



UNIVERSIDAD NACIONAL DE COLOMBIA

**Comportamiento de progenitores de arroz  
(*Oryza sativa*) con potencial de resistencia  
durable en función de la reacción al añublo  
(*Magnaporthe oryzae*) bajo condiciones del  
piedemonte llanero**

**Olga lucia Higuera Acosta**

Universidad Nacional de Colombia  
Facultad de Ciencias Agrarias  
Escuela de Posgrados  
Bogotá, Colombia  
2015



**Comportamiento de progenitores de arroz  
(*Oryza sativa*) con potencial de resistencia  
durable en función de la reacción al añublo  
(*Magnaporthe oryzae*) bajo condiciones del  
piedemonte llanero**

**Olga Lucia Higuera Acosta**  
**Código: 790610**

Tesis o trabajo de investigación presentada como requisito parcial para optar al título de:  
**Magister en Ciencias Agrarias**  
**Area de Énfasis: Fitopatología**

Director:  
M.Sc., Gustavo Adolfo Prado  
Director asociado:  
Ph.D., Gustavo Adolfo Ligarreto

Universidad Nacional de Colombia  
Facultad de Ciencias Agrarias  
Escuela de Posgrados  
Bogotá, Colombia  
2015



*A Dios todo poderoso*  
*A mi gran amor Robinson Ríos Rojas*  
*A mis Queridos Padres Aura Alicia Acosta*  
*Y Álvaro Enrique Higuera*  
*A mi Abuela Ana Cecilia Neira (Q.E.P.D)*



## **Agradecimientos**

La autora expresa sus más sinceros agradecimientos a las siguientes personas e instituciones:

A la Federación Nacional de arroceros FEDEARROZ-FNA por su apoyo financiero y logístico.

Al Ingeniero Gustavo Prado por su guía, apoyo y colaboración para el desarrollo de este trabajo.

Al Dr. Fernando Correa Fitopatologo de RICETEC por su guía y apoyo inicial para la planeación y desarrollo de este trabajo.

Al profesor Gustavo Ligarreto por su apoyo en la elaboración y desarrollo de este proyecto.

A la doctora Olga Ines Sierra por su asesoría en estadística y su aporte para el desarrollo de este trabajo

Al personal de campo de CIAT y FLAR de la estación experimental Santa Rosa Villavicencio.

A mis compañeros de trabajo Diego, Dairo, Oscar por su colaboración y apoyo en el desarrollo de este trabajo.





## Resumen

El hongo *Magnaporthe oryzae*, (añublo del arroz) es una de las enfermedades más limitantes a nivel mundial en el cultivo de arroz (*Oryza sativa* L), donde la investigación se ha enfocado en la resistencia varietal y la búsqueda de Resistencia Durable (RD), determinando obtener materiales con resistencia y que está sea durable en el tiempo y en ambientes. El presente trabajo Se realizó en la Estación Experimental Santa Rosa (E.E.S.R.), sitio denominado como “Punto caliente” para esta enfermedad, buscando hacer un aporte a la solución de este problema, realizando una evaluación y selección de progenitores por la reacción de sus progenies al añublo en F2 y F3. Fueron valoradas 128 progenies, usando el parámetro de severidad en panícula y en hoja. Se analizó la severidad usando una matriz mixta de selección conformada por variables discretas y continuas usando la moda, mediana, rango intercuartilico (RIC), índice severidad (ISD), dispersión relativa de enfermedad (DRE). Basado en estas evaluaciones se seleccionaron 26 progenies, teniendo en cuenta criterios relacionados con la resistencia parcial al añublo en hoja y panícula. Se calculó la heredabilidad de la resistencia a partir de la regresión progenie-progenitor obteniendo en la F3: heredabilidad de la severidad en añublo en cuello 3,96%, y en hoja fue de 6,48%. Se determinó la ganancia genética, en añublo en cuello, en baja severidad en F3 (-1.21%). Una vez seleccionadas 26 progenies con características de RP, se relacionaron con la reacción de los progenitores al añublo, y así se determinaron 32 progenitores que en sus combinaciones podrían generar con mayor probabilidad progenies con resistencia parcial durable. (RD).

**Palabras Claves:** *Magnaporthe oryzae*, Resistencia, heredabilidad, progenies, mediana

## Abstract

The fungus *Magnaporthe oryzae*, or rice blast, it's one of its more limiting diseases for Rice (*Oryza sativa* L). The research has focused on the use of varietal resistance with the goal of developing Durable Resistance (RD), to obtain materials with greater resistance and able to endure time and different environments. This experiment was conducted at the Experimental Santa Rosa (EESR), place known as "Hot Spot" making a contribution to solving this problem by performing evaluation and selection of progenitors according to the reaction to blast their offspring in F2 and F3. Were assessed 128 offspring, using the blight severity parameter of neck panicle and leaf. Severity in F2 and F3 was analyzed using a mixed selection matrix consists of discrete variables and continuous using the mode, median, interquartile range (IQR), severity index (ISD), relative dispersion of disease (DRE). Based on these evaluations 26 offspring were selected based on partial resistance to leaf and neck blast criteria. Heritability of resistance to leaf blight and neck was performed using the method of heritability from parent-offspring regression F3: heritability neck severity 3.96% blight and leaf was 6 48%. Genetic gain, neck panicle blast was observed in low stringency in F3 (-1.21%). Once selected, 26 offspring with characteristics of (PR) were associated with the reaction of blight parents, and 32 progenitors and their combinations that could generate progeny with durable partial resistance were determined. (DR)

**Keywords:** *Magnaporthe oryzae*, resistance, heritability, offspring, Medium

# Contenido

	Pág.
<b>Resumen y Abstract.....</b>	<b>IX</b>
<b>Lista de figuras.....</b>	<b>XIII</b>
<b>Lista de tablas .....</b>	<b>XIVV</b>
<b>Introducción .....</b>	<b>1</b>
<b>1. Revisión bibliográfica .....</b>	<b>5</b>
1.1 Arroz ( <i>Oryza sativa</i> L.) .....	5
1.2 Añublo del arroz .....	5
1.2.1 Organismo causal y síntomas.....	6
1.2.2 Variabilidad patogénica.....	8
1.3 Interacción planta - patógeno. Arroz- <i>M. oryzae</i> .....	9
1.4 Resistencia.....	10
1.4.1 Resistencia a <i>Magnaporthe oryzae</i> a nivel mundial .....	11
1.4.1.1 Genes de resistencia duradera a <i>Magnaporthe oryzae</i> .....	13
1.4.2 Estudios resistencia a <i>M. oryzae</i> en América Latina y en Colombia.....	14
1.4.2.1 Sistema de producción de arroz riego con baja presión de añublo .....	15
1.4.2.2 Sistema de producción de arroz de secano favorecido bajo alta presión del añublo.....	18
1.4.3 Evaluación y selección de progenitores .....	21
1.5 Heredabilidad de la resistencia a enfermedades .....	22
1.5.1 Heredabilidad de resistencia a <i>Magnaporthe grisea</i> en arroz .....	23
1.6 Índices de selección .....	24
<b>2. Materiales y métodos .....</b>	<b>25</b>
2.1 Descripción del área de estudio .....	25

XII Comportamiento de progenitores de arroz (*Oryza sativa*) con potencial de resistencia durable en función de la reacción al añublo (*Magnaporthe oryzae*) bajo condiciones del piedemonte llanero

