015.

Variable	Villavicencio			Criterio de selección
	Genotipos promisorios	Mínimo y Máximo genotipos promisorios	Media mejor testigo	
Días a 50% de floración (<i>DsF/50</i>)	1 ¹	77,0	95,0	Precocidad
Longitud de panícula (<i>LnPn</i>)	35 ³	28,6 - 33,2	26,1	Mayor longitud de panícula
Altura de planta (<i>AlPl</i>)	2 ¹	90,8 - 92,6	113,8	Porte bajo (semienano)
Rendimiento en grano (<i>RnGr</i>)	160 ¹	3907,6 - 8387,4	6376,1	Mayor rendimiento
Longitud de grano (<i>LnGr</i>)	5 ³	8,2 - 8,4	7,5	Mayor longitud de grano
Ancho de grano (<i>AnGr</i>)	151 ¹	2,1 - 2,8	2,4	Mayor ancho de grano
Peso de 1000 granos secos (<i>PxMIGr</i>)	1 ³	35,28	31,3	Mayor peso de 1000 granos
Índice de pilada (%) (<i>InPl</i>)	62 ¹	46,4 - 66,1	60,7	Mayor índice de Pilada
Centro blanco (%) (<i>CnBl</i>)	145 ¹	0,0 - 1,5	0,4	Menor Centro Blanco
Contenido de amiloso grano (%) (<i>CnAm</i>)	159 ¹	27,9 - 35,1	32,1	Mayor contenido de amiloso
Número total de espiguillas por panícula (<i>NmEsPn</i>)	5 ³	276,9 - 321,2	216,1	Mayor número de espiguillas/panícula
Número de espiguillas llenas por panícula (<i>NmEsLLPn</i>)	4 ³	258,8 - 285,9	188,3	Mayor número de espiguillas llenas/panícula
Número de espiguillas vanas por panícula (<i>NmEsVnPn</i>)	128 ¹	6,9 - 43,3	24,0	Menor número de espiguillas vanas
Vaneamiento (%) (<i>Vn</i>)	122 ¹	3,9 - 23,1	11,7	Menor vaneamiento

¹Líneas estadísticamente iguales al mejor testigo; ²Líneas estadísticamente inferiores al mejor testigo; ³Líneas estadísticamente superiores al mejor testigo. Resultados obtenidos mediante la Prueba de t (DMS $p \leq 0,05$; 21 grados de libertad) comparando las medias del mejor testigo con valores ajustados de cada línea experimental.

En Montería (Cuadro 6) se observaron materiales estadísticamente superiores a los mejores testigos para las variables: *AnGr*, genotipo Pollera sucia; *PsMIGr*, materiales Piedra del Cauca, Bogotano y CT15369-13-4-3-1V; *InPl*, línea IR71866-3R-3-1; *NmEsPc*, genotipos Careto, FL06747-4P-10-5P-3P-M, CT18614-10-13-1-2 y CNARR4949-8B-BM85-15-1P; *NmEsLIPn*, líneas Careto y CT18614-10-13-1-2; y *LnPn*, con 38 genotipos entre 29,2 y 35,4 cm en relación con los 26,4 cm del mejor testigo.

Además de las variables mencionadas, para *AIPl*, los genotipos FL10030-12P-9-2P-4P-M, Venezuela 21 y Paitití, de tipo semi-enano, presentaron diferencias estadísticamente significativas con el testigo más bajo, variedad FL Fedearroz 68, de porte intermedio. Según Li *et al.* (2014), la *AIPl* constituye un rasgo de gran importancia para los mejoradores. Actualmente se discute ampliamente cuál debe ser la *AIPl* del nuevo ideotipo de planta de arroz. El IRRI propone entre 90 – 100 cm, mientras que en China, este ha oscilado entre 115 y 135 cm según Peng *et al.* (2008), por lo que llegó incluso a plantear valores en torno a los 100 cm de altura para los nuevos híbridos. En síntesis, es claro que, aunque la *AIPl* está correlacionada de manera directa con el rendimiento en grano, aumentos considerables pueden llevar a predisponer al acame. De igual modo, la variabilidad en este rasgo que ofrece la colección de estudio, resulta de gran utilidad para el programa de mejoramiento.

El análisis de otras variables tales como *DsFl50*, *RnGr*, *LnGr*, *CnBl*, *CnAm*, *NmEsVnPn*, y *Vn* permitió identificar genotipos estadísticamente iguales a los testigos de mejor comportamiento, confirmando valor agregado como posibles progenitores a tales materiales.