---

2.2	Metodología de campo .....	25
2.2.1	Selección de material de estudio, progenies .....	25
2.2.2	Evaluación de progenies .....	27
2.3	Procesamiento y análisis de datos .....	28
2.3.1	Determinación de la Heredabilidad y Ganancia genética.....	30
<b>3.</b>	<b>Resultados y discusión .....</b>	<b>31</b>
3.1	Base de datos de progenies y progenitores .....	33
3.1.1	Evaluación de la severidad del añublo del arroz ( <i>M. oryzae</i> ) en hoja y cuello de la panícula .....	34
3.2	Criterios de selección de progenies orientado a obtener resistencia parcial al añublo del arroz ( <i>M. oryzae</i> ) apoyados en una matriz de índice de selección .....	40
3.2.1	Selección e identificación de las mejores progenies de arroz y sus progenitores en las generaciones F2 y F3, con resistencia al añublo ( <i>M. oryzae</i> ).....	45
3.3	Heredabilidad y ganancia genética de la resistencia al añublo ( <i>M. oryzae</i> ) de las progenies con base en el índice de severidad de hoja y cuello de las progenies en la generaciones F3.....	47
3.3.1	Heredabilidad .....	47
3.3.2	Ganancia genética .....	51
3.4	Progenitores seleccionados por resistencia al añublo del arroz ( <i>M. oryzae</i> ).....	52
<b>4.</b>	<b>Conclusiones y recomendaciones .....</b>	<b>59</b>
4.1	Conclusiones .....	59
4.2	Recomendaciones .....	60
	<b>Anexos .....</b>	<b>63</b>
	<b>Bibliografía .....</b>	<b>77</b>

## Lista de figuras

	Pág.
<b>Figura 1-1:</b> Mancha romboide y cuellos afectados con tonalidades grisáceas con esporulación del hongo <i>M. oryzae</i> .....	7
<b>Figura 1-2:</b> Ciclo asexual de <i>Magnaporthe oryzae</i> .....	8
<b>Figura 2-1:</b> Distribución de surcos esparcidores señalados con las flechas, frente a líneas experimentales días antes que las líneas de prueba.....	27
<b>Figura 3-1:</b> Representación gráfica de la moda de la severidad del añublo ( <i>M. oryzae</i> ) en hoja y su tipo de resistencia parcial RP o vertical RV.....	36
<b>Figura 3-2:</b> Gráficos A, B descriptivos del índice de severidad al añublo ( <i>M. oryzae</i> ) en cuello.....	43
<b>Figura 3-3:</b> Determinación de la heredabilidad padre-progenie de acuerdo al ISD del añublo ( <i>M. oryzae</i> ) en cuello generación F3 .....	49
<b>Figura 3-4:</b> Determinación de la heredabilidad padre-progenie de acuerdo al ISD del añublo ( <i>M. oryzae</i> ) en hoja generación F3.....	51

## Lista de tablas

	Pág.
<b>Tabla 1-1:</b> Genes Monogénicos de Resistencia, mapeados para resistencia parcial.....	13
<b>Tabla 1-2:</b> Genes relevantes de resistencia a los linajes genéticos <i>Pyricularia oryzae</i> en Colombia.....	16
<b>Tabla 1-3:</b> Frecuencia de genes de resistencia al añublo en 211 cultivares comerciales de arroz de América Latina.....	18
<b>Tabla 2-1:</b> Participación de variedades comerciales de arroz en la conformación del material esparcidor del patógeno <i>M. oryzae</i> . EESR, Villavicencio.....	27
<b>Tabla 3-1:</b> Frecuencia del grado de severidad de <i>M. oryzae</i> , en cuello de acuerdo a datos de tendencia central .....	35
<b>Tabla 3-2:</b> Frecuencia del grado de severidad del añublo ( <i>M. oryzae</i> ) en hoja, según las medidas de tendencia central.....	37
<b>Tabla 3-3:</b> Estadísticos estimados de las diferentes evaluaciones de la severidad del hongo ( <i>M. oryzae</i> ) en hoja y cuello en progenies de arroz.....	38
<b>Tabla 3-4:</b> Determinación de la dispersión de la severidad del Añublo ( <i>M. oryzae</i> ) en hoja y cuello.....	39
<b>Tabla 3-5:</b> Correlación de las variables evaluadas de la severidad del añublo ( <i>M. oryzae</i> ) en hoja y cuello de la panícula de arroz.....	41
<b>Tabla 3-6:</b> Análisis de la normalidad del Índice de severidad del añublo ( <i>M. oryzae</i> ) en hoja y cuello de la panícula mediante pruebas de Kolmogorov-Smirnov y Shapiro-Wilk..	44
<b>Tabla 3-7:</b> Criterios y límites utilizados en la matriz de selección para la determinación de progenies con resistencia parcial a <i>M. oryzae</i> .....	45
<b>Tabla 3-8:</b> Valores estimados de la severidad al añublo ( <i>M. oryzae</i> ) en hoja y cuello de las progenies seleccionadas con la matriz de selección.....	46
<b>Tabla 3-9:</b> Comparación de la severidad al añublo ( <i>M. oryzae</i> ) en progenies evaluadas con la severidad de progenitores origen CIAT.....	53

---

<b>Tabla 3-10.</b> Comparación de la severidad al añublo ( <i>M. oryzae</i> ) en progenies evaluadas con la severidad del añublo de progenitores RD FLAR.....	55
<b>Tabla 3-11.</b> Comparación de la severidad del añublo ( <i>M. oryzae</i> ) en progenies evaluadas con la severidad del añublo de progenitores variedades comerciales.....	57





# Introducción

El arroz (*Oryza sativa* L.) es uno de los cultivos más importantes a nivel mundial y es el cereal más cultivado para el consumo humano. La competitividad de especies comerciales del arroz, radica principalmente en la generación de variedades que presenten características tales como calidad del grano, alto rendimiento por hectárea y resistencia a enfermedades. En Colombia los programas de mejoramiento tradicional han desarrollado variedades de alto rendimiento y calidad, pero aun conservando cierto grado de sensibilidad a dos enfermedades, que son las de mayor preocupación del sector arrocero nacional, el añublo del arroz y el virus de la hoja blanca, la sensibilidad a estas enfermedades está directamente relacionada con el genotipo, la zona geográfica y la variación de las condiciones medioambientales bajo las que se desarrolla el cultivo.

La piricularia, añublo o quemazón del arroz causado por el hongo *Pyricularia oryzae* (Sacc), estado asexual del hongo ascomiceto *Magnaporthe oryzae*, es la enfermedad más limitante del cultivo en todo el mundo, ocasionando pérdidas en producción superiores al 10% afectando la alimentación mundial (Skamnioti y Gurr, 2009). El arroz normalmente bajo condiciones de inundación se identifica, por baja presión de la enfermedad y bajo condiciones de secano favorecido por precipitación, se caracteriza por alta presión del añublo. (Correa y Martínez, 2009).

El uso de cultivares resistentes es la más efectiva y económica vía de control de la enfermedad, sin embargo los esfuerzos del mejoramiento por desarrollar cultivares resistentes continua siendo prioridad para todos los programas de mejoramiento en el mundo. (Correa y Martínez 2009). En los últimos 40 años cientos de variedades mejoradas de arroz han sido liberadas en Latinoamérica. La mayoría son variedades colombianas, selecciones de líneas colombianas o materiales que involucran germoplasma colombiano en sus progenitores. Cuando fueron liberadas todas o gran parte de estas nuevas variedades eran resistentes, sin embargo estas se convirtieron rápidamente en susceptibles, confirmando la experiencia mundial respecto a que la

resistencia durable es un objetivo efímero de mejoramiento. Ante este fenómeno existe la excepción, dos variedades, Oryzica llanos 5 y Fedearroz 50.

Hace unos 25 años, Héctor Weeraratne, Cesar Martínez y Peter Jennings iniciaron un esquema de piramidación de genes de resistencia al añublo, provenientes de una amplia gama de variedades resistentes, identificados en el programa de evaluación internacional del IRRI. Estos donantes incluían Colombia I, C46-15, Tetep, Dissi Hatif, Tadukan, entre otras. Mutaron algunas de estas para obtener versiones semi-enanas con mejores tipos de planta y los donantes resultantes fueron cruzados e intercruzados. Del esquema de piramidación no resultaron nuevas variedades debido a las deficiencias en el tipo de planta y de grano. Sin embargo, se seleccionaron varias líneas resistentes que fueron utilizadas en cruces posteriores. La variedad Oryzica Llanos 5, liberada en 1989, es el resultado de un cruce que tiene un progenitor proveniente del esquema de piramidación. Esta variedad ha mantenido su resistencia por más de 17 años. Tiene algunas deficiencias y probablemente nunca superó las 20 mil o 30 mil hectáreas, sobretodo en la zona epidémica de los Llanos colombianos. Fedearroz 50, liberada en 1997 también tiene un progenitor resistente del programa de piramidación. Esta variedad se siembra aun en gran proporción a nivel internacional y continua siendo estable en cuanto a la resistencia. Estos dos ejemplos de resistencia durable son únicos. (Jennings, 2006) En los últimos 20 años o más, millones de segregantes F<sub>2</sub>, teniendo similares orígenes, han sido eliminadas debido a la susceptibilidad al añublo y otras deficiencias. Solo hasta ahora se entiende por qué la tasa de éxito es infinitesimal e impredecible. Estudios moleculares llevados a cabo en la Universidad Estatal de Kansas indican que Oryzica Llanos 5 posee muchos genes de resistencia, tanto mayores como QTL's (Lopez-Gerena 2006), si se analizara Fedearroz 50 probablemente mostraría un número similar de genes resistentes. Jennings, 2006 concluye que la resistencia durable al añublo existe, dados los ejemplos citados anteriormente. Sin embargo, ninguna de las muchas estrategias genéticas o métodos fitopatológicos de investigación utilizados en décadas pasadas parecen ser capaces de lograr el objetivo con un grado razonable de éxito. Por tanto, propone otras estrategias no convencionales que podrían resultar en resistencia durable pronosticable.

Para el desarrollo de estas y otras estrategias se hace necesario caracterizar frecuentemente los progenitores por su reacción a *M. oryzae*, en condiciones de campo

o invernadero, debido a la posible aparición de nuevos patotipos del hongo, lo cual hace que se pierda rápidamente la resistencia; igualmente se deben desarrollar métodos eficaces y adecuados de selección que disminuyan al máximo posibles escapes.

## **Objetivo general**

Analizar bajo condiciones de campo el comportamiento de un grupo de progenitores de *Oryza sativa* sp. Indica, por la reacción de sus progenies en las generaciones F2 y F3 a la población del hongo *Magnaporthe oryzae* presente en la estación experimental Santa Rosa, Villavicencio, Meta.

## **Objetivos específicos**

- Evaluar la severidad del añublo del arroz (*M. oryzae*) en hoja y cuello de la panícula a nivel de campo de progenies y progenitores: variedades comerciales susceptibles, líneas avanzadas resistentes provenientes del programa de arroz de CIAT y líneas del vivero de resistencia durable (RD) del FLAR.
- Seleccionar progenitores con resistencia a la población de *Magnaporthe oryzae* en la Estación Experimental de Santa Rosa (EESR), a través de la reacción de sus progenies en las generaciones F2 y F3.



# 1.Revisión bibliográfica

## 1.1 Arroz (*Oryza sativa* L.)

El arroz es el alimento básico de más de tres millones de personas. Durante los últimos 30 años, la producción mundial de arroz ha presentado un incremento alcanzando una producción para el año 2010 de 701,9 millones de toneladas, con una producción promedio de 4,3 ton/ha (FAOSTAT, 2010). En Colombia, para el año de 2010, se sembraron 437,481 hectáreas, que representaron una producción de 2,099 millones de toneladas correspondiendo a un rendimiento promedio de 4,92 ton/ha (Fedearroz, 2010). Uno de los componentes de la producción del arroz, es la estabilidad del rendimiento, es decir que no fluctúe con los cambios biológicos y ecológicos. Un componente biológico ambiental que puede influir o causar la variación del rendimiento es la presencia de enfermedades durante el ciclo del cultivo.

## 1.2 Añublo del arroz

El arroz es vulnerable a la enfermedad del añublo donde quiera que se cultive. Las estrategias de protección alcanzan aproximadamente el 38% de los costos de manejo de plagas en la producción. Las pérdidas anuales causadas por el hongo *M. oryzae* varían entre el 10% y 30% de la cosecha anual de arroz; así el 10% de pérdida es significativa, siendo suficiente para alimentar a 60 millones de personas en un año. (Skamnioti y Gurr, 2009). El añublo del arroz se ha encontrado en más de 85 países. Hoy en día, las medidas de prevención de esta enfermedad de bajo costo incluyen la quema de residuos agrícolas, siembra de semilla libre de enfermedades, evitando el exceso de fertilizantes a base de nitrógeno, y el crecimiento en condiciones de inundación permanente. Sin embargo, estas medidas de control de bajo impacto rara vez son eficaces en condiciones favorables para el añublo. (Skamnioti y Gurr, 2009).

El añublo o quemazón, se encuentra entre las principales limitaciones fitopatológicas en la explotación del arroz debido a, que el agente causal posee amplia distribución y

agresividad, igualmente ejerce una acción determinante en la desestabilización de las estrategias de control químico y varietal, frecuentemente utilizadas para su combate. En general, se distinguen dos períodos críticos, en los cuales las plantas de arroz, son más susceptibles al patógeno: 35-40 días de edad del cultivo: infección foliar y a los 70-80 días de cultivo en floración: infección panicular. (Prado, 2004)

### 1.2.1 Organismo causal y síntomas

El añublo del arroz puede ser encontrado referenciado en la bibliografía con varios nombres. *Pyricularia oryzae* se usa para referirse al estado asexual del hongo del añublo, como se encontró en campo. Inicialmente el patógeno de arroz fue morfológicamente indistinguible de patógenos de otros hospederos, y todo el grupo se definió bajo el nombre de *Pyricularia* (o *Piricularia*) *grisea*. El estado sexual fue nombrado *Magnaporthe grisea*, hasta que fue mostrado por análisis filogenético y pruebas de fertilidad entre aislamientos, que los aislamientos, de *Magnaporthe* podrían ser separados en especies que infectan *Digitaria spp.* (Hierba Cangrejo) denominado como *Magnaporthe grisea*, mientras que *Magnaporthe oryzae* colectivamente se refiere a otros aislamientos caracterizados, incluyendo el patógeno del arroz. (Ebbole, 2007). De acuerdo a lo anteriormente mencionado este será el nombre utilizado para hacer mención de este patógeno en este documento.

El añublo del arroz puede infectar cualquier órgano de la planta: cuello, raquis de la panícula, nudos del tallo, granos, etc. Cuando la enfermedad afecta las hojas se habla de añublo de la hoja como se observa en la Figura 1-1A. Cuando el añublo afecta el cuello de la panícula, los nutrientes no pueden llegar a los granos. La enfermedad se multiplica rápidamente por esporas, multiplicándose en las hojas y la panícula, que luego, penetran en los tejidos; y unos pocos días más tarde, las lesiones y los síntomas aparecen, las puntas de las lesiones en la hoja tienen típicamente forma de uso, amplia en el centro y puntiaguda en la punta. Las lesiones grandes usualmente desarrollan centros grises con borde marrón a rojo oscuro. La clorofila desaparece en la parte afectada, significando que la fotosíntesis y el rendimiento son reducidas. (Wopereis *et al.*, 2009)

Sobre la base de la hoja, en la lígula, los mismos síntomas del añublo del cuello pueden estar presentes: tejido infectado por piricularia, la unión de la lámina y la vaina se dobla y

se rompe. Si la infección inicia en el estado de grano lechoso, la panícula permanece vacía; si esta inicia mas tarde, los granos no llenan bien y la calidad del arroz es afectada, observándose granos calcáreos, frágiles o verdosos. Figura 1-1B. El añublo en el tallo causa pudrición blanda a nivel de los nudos, los nudos se rompen resultando en diferentes grados de daño dependiendo del estado de desarrollo del cultivo. El añublo es favorecido por altas dosis de nitrógeno y humedad. (Wopereis *et al.*, 2009)