En Saldaña (Cuadro 7) se encontraron líneas estadísticamente superiores al mejor testigo para *LnPn* (22 genotipos entre 31,5 y 35,1 cm en relación con los 28,5 cm de Fedearroz 67), *RnGr* (línea FSR214-M-5-1-1 con 10616,8 Kg/Ha con respecto a los 8833,5 Kg/Ha de Fedearroz 67), *LnGr* (genotipos FNAC100CA2-1, FL07214-4P-2-2P-1P-M, LV400-1-10-1-2-M-5-1,

FL09523-5P-3-1P-1P-M, FL03188-7P-5-3P-1P-M y Ligerito playero, con valores entre 8,1 y 8,6 mm, superando los 7,4 mm de FA495-5-2-A2-1A-1A-8-M), *AnGr* (genotipo Pollera sucia con 2,8 mm, 0,4 mm sobre FA495-5-2-A2-1A-1A-8-M), *PsMIGr* (accesiones Piedra del Cauca, LV1651-4A-1V-2A-MV-MV y Pollera sucia con pesos entre 33,7 y 34,9 g con respecto a los 31,3 g de FA495-5-2-A2-1A-1A-8-M), *CnAm* (materiales Fedearroz 369 e IR1561-228-3-3 con 37,3% y 37,6%, respectivamente, lo que supera a FA495-5-2-A2-1A-1A-8-M en 4,2%), *NmEsPn* (líneas CNARR4949-8B-BM85-15-1P, CT14938-28-M-M-5-1-5V, FLV053-4-6-4-3A-MA, Cola de vaca, Progreso 4-25, CT19021-3-4-1Vi-1, CT15369-13-4-3-1V, FSR214-M-5-1-1, LV1601-M-5V-2V-22, FL09252-2P-14-3P-3P-M y Colombia XXI, con valores entre 281,6 y 353,8, a diferencia de Fedearroz 67 con 248,5), y *NmEsLIPn* (CNARR4949-8B-BM85-15-1P, CT14938-28-M-M-5-1-5V, CT19021-3-4-1Vi-1, FLV053-4-6-4-3A-MA, FSR214-M-5-1-1, Cola de vaca, Progreso 4-25, FL09252-2P-14-3P-3P-M, Colombia XXI, FL09523-5P-3-1P-1P-M, FL03665-1P-1-3P-M, LV1601-M-5V-2V-22, IR80705-36-1-3-3 y Setentano, con respuestas entre 240,7 y 313,7, en detrimento del testigo con 214,6.

Para *DsFl50* y *AIPl*, se observaron materiales promisorios por su precocidad (genotipo Fortaleza) y porte semienano (líneas Paitití, FL05372-7P-1-2P-1P-M e IR2307-247-2-2-3) en relación con el testigo FL Fedearroz 68. Otras variables como *NmEsVnPn*, *Vn*, *InPl* y *CnBl* no presentaron genotipos superiores a los mejores testigos, pero sí materiales similares estadísticamente.

En Villavicencio (Cuadro 8), 5 variables presentaron genotipos estadísticamente superiores al mejor testigo. Es el caso de *LnPn*, con 35 materiales superiores a Fedearroz 174 (26,1cm) con valores entre 28,6 y 33,2 cm; *LnGr*, materiales F-60-57, FL03157-10P-6-2P-2P-M, Guaymas A90, Setentano y Pollera sucia, con valores entre 8,2 y 8,4 mm, respecto a Fedearroz 67 (7,5 mm); *PsMIGr*, genotipo Piedra del Cauca (35,3 g) en

relación con los 31,3 g del testigo FA495-5-2-A2-1A-1A-8-M; *NmEsPn*, líneas Careto, Bogotano, FL02759-5P-4-2P-3P-M-1P-F12, Progreso 4-25, Piedra del Cauca, Cheverito y FL00584-21P-8-2P-M-M con valores entre 276,9 y 321,2 en relación con las 216,1 de FA495-5-2-A2-1A-1A-8-M; *NmEsLlPn*, genotipos Bogotano, Careto, Piedra del Cauca y FL02759-5P-4-2P-3P-M-1P-F12, con valores entre 258,8 y 285,9, superiores a FL Fedearroz 68 con 188,3.

Las variables con materiales estadísticamente inferiores al mejor testigo fueron *DsFl50* (línea IR71866-3R-3-1) y *AlPl* (genotipos IR1561-228-3-3 y FL02095-4P-1-9P-3-M). Las variables *RnGr*, *AnGr*, *InPl*, *CnBl*, *CnAm*, *NmEsVnPn* y *Vn* mostraron genotipos similares a los testigos como los de mejor comportamiento.