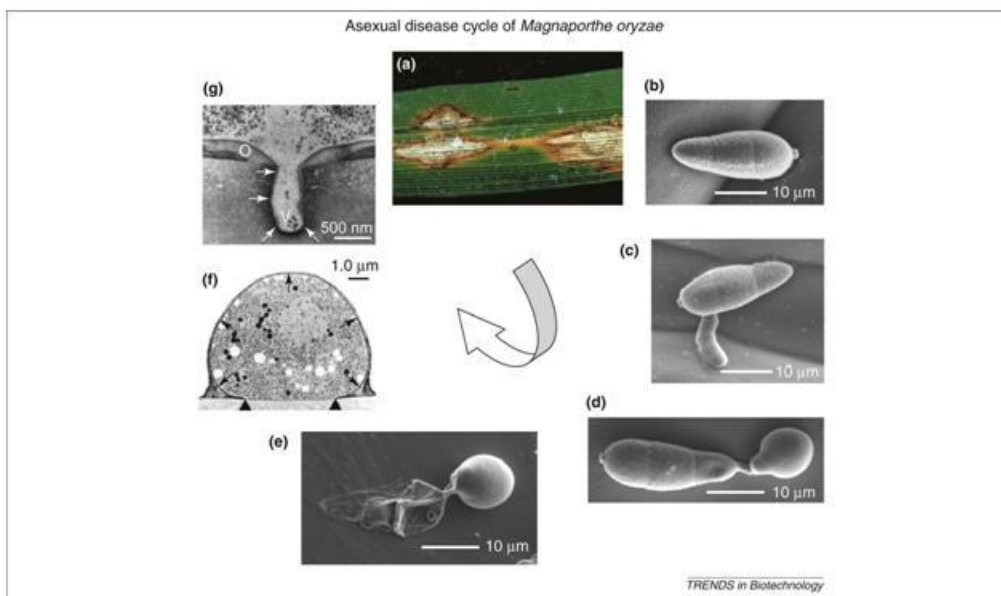
**Figura 1-1:** Mancha romboide y cuellos afectados con tonalidades grisáceas con esporulación del hongo *M. oryzae*. (Fuente: Esta investigación).



El ciclo del patógeno inicia con (a) una lesión sobre la hoja, en donde se puede generar hasta 20 000 conidias por noche en un máximo de 20 días, (b) las conidias se adhieren al hospedero por medio de un mucilago, (c) requiriendo agua libre para germinar; luego por medio de un tubo germinativo corto se forma el apresorio; (d) este apresorio se forma en respuesta a señales como: superficie dura de la planta, hidrófoba, con cutina y con ausencia de nutrientes. (e) Luego se observa el desarrollo del apresorio melanizado, llevando el contenido autofágico de la espora y el tubo

germinativo. (f) La presión de turgencia generada dentro apresorio melanizado empuja a través de la pared celular y la cutícula de las plantas, (g) observándose vesículas (v) en la punta de la clavija y el recubrimiento de la pared del poro (o). (Figura 1-2) La epidemia de la enfermedad es causada por la gran cantidad de conidias que emanan de las lesiones infectadas; la enfermedad es policíclica, con un ciclo en tiempo, de espora a espora de 7 días. A nivel mundial, *M. oryzae* se reproduce predominantemente por reproducción asexual. Aislamientos fértiles del hongo y evidencias de recombinación sexual se ven en las estribaciones del Himalaya. (Skamnioti y Gurr, 2009)

**Figura 1-2:** Ciclo asexual de *Magnaporthe oryzae*. (Skamnioti y Gurr, 2009)



### 1.2.2 Variabilidad patogénica

La existencia de razas de *Magnaporthe oryzae*, diferentes en patogenicidad ha sido notificada desde los años sesenta por diversos autores. Poblaciones del patógeno del arroz en las diferentes regiones del mundo consisten en grupos de distintos linajes clonales, cada uno exhibido patrones particulares. (Zambrano, *et al.*, 2006) Para estudiar la estructura genética e identificar los linajes de *M. oryzae* se han utilizado básicamente dos metodologías. En la primera de ellas se agrupa la población del hongo en familias genéticas a través de la utilización de la secuencia repetitiva de ADN conocida como



MGR586 o 'fingerprinting' del ADN, esta sonda que utiliza la técnica RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*) restringiendo el ADN del hongo con la enzima *EcoRI*, detecta entre 50 y 60 perfiles geonómicos. Posteriormente se desarrolló la técnica rep-PCR (*Repetitive Element-Based Polymerase Chain Reaction*) usando los iniciadores Pot-2, la cual posee la misma sensibilidad para discriminar los aislamientos de *M. oryzae* que la técnica RFLP, demostrándose la correspondencia entre los linajes definidos por rep-PCR y por RFLP (Zambrano, *et. al.*, 2006).

Mundialmente se han realizado múltiples estudios a nivel molecular sobre la diversidad genética de esta enfermedad, aislando el hongo de diferentes regiones del mundo. Como resultado se obtuvo que estén compuestos entre 2 y 8 linajes bien diferenciados. Detectando así 6 linajes en Colombia, 7 linajes en Filipinas, 5 linajes en Europa: Francia, Hungría, Italia, Portugal y España, 8 linajes en Estados Unidos, 2 linajes en Brasil, 5 linajes en Irán y la población con el mayor número de linajes está en el Himalaya con 59 linajes. (Zambrano, *et. al.*, 2006, Ebbole, 2007).

### **1.3 Interacción planta - patógeno. Arroz-*M. oryzae***

La interacción entre el arroz y el hongo del añublo *M. oryzae* es el centro de extensos estudios sobre la resistencia a las enfermedades del arroz y los mecanismos de infección del hongo. El éxito de la infección y el tipo de síntomas de la enfermedad dependen en gran medida las condiciones ambientales y del estado de desarrollo. Después de su penetración en una célula del hospedero, el hongo diferencia hifas invasoras que están en contacto directo con la membrana de la célula infectada. La célula de la planta infectada permanece viva, mostrando considerable acumulación de vesículas cerca del hongo, lo cual es consistente con el establecimiento de una fase biotrófica en esta etapa de la infección. La colonización de los tejidos del hospedero por el hongo, se produce a través de la perforación de las paredes celulares de células adyacentes, probablemente usando los plasmodesmos como puntos de ruptura, o por el crecimiento de hifas en el apoplasto. Después de pocos días de crecimiento biotrófico dentro de los tejidos del arroz, el hongo pasa a una fase similar a la necrotrofica asociada con el inicio de la esporulación, permitiendo las lesiones visibles. (Ribot, *et al.*, 2008) Los estudios del genoma transcriptómico completo han demostrado que las respuestas de defensa clásicas de la planta son

disparadas durante una infección susceptible, a pesar que la cinética y la amplitud estas respuestas son más lentas y más bajas que en las interacciones resistentes. Las células infectadas de arroz presentan una intensa reprogramación transcripcional, donde respuestas de hormonas como las auxinas, ácido abscisico y jasmonato están involucradas. De acuerdo con los extensos intercambios entre el hongo y la planta durante la fase biotrófica, muchos genes de arroz expresados durante la infección codifican proteínas de la membrana plasmática. En el inicio de la formación de la lesión, cinco días después de comenzar la infección, *M. oryzae* está activamente reprogramando su transcripción hacia DNA activo, RNA y síntesis de proteínas para sostener su rápido crecimiento en los tejidos infectados. Una característica notable de los genes expresados por *M. oryzae* en este estado de la infección es la sobre-expresión de genes secretados que codifican proteínas, principalmente de función desconocida. Sin embargo, algunas de estas proteínas son enzimas involucradas en la pared celular, en la degradación de proteínas y de lípidos, sugiriendo que el hongo está iniciando a degradar polímeros y paredes celulares del huésped o remodelando su propia pared celular. (Ribot, *et al.*, 2008)

## 1.4 Resistencia

La vía de control más económica y de menor impacto ambiental para ésta enfermedad, es a través del desarrollo de variedades resistentes a éste patógeno. El mecanismo de resistencia genética a *M. oryzae* se le atribuye generalmente a genes dominantes. El origen de nuevos patotipos ocasionados por los continuos cambios y evolución del hongo, ocasionan que la resistencia que le confieren los genes a la planta, se supere poco después de la liberación de los cultivares. Para el desarrollo de variedades resistentemente duraderas a *M. oryzae*, es necesario tener en cuenta dos aspectos importantes: la identificación del sitio caliente donde se realiza la selección de progenitores y líneas, y la identificación fiable de las razas del hongo (Zambrano, *et. al.*, 2006).

Como primera medida, para considerar un sitio como “punto caliente” debe existir una alta presión de la enfermedad y diversidad del patógeno asociada a condiciones ambientales favorables al desarrollo del hongo (Prado, 2004); y en segunda instancia

la gran variabilidad patogénica del hongo es una de las mayores limitantes en el mejoramiento genético, por lo que la utilización del concepto de linaje o familias genéticas con características similares e identificadas a través de 'fingerprinting' del ADN del hongo y de su espectro de virulencia en pruebas de invernadero, reduce la complejidad del manejo del gran número de razas del hongo. (Zambrano, *et al.*, 2006). De acuerdo a lo anterior se han desarrollado diferentes estrategias basadas en el uso de genes de resistencia, para contrarrestar la evolución del hongo tales como: piramidación de genes, exclusión de linajes, multilíneas y mezclas de variedades. También se han diseñado propuestas con base a resistencia parcial, completa o combinada.

#### **1.4.1 Resistencia a *Magnaporthe oryzae* a nivel mundial**

Desde el año 1917 se establecieron en Japón estudios genéticos de resistencia en el sector del arroz, a pesar de estos estudios, son escasos los ejemplos de cultivares con resistencia duradera a *M. oryzae*; en parte a la limitación en el conocimiento de los mecanismos de resistencia. Durante los últimos 20 años, se han caracterizado y descrito un creciente número de genes de resistencia y los Loci controladores de características cuantitativas (QTL). En una revisión bibliográfica se identificaron 85 genes de resistencia y aproximadamente 350 QTL, que están en el genoma del arroz (Ballini *et al.*, 2008).

Muchos términos diferentes se han utilizado para describir la resistencia. Además, el mismo término puede tener diferentes significados e interpretaciones. Pero en general, para los estudios sobre arroz, la resistencia puede ser catalogada como: i) parcial y completa definidas fenotípicamente; la reproducción del patógeno está totalmente inhibida por un genotipo con resistencia completa. Un genotipo con resistencia parcial permite limitada pero significativamente una reducción de la reproducción del patógeno en comparación con un genotipo susceptible (Ballini *et al.*, 2008). ii) Un espectro de la resistencia se define de acuerdo a la interacción con las cepas de patógenos. Una resistencia específica es eficaz contra sólo algunas cepas del agente patógeno. Dos definiciones de resistencia amplia se usan comúnmente (Qu *et al.*, 2006). La primera, caracteriza una resistencia que es eficaz contra diferentes tipos de agentes patógenos. La segunda, caracteriza una resistencia que

es eficaz contra un gran número de cepas, pero no todas, las cepas de un patógeno. Debido a que es casi imposible demostrar que la resistencia es general, puede ser utilizado como un concepto pero no como un rasgo medible; y iii) la resistencia duradera se define, como "la resistencia que sigue siendo eficaz mientras que un cultivar es ampliamente cultivado"; ó también es definida como la resistencia que sigue siendo eficaz durante su uso prolongado y generalmente en un ambiente favorable para la enfermedad. La prueba más poderosa para la durabilidad de la resistencia a una enfermedad se produce cuando un cultivo es ampliamente distribuido durante mucho tiempo en un entorno que favorece la enfermedad. La prueba para la resistencia duradera debe incluir dos factores: (i) el tiempo: un largo período y (ii) la zona: de gran espacio (Zhu *et al.*, 2008).

- **Genes de resistencia completa a *Magnaporthe oryzae***

Según algunos trabajos se han identificado un total de 73 genes de resistencia completa (Ballini *et al.*, 2008) del genoma de Nipponbare. La mayoría de los genes de resistencia se ubican en ciertas regiones del genoma, especialmente en los cromosomas 6, 11, y 12. Más del 80% de los genes descritos se co-localizan en el genoma: es decir, están anclados en la superposición de intervalos, con otro gen de resistencia asignado, quince de estos genes han sido mapeados y la mayoría de ellos están siendo clonados. En el genoma del Nipponbare, el 80 % de los genes de resistencia completa se co-localizan con nucleótidos atados a sitios repetitivos ricos en leucina (NBS-LRR) candidatos repetitivos, el tipo más frecuente de RGA (Genes de Resistencia Análogos) en el arroz. (Ballini *et al.*, 2008) Shi, *et al.*, 2010 referencia que más de 50 genes de resistencia al añublo han sido reportados. Entre los genes clonados, 11 pertenecen a la amplia familia de los genes R, que codifican un receptor de proteínas que contienen sitios ligados de nucleótidos NBSs y a sitios repetitivos ricos en leucina LRRs. (Shi, *et al.*, 2010)

- **Genes de resistencia parcial a *Magnaporthe oryzae***

Existen 11 genes de resistencia parcial a *M. oryzae* que segregan rasgos monogénicos: *Pb1*, *pi21*, *Pi21*, *Pi22*, *Pi23*, *Pi24*, *Pi35 (t)*, *Pif*, *Pikur1*, *Pikur2* y *Pise1* (Tabla 1-1). El primer gen de resistencia parcial a *M. oryzae* en ser clonado es, *pi21*, no es un gen clásico de resistencia, ni tampoco un RGA y es recesivo. Sin embargo, *pi21* es específico. (Tabla 1-1)

**Tabla 1-1.** Genes Monogénicos de Resistencia, mapeados para resistencia parcial (Ballini, *et al.*, 2008)

Símbolo del Gen	Sinónimo	Cromosoma
<i>Pb1</i>	<i>RMg58, Pbst</i>	11
<i>pi21</i>	<i>rMg40</i>	4
<i>Pi21</i>	<i>RMg41</i>	12
<i>Pi22</i>	<i>RMg42</i>	6
<i>Pi23</i>	<i>RMg43</i>	5
<i>Pi34</i>	<i>RMg71</i>	11
<i>Pi35(t)</i>	...	1
<i>Pif</i>	<i>RMg3</i>	11
<i>Pikur1</i>	<i>RMg9</i>	4
<i>Pikur2</i>	<i>RMg10</i>	11
<i>Pise1</i>	<i>RMg11, Rb1</i>	11

La mayoría de los genes de resistencia parcial a *M. oryzae* se han descrito en estudios de mapeo de QTL. En total, existen 347 QTL en más de 12 cromosomas. Cada QTL tiene una media física de 4,9 Mpb de longitud. Estos QTL son heredados de 28 padres diferentes utilizados en cruces, en su mayoría entre indica y japónica.

Hasta la fecha, todos los genes de arroz descritos para la resistencia completa a *M. oryzae* son específicos. Por el contrario, la resistencia parcial, se considera en general. Aunque en algunos estudios se encuentran ejemplos concretos de resistencia parcial (López y Gerena, 2006; Talukder *et al.*, 2004; Zenbayashi *et al.*, 2002). El único gen de resistencia parcial a la enfermedad clonado hasta ahora no codifica en un clásico NBS-LRR. Así, las funciones de los genes que controlan la resistencia parcial siguen siendo desconocidas (Ballini *et al.*, 2008).