En lo que respecta a los rasgos en que se evidenciaron accesiones similares al mejor testigo en alguna de las localidades, es importante tener en cuenta aspectos relacionados con los estándares del industrial y del consumidor, así como lo relativos que estos resultan, esto según el ambiente objetivo a la hora de valorar un genotipo. En el caso de la variable *InPl*, que hace referencia al porcentaje de grano blanco con su tamaño completo o hasta 3 cuartas partes del mismo recuperado después de proceso de molinería (Siebenmorgen *et al.* 2007, Salassi *et al.* 2013, Sreenivasulu *et al.* 2015), valores por debajo de 56% resultan castigados o rechazados por la industria, razón por la cual se planteó como referente tal cifra a la hora de la selección de los materiales.

En el caso de la variable *CnBl*, los materiales con calificaciones entre cero y uno resultan de interés por su translucidez para industriales y consumidores (Cuevas *et al.* 2016). Por tanto, se tuvo en cuenta este patrón como referencia en la valoración de las accesiones. Igualmente, el rasgo *CnAm* está condicionado por la preferencia hacia materiales con altos porcentajes, dada la consistencia blanda y apariencia suelta del grano después del proceso de cocción (Cuevas *et al.* 2016). Asimismo, la preferencia por granos extralargos

hizo de este un parámetro crítico a la hora de valorar la colección de estudio.

Con respecto a la variable *Vn*, es conocido que es un importante componente de rendimiento en arroz, cuya reducción resulta fundamental para mejorar el rendimiento. Aun bajo condiciones favorables, el *Vn* en arroz puede alcanzar hasta 15%, por lo que los materiales de la colección con valores similares o inferiores resultaron interesantes (Yoshida 1981, Fageria 2007).

Para cada uno de los 192 genotipos de la colección se generó información agronómica específica útil para direccionar futuras actividades del programa nacional de mejoramiento de arroz.

Se identificaron accesiones de la colección con rasgos agronómicos sobresalientes en los ambientes de evaluación, principalmente en lo que respecta a variables fisiológicas (fortaleza de los tallos, senescencia de la hoja, excursión de panícula, habilidad de macollamiento, vigor vegetativo); variables relacionadas con el rendimiento y sus componentes (rendimiento en grano, número total de espiguillas panícula, número de espiguillas llenas panícula, longitud panícula y peso de mil granos); así como variables de calidad y apariencia de grano (longitud y ancho de grano y contenido de amilosa). Tales materiales adquieren interés para uso potencial y uso como progenitores en el programa nacional de mejoramiento de arroz e incluso en programas de mejora de otros países.

En lo que se refiere a la variable fitosanitaria Virus de Hoja Blanca, las 19 accesiones fueron identificadas con respuesta consistente entre resistente y moderadamente resistente frente a la enfermedad en Saldaña, localidad de mayor presión de la enfermedad en campo, así como en condiciones controladas de camas de infección en CIAT. Estos genotipos ofrecen un punto de partida para la búsqueda de nuevas fuentes de resistencia para la enfermedad, incluso como progenitores en el programa nacional de mejoramiento.

AGRADECIMIENTOS

A la Federación Nacional de Arroceros y al Fondo Nacional del Arroz de Colombia por el apoyo logístico, técnico y financiero. Al Fondo Latinoamericano de Arroz Riego (FLAR) y al personal del Proyecto Arroz del Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT).