#### 1.4.1.1 Genes de resistencia duradera a *Magnaporthe oryzae*

De los genes de resistencia duradera conocidos, *Pi40* ha sido identificado en una línea de introgresión que ha heredado el gen de resistencia de un genoma EE de la especie silvestre *O. australiensis*. Zhu *et al.*, en el 2008, realizó un estudio con este gen; en donde por marcadores de retrocruce se introdujo *Pi40* en dos cultivares susceptibles de

japónica, para analizar las líneas avanzadas de retrocruce LAR, que posee este gen de resistencia duradera a *M. Oryzae*. Cuatro LAR derivadas de un cruce entre dos cultivares de japónica “Jinbubyeo” y “Junambyeo” y IR65482-4136-2-2 llevan el gen *Pi40*, y 10 genotipos monogénicos diferenciales GMD, con genes de resistencia conocidos, se utilizaron en este estudio. Dos cultivares de Japónica, Ilpumbyeo y Palgongbyeo, fueron referenciados como controles susceptible (S) y resistente (R), respectivamente durante el proceso de detección, utilizando el método de plantación secuenciada MPS. Estos cultivares también se evaluaron en campo para observar su reacción ante las cepas de *M. oryzae*. Este estudio dio como resultado que el genotipo donante *Pi40*, IR65482-4-136-2-2, expresará una fuerte resistencia a las cepas Coreanas de *M. oryzae* en todas las siembras secuenciales; en Palgongbyeo se observaron características de resistencia durable a *M. oryzae*, Junambyeo demostró un nivel moderado de resistencia y Jinbubyeo e Ilpumbyeo fueron sensibles.

#### **1.4.2 Estudios resistencia a *M. oryzae* en América Latina y en Colombia**

El añublo del arroz (*M. oryzae*) es la más importante limitación de la producción de arroz en América latina. Una estrategia para mejorar la durabilidad de la resistencia al añublo es la piramidación de genes de resistencia. Para hacer esto, en CIAT se han conducido extensivos estudios sobre la estructura genética de la población del patógeno en Colombia y América latina; determinando la composición, distribución y frecuencia de la avirulencia que fundamenta la variación de la raza; identificando e incorporando combinaciones de genes de resistencia dentro de cultivos comerciales de arroz usando marcadores; y continuamente evaluando y seleccionando líneas mejoradas bajo alta presión de la enfermedad y diversidad del patógeno. Las líneas diferenciales de arroz con conocidos genes de resistencia al añublo han sido usadas para estudiar la composición de genes de avirulencia y frecuencia en el añublo e identificar pertinentes genes de resistencia. (Correa y Martínez, 2009) La combinación de los genes de resistencia (*Pi-1*, *Pi-2*, *Pi-33*) los cuales sus correspondientes genes de avirulencia son altamente conservados en la población en Colombia ha proveído una estable resistencia al añublo después de años de evaluación bajo alta presión en el campo e inoculaciones en invernadero. Adicionalmente la caracterización patológica de

mutaciones espontaneas del patógeno permitieron la identificación de los genes de resistencia *Pi-b*, *Pi-9* y *Pi-ta*<sup>2</sup>, los cuales podrían ser necesarios para la proteger los cultivares de arroz de futuros cambios potenciales en los genes de avirulencia y virulencia en la población patógena. Marcadores microsatelites altamente ligados a estos genes de resistencia al añublo han sido establecidos de bases de datos publicas facilitando la introgresión y piramidacion de cada uno de estos seis genes de resistencia al añublo dentro de los cultivares de arroz de América latina y líneas elite derivadas de programas de mejoramiento permitiendo en desarrollo de cultivares de arroz con resistencia durable. (Correa y Martínez, 2009)

#### **1.4.2.1 Sistema de producción de arroz riego con baja presión de añublo**

El proyecto de arroz del Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), desarrolla sus actividades de mejoramiento en resistencia al añublo bajo condiciones de secano favorecido en la estación experimental “ Santa Rosa” de FEDEARROZ en el departamento del Meta, Colombia este sitio “Punto Caliente” es caracterizado por alta presión de la enfermedad del añublo y por la diversidad del patógeno la cual es mantenida en las parcelas de mejoramiento durante el ciclo entero del cultivo usando surcos esparcidores compuestos de una mezcla de cultivares comerciales susceptibles a diferentes linajes genéticos del patógeno. Bajo esta condición de evaluación y selección han encontrado que la resistencia es más estable y duradera que cuando la resistencia es seleccionada bajo condiciones de baja presión. Utilizando este lugar y estudios sobre la diversidad de la virulencia del hongo, CIAT ha identificado combinaciones específicas de genes de resistencia los cuales explican la estabilidad de la resistencia de ciertas líneas bajo condiciones de riego, indicando que la piramidación de genes mayores no-alelicos podría ser usados para desarrollar resistencia durable al añublo. Las líneas isogenicas CT13432-68, CT 13432-54, Y CT 13432-55 llevan los genes de resistencia *Pi-1*, *Pi-2*, y *Pi-33* respectivamente. Estos genes resistentes complementarios en combinación o cuando se piramidán en la línea isogenica CT13432-107, confieren resistencia a todos los principales aislamientos representado las más comunes familias genéticas del añublo en Colombia (Tabla 1-2) (correa y Martinez, 2009)

**Tabla 1-2.** Genes relevantes de resistencia a los linajes genéticos *Pyricularia oryzae* en Colombia

Cultivar	Gen resistencia	Aislamiento/Linaje Genético (L)								
		1 L6-1	2 L6-2	3 L6-3	4 L4-1	5 L4-2	6 L4-3	7 L5-1	8 L5-2	9 L5-3
CT 13432-68	Pi-1	S <sup>1</sup>	S	R	R	R	R	S	S	S
CT 13432-54	Pi-2	S	S	S	S	S	S	R	R	R
CT 13432-55	Pi-33	R <sup>1</sup>	R	R	S	S	S	S	S	S
<b>CT 13432-107</b>	<b>Pi-1 + 2 +33</b>	<b>R</b>	<b>R</b>	<b>R</b>	<b>R</b>	<b>R</b>	<b>R</b>	<b>R</b>	<b>R</b>	<b>R</b>

<sup>1</sup>S =interacción Susceptible; R = interacción resistente

Fuente: Correa y Martínez, 2009

Las bases de esta resistencia vienen de estudios que nos indican la frecuencia de los genes de avirulencia en el patógeno que pueden ser usados como indicador para predecir la durabilidad de un gen de resistencia. En otras palabras, estos genes corresponden a genes de avirulencia que su resistencia se ha perdido a causa un efecto deletéreo del patógeno podría probablemente ser durable.

La gran diversidad patogénica vista en *M. oryzae* es considerada la principal causa de perder la resistencia en los nuevos cultivares. Todo programa de mejoramiento dirigido al desarrollo de cultivares de arroz con resistencia durable, debería ser basado en el estudio y entendimiento de la diversidad genética del patógeno, diversidad de virulencia, y detección temprana de posibles cambios en la avirulencia/virulencia durante la evolución del patógeno. CIAT ha conducido un continuo monitoreo de la población del patógeno del añublo en Colombia para identificar posibles mutaciones espontaneas capaces de romper la combinación de genes, en orden para identificar genes de resistencia potencialmente efectivos contra estas mutaciones antes que estos aislamientos incrementen en frecuencia y sean predominantes dentro la población del hongo. Analizando una gran cantidad de aislamientos detectaron la efectividad y estabilidad de la combinación de los tres genes resistentes. Sin embargo tres aislamientos rechazan la combinación de los genes resistentes en la parcela CT 13432-107, así como cada gen individual: aislamientos 1, 2 y 3, (Tabla 1-2) en inoculaciones de



invernadero. Aunque estos aislamientos fueron detectados en muy baja frecuencia y no se conoce su potencial capacidad para ser naturalmente predominante, CIAT usa estos para inoculación de las diferenciales de arroz con conocidos genes de resistencia al añublo para identificar genes potenciales de resistencia efectivos contra estos tres aislamientos. Estas inoculaciones permitieron la identificación temprana de los genes de resistencia Pi-9, Pi-b, Pi-ta2, los cuales son efectivos contra los aislamientos mutantes 1, 2,3 respectivamente. Por consiguiente la recién identificada resistencia genética también podría ser incorporada dentro de los futuros cultivares de arroz en orden de continuar hacia adelante en cambios posibles en virulencia entre la población patogénica del añublo. (Correa y Martínez, 2009)

El gen resistente Pi-9 que se deriva de la especie silvestre *Oryza minuta* fue efectivo contra los aislamientos 1,2, y 3 así como los aislamientos 4,5, y 6. Estos tres últimos representan los linajes genéticos SRL-6, SRL-4 y SRL-5, linajes predominantes en Colombia respectivamente. Los genes de resistencia Pi-ta2 y Pi-b no son efectivos contra los aislamientos 4,5 y 6. Aunque el gen Pi-9 es efectivo contra los aislamientos mutantes 1,2 y 3 y el grupo representante del linaje más común del patógeno este gen no podría ser utilizado como gen solo porque hay un alto riesgo de ruptura. En resumen, el desarrollo de la resistencia durable al añublo para el ecosistema de arroz irrigado en Colombia debe ser basado en la combinación de los genes de resistencia Pi-1, Pi-2, Pi-33, Pi-b, Pi-ta2 y Pi-9, los cuales en combinación son efectivos contra la presente población del añublo. Con el objetivo de identificar fuentes de los seis genes de resistencia de interés, más de 200 cultivares de arroz comercial de América latina fueron inoculados con diferentes aislamientos llevando los correspondientes genes de avirulencia para cada uno de los seis genes de resistencia. La presencia de los genes y su frecuencia en el germoplasma evaluado fue inferida de evaluaciones fenotípicas (Tabla 1-3) y podría ser confirmado por el uso de marcadores moleculares. Fuentes de cada gene para ser usado en cruces genéticos fue encontrado entre los cultivares evaluados estando ya presente en background con otras características agronómicas deseables. (Correa-Victoria *et al.*, 2006, Fuentes *et al.*, 2007) con el objetivo de desarrollar cultivares de arroz con resistencia durable al añublo para los ecosistemas de arroz riego.

**Tabla 1-3. Frecuencia de genes de resistencia al añublo en 211 cultivares comerciales de arroz de América Latina.**

Gen resistencia	Cultivar No.	Frecuencia	Gen resistencia	Cultivar No.	Frecuencia
<b>Pi-9</b>	<b>12</b>	<b>0,06</b>	Pi-4b	69	0,33
Pi-k <sup>a</sup>	35	0,17	Pi-3	83	0,39
Pi-t	46	0,22	Pi-ta	94	0,45
Pi-z <sup>t</sup>	48	0,23	Pi-k	99	0,47
Pi-k <sup>h</sup>	55	0,26	<b>Pi-b</b>	<b>112</b>	<b>0,53</b>
Pi-K <sup>m</sup>	55	0,26	Pi-i	117	0,55
Pi-z	62	0,29	Pi-4 <sup>a</sup>	125	0,59
Pi-k <sup>p</sup>	64	0,30	<b>Pi-ta<sup>2</sup></b>	<b>137</b>	<b>0,65</b>
<b>Pi-1</b>	<b>64</b>	<b>0,30</b>	Pi-k <sup>s</sup>	158	0,75
<b>Pi-33</b>	<b>64</b>	<b>0,30</b>	Pi-sh	178	0,84
<b>Pi-2</b>	<b>68</b>	<b>0,32</b>			

Fuente: Correa y Martínez, 2009

#### 1.4.2.2 Sistema de producción de arroz de secano favorecido bajo alta presión del añublo

El añublo del arroz es la mayor restricción para la producción de arroz, particularmente en las condiciones de secano predominante en América latina. Donde muchos agricultores de arroz en países en desarrollo no tiene acceso a los fungicidas, la resistencia de los cultivares ha sido el medio preferido de control de la enfermedad. El desarrollo de líneas con resistencia duradera, por lo tanto, es una alta prioridad para la mayoría de programas de mejoramiento trabajando para este ambiente de secano. Como se cita anteriormente, el proyecto de arroz del CIAT desarrolla estas actividades sobre resistencia a *M. oryzae* bajo condiciones de secano favorecido en la estación experimental santa rosa. Vales *et al.*, 2009, llegaron a la conclusión que los altos niveles de resistencia seleccionados de poblaciones de arroz con diversas combinaciones de genes de resistencia en presencia de poblaciones del patógeno diversas y abundantes pueden producir líneas con resistencia estable al añublo.

La variedad Oryzica Llanos 5 fue liberada por el programa de mejoramiento de arroz de CIAT en el año de 1989 como un moderno cultivar resistente al añublo de alto

rendimiento para los llanos orientales de Colombia zona muy propensa al añublo. Esta fue ampliamente cultivada en esta región y sigue siendo altamente resistente después de más de 15 años. Este cultivar ha mostrado durabilidad notable en la resistencia en el espacio así como en el tiempo. Este ha presentado un grado sin precedentes de resistencia, se evalúa en varios sitios propicios para alto añublo en Asia. En esta época, se presumía que la resistencia de Oryzica llanos 5 era probablemente de tipo multigenico, porque todos sus antepasados eran susceptibles a aislamientos de la estación experimental santa rosa. Se ha sugerido por muchos investigadores del añublo que en entornos altamente propicios para el desarrollo de severas epidemias, tales como los secanos favorecidos, la resistencia parcial puede ofrecer una protección adecuada contra el patógeno del añublo. Sin embargo, también se ha sugerido que la selección para la resistencia parcial o cuantitativa al añublo del arroz es difícil debido a su naturaleza genética, donde varios genes menores están controlando.

En consecuencia, el mejoramiento para resistencia parcial por lo general implica simplemente la selección de plantas con niveles intermedios de la enfermedad durante varias generaciones, descartando las dos plantas muy sensibles y muy resistentes. Además, varios autores concluyeron que las líneas de arroz seleccionadas con resistencia completa en la estación experimental santa rosa fueron más estables que las líneas de arroz seleccionadas como parcialmente resistentes. Ellos también concluyeron que el desarrollo de altos niveles de resistencia multigenica para ambientes propensos a la enfermedad es una alternativa atractiva y viable a la resistencia parcial. (Martínez y Correa.2009)

La base genética del alto nivel de resistencia durable al añublo del arroz en el cultivar Oryzica llanos 5 fue caracterizado en dos poblaciones de líneas hibridas recombinantes (RILs) de un cruce entre el cultivar susceptible Fanny y Oryzica Llanos 5 (Lopez-Gerena 2006, Lopez-Gerena *et al.*, 2004). En su conjunto, la resistencia durable observada en el cultivar de arroz Oryzica Llanos 5 parece ser el resultado de una combinación de genes de resistencia cuantitativos y cualitativos. La información de estos estudios se está utilizando para el desarrollo de líneas mejoradas con QTL de resistencia derivados de Oryzica Llanos 5. El creciente número de genes menores y mayores mapeados y el desarrollo de la selección asistida por marcadores sugieren que los genes de resistencia

cuantitativa al añublo podrían ser combinados con genes mayores. (Correa y Martínez, 2009)

A pesar de todos los esfuerzos hechos para mejorar la eficiencia para seleccionar y desarrollar cultivares de arroz con resistencia durable al añublo para el ecosistema de arroz de secano favorecido, la resistencia al añublo está siendo continuamente perdida en las líneas mejoradas después de las generaciones F4 o en generaciones posteriores. Un estudio a largo plazo se llevó a cabo mediante la selección de plantas resistentes en las poblaciones F2 del año 2000 en la estación experimental Santa Rosa para asociar la estabilidad de la resistencia al añublo en generaciones avanzadas y la reacción de las poblaciones F2. Todos los cruces fueron desarrollados a partir de progenitores que exhibían una resistencia estable en la estación experimental. Líneas F7 derivadas de plantas resistentes F2 seleccionadas en 2000 fueron evaluadas por varias temporadas. Una alta decadencia en el número de líneas resistentes fue observada. No hay línea derivadas de F2 con una reacción predominante de plantas susceptibles: más del 50% plantas susceptibles, que permanece estable a la generación F7. Aunque familias F2 con segregación predominante; la mitad de las plantas F2 son resistentes y la otra mitad es susceptible o plantas resistentes: más del 50% de las plantas F2 son resistentes produjo líneas estables de resistencia al añublo, este porcentaje fue muy bajo (3%) para ambos casos. Este porcentaje es considerado significativamente bajo ya que los mejoradores normalmente tienen que evaluar varios miles de líneas en la generación F3. Un total de 44 líneas de arroz mostraron una reacción de resistencia estable en los últimos años y estas líneas están siendo usadas para la distribución en la región, como progenitores en futuros cruces, y para estudios de evaluación de la estabilidad de la resistencia sobre una base anual en los ensayos replicados. (Correa y Martínez, 2009)