LITERATURA CITADA

- Acevedo, M; Castrillo, W; Belmonte, U; 2006. Origen, evolución y diversidad del arroz. *Agronomía Tropical* 56:151-170.
- Bioversity International, IRRI e AfricaRice. 2011. Descriptores para arroz silvestre e cultivado (*Oryza* spp.). Roma, Italia; International Rice Research Institute, Los Baños, Filipinas; AfricaRice, Centro de Arroz da Africa, Cotonou, Benin. 65 p.
- Chang, TT. 2003. Origin, domestication and diversification. In Smith, WC; Dilday, RH (eds.). Rice, origin, history, technology and production. Hoboken, USA. p. 3-24.
- CIAT (Centro Internacional de Agricultura Tropical). 1989. Evaluación de la calidad culinaria y molinera del arroz; guía de estudio para ser usada como complemento de la unidad audiotutorial sobre el mismo tema. Cali, Colombia, Centro Internacional de Agricultura Tropical. 73 p.
- Cuevas, R; Pede, V; McKinley, J; Velarde, O; Demont, M. 2016. Rice grain quality and consumer preferences: a case study of two rural Towns in the Philippines. *PLoS ONE* 11:1-17.
- Fageria, NK. 2007. Yield Physiology of Rice. *Journal of Plant Nutrition* 30:843-879.
- FAO, 2015. FAOSTAT database collections (en línea). Food and Agriculture Organization of the United Nations. Rome, Italia. Consultado 22 abr. 2015. Disponible en <http://faostat.fao.org>
- Federer, W. 1961. Augmented design with one-way elimination of heterogeneity. *Biometrics* 17:447-473.
- Ferreira, WE; Veasey, E. 2011. Agro-morphological characterization of upland rice accessions. *Scientia Agricola* 68:652-660.
- Guimaraes, E. 2009. Rice breeding. In Carena, M (ed.). Cereals, The Banks and the Italian Economy. Springer Science Business Media. p. 99-126.
- Hussien, A; Tavakol, E; Horner, D; Muñoz-Amatriaín, M; Muehlbauer, G; Rossini, L. 2014. Genetics of tillering in rice and barley. *The plant genome* 7:1-20.
- IRRI (International Rice Research Institute). 2014. Standard Evaluation System (SES) for Rice. Manila, Filipinas. International Rice Research Institute. 55 p.
- Li, G; Zhanga, J; Yang, C; Songa, Y; Zheng, C; Wanga, S; Liua, Z; Dinga, Y. 2014. Optimal yield-related attributes of irrigated rice for high yield potential based on path analysis and stability analysis. *The Crop Journal* 2:235-242.
- Morales, F; Jennings, P. 2010. Rice Hoja Blanca: a complex plant-virus-vector pathosystem. *CAB Reviews* 5(043):1-16.
- Moukoubi, Y; Sié, M; Vodouhe, R; N'dri, B; Toulou, B; Ogunbayo, S; Ahanchede, A. 2011. Assessing phenotypic diversity of interspecific rice varieties using agro-morphological characterization. *Journal of Plant Breeding* 3(5):74-86.
- Muñoz, G; Giraldo, G; Fernández-de-Soto, J. 1993. Descriptores varietales: arroz, fríjol, maíz, sorgo. Cali, Colombia, Centro Internacional de Agricultura Tropical. 174 p.
- Nuruzzaman, M; Yamamoto, Y; Nitta, Y; Yoshida, T; Miyazaki, A. 2000. Varietal differences in tillering ability of fourteen Japonica and Indica rice varieties. *Soil Science and Plant Nutrition* 46:381-391.
- Pandey, S; Byerlee, D; Dawe, D; Dobermann, A; Mohanty, S; Rozelle, S; Hardy, B. 2010. Rice in the global economy: strategic research and policy issues for food security. Los Baños, Filipinas. International Rice Research Institute. 477 p.
- Peng, S; Khush, G; Virk, P; Tang, Q; Zou, Y. 2008. Progress in ideotype breeding to increase rice yield potential. *Field Crop Research* 108:32-38.
- Petersen, R. 1994. Agricultural field experiments, design and analysis. New York, USA, Marcel Dekker Inc. 426 p.
- Romero, L; Lozano, J; Garavito, A; Carabali, S; Triana, M; Villareal, N; Reyes, L; Duque, M; Martínez, C; Calvert, L. 2014. Major QTLs control resistance to Rice Hoja Blanca Virus and its vector *Tagosodes orizicolus*. *G3 (Bethesda)* 4:133-142.
- Saini, P; Francies, R; Joseph, J; Bastian, D; Vigneshwaran, V. 2013. Genetic assessment of core set developed from short duration rice accessions held by Kerala Agricultural University. *Journal of Tropical Agriculture* 51:126-131.
- Salassi, M; Deliberto, M; Linscombe, S; Wilson, C; Walker, T; McCauley, G; Blouin, D. 2013. Impact of harvest lodging on rough rice milling yield and market price. *Agronomy Journal* 105:1860-1867.
- SAS Institute Inc. 2015. SAS/IML® 14.1 User's Guide. Cary, USA, SAS Institute. 1154 p.
- Shiva, G; Radha, K; Subba, L; Padmaja, D; Chaitanya, U. 2013. Diversity analysis of Indica rice (*Oryza sativa* L.) genotypes against low and high temperature stress. *Journal of Agriculture and Veterinary Science* 4(6):34-38.
- Siebenmorgen, TJ; Bautista, RC; Counce, PA. 2007. Optimal harvest moisture contents for Maximizing milling quality of long and Medium-grain rice cultivars. *Applied Engineering in Agriculture* 23:517-527.

- Sreenivasulu, N; Butardo, V; Misra, G; Cuevas, R; Anacleto, R; Kavi, P. 2015. Designing climate-resilient rice with ideal grain quality suited for high-temperature stress. *Journal of Experimental Botany* 66:1737-1748.
- Yoshida, S. 1981. *Fundamentals of rice crop science*. Los Baños, Filipinas, International Rice Research Institute. 269 p.



Todos los derechos reservados. Universidad de Costa Rica. Este artículo se encuentra licenciado con Creative Commons Reconocimiento-NoComercial-SinObraDerivada 3.0 Costa Rica. Para mayor información escribir a rac.cia@ucr.ac.cr