La hipótesis en este estudio fue demostrar que las líneas procedentes de cruces, donde las familias F2 muestran un mayor número de plantas resistentes al añublo, y que mostraron un mayor número de líneas hermanas resistentes, darían origen a líneas resistentes estables en las generaciones avanzadas. Sobre la base de los resultados obtenidos en las generaciones F6 y F7, la hipótesis planteada podría ser verdadera en relación al desarrollo de líneas resistentes estables al añublo originado de poblaciones F2 donde las plantas resistentes predominan. (Correa y Martínez, 2009)

### 1.4.3 Evaluación y selección de progenitores

Cuando se han definido los objetivos de un programa de mejoramiento, se han determinado las características del genotipo ideal que se desea obtener y aquí es de vital importancia seleccionar los mejores parentales para los cruzamientos; en este caso por lo menos uno resistente a piricularia, partiendo de 2 o 3 padres que reúnan los genes que formen el genotipo ideal. Para el mejorador encontrar progenies posibles como buenos parentales implica, elegir materiales con suficientes información de estas características, o bien caracterizados en una zona o respecto a alguna característica bajo determinada presión. La caracterización de parentales a su vez implica el conocimiento detallado de acuerdo a los descriptores específicos para la especie, permitiendo tener un registro detallado de las características fenológicas del parental, ya sea en condiciones normales o bajo algún estrés específico. Actualmente la FAO (Food and Agriculture Organization) y el IRRI (International rice Research Institute) disponen de información de gran cantidad de variedades y líneas de arroz, que se usan y pueden servir de base para un programa de mejoramiento. (IRRI, 2010)

En mejoramiento de plantas la resistencia es la más aplicada de estas. En la caracterización de resistencia, los aspectos tales como mecanismos, genética, durabilidad y especificidad de la resistencia son importantes. Siendo La resistencia genética el método de control deseado por mejoradores de plantas, donde claramente se puede encontrar en un genotipo la posibilidad de evaluar su respuesta ante un determinado estrés biótico y confirmar que esta respuesta sea heredada a sus progenies. (Nicks, et al., 1998) Algunos de los factores que deben ser tomados en cuenta para conocer en el mejoramiento en la evaluación de germoplasma para la resistencia de enfermedades e insectos son: Las alternativas de control para el patógeno o plaga, Las características del patógeno: capacidad de reproducción, estructuras de reproducción, etc., el grado de especificidad del patógeno o la plaga, la variabilidad del patógeno: razas, grupos anastomóticos, familias genéticas, biotipos, etc. En este paso la caracterización del germoplasma que dispone un programa de mejoramiento ante los patógenos y plagas es necesario para así determinar cuál de las entradas del banco son útiles para utilizar como parentales y mejorar la resistencia, o conocer si en definitiva no se dispone de fuentes de resistencia y por tanto se deben buscar o introducir en el programa o recomendar otras prácticas de control. (Nicks, et al., 1998).

Para realizar “screening” o discernimiento para resistencia a patógenos y plagas, en el germoplasma, es indispensable asegurar que exista la interacción entre ellos, en un ambiente favorable para el desarrollo de la enfermedad o infección, lo cual se puede realizar en condiciones de campo o controladas. En la caracterización de parentales para evaluación de resistencia es necesario considerar: método de inoculación artificial, identificación de puntos calientes, niveles de inóculo, La selección de cultivares testigo, condiciones de la planta, edad de las plantas, el ambiente, y el patógeno (Nicks, *et al.*, 1998).

## **1.5 Heredabilidad de la resistencia a enfermedades**

Para los programas de mejoramiento, es necesario conocer la heredabilidad de la resistencia a enfermedades, con el fin de determinar la estrategia que se debe adoptar en los programas de mejoramiento. La heredabilidad tiene una estrecha relación con la selección. La selección busca obtener y aislar grupos de individuos genéticamente mejores que la población original. El éxito de la selección varía de una población a otra, dentro de una especie o de especie a especie. (Vallejo y Estrada, 2002).

El conocimiento de la heredabilidad de un carácter permite predecir el grado de progreso que se espera al seleccionar progenitores en una población mendeliana. La heredabilidad es la proporción de la variación observada en una progenie que es heredada. Si la variación genética de una progenie es grande con respecto a la variación causada por el ambiente, entonces la heredabilidad será alta; si la variación genética es pequeña en comparación con la variación debida al ambiente, la heredabilidad será baja. La selección resulta más eficaz cuando la variación genética con respecto a la variación causada por el ambiente es alta, que cuando es alta, que cuando es baja. (Poehlman, 2003)

Los métodos para calcular la heredabilidad se basan en dividir la variación observada de un carácter cuantitativo en el componente regulado por los mecanismos genéticos y el componente regulado por el ambiente. (Poehlman, 2003).

Un procedimiento común para estimar la heredabilidad en sentido estricto supone emplear la regresión progenie-progenitor. El empleo de la regresión progenie-progenitor se basa en varias suposiciones: que el carácter en cuestión exige herencia mendeliana diploide; la población de la que se seleccionaron los progenitores se halla en equilibrio de apareamiento aleatorio, no hay ligamiento, los progenitores son endogámicos, y no existe relación ambiental alguna entre el rendimiento de los progenitores y el de la progenie. (Poehlman, 2003).

### **1.5.1 Heredabilidad de resistencia a *Magnaporthe grisea* en arroz**

La principal función de la heredabilidad es su papel predictivo, que expresa la confiabilidad del valor fenotípico, como estimador del valor genético, de tal forma que cuanto mayor es la heredabilidad, mayor la ganancia genética por selección. En un trabajo desarrollado por Servellón en 1996 donde se estimaron parámetros genéticos y de respuesta a la selección en una población de arroz irrigado CNA1, y evaluó familias, en una sola localidad y en un solo año; esto puede llevar a la superestimación de la heredabilidad. En este trabajo se consideró la heredabilidad en arroz, de varios componentes y enfermedades entre las que esta Piricularia, se determinó una heredabilidad para la resistencia a Piricularia en hoja de 51,23%. Lo que podría significar en este caso que la variación genética es intermedia a grande con respecto a la variación ambiental en este parámetro evaluado. (Servellón, 1996)

En trabajos realizados por Pilippi *et al.*, 1997 en el efecto de la selección recurrente para resistencia parcial a *M. oryzae* en hoja; encontró en los resultados de las evaluaciones realizadas en invernadero y en el campo; se puede observar que en los ciclos más avanzados hubo una reducción en la severidad de la enfermedad, en comparación con la población inicial. La ganancia genética también fue considerable ( $\Delta G = 0,71$ ) en el ciclo 4. La heredabilidad obtenida en invernadero evidenció que 42% de la variación fenotípica es consecuencia de la variación genética en este ciclo. Y en condiciones de campo se observó una heredabilidad del 16%, indicando que la variación fenotípica es consecuencia de la variación genética.

## 1.6 Índices de selección

En el que se asigna un valor a la resistencia a una plaga particular. Las plantas se clasifican en cuanto a nivel de resistencia a cada plaga de acuerdo con los valores asignados y la suma de las clasificaciones será la calificación de una planta particular. Las plantas con las calificaciones más altas se conservan para iniciar el siguiente ciclo de selección. Este procedimiento requiere hacer juicios personales con respecto al valor a asignar a cada característica. Aunque los métodos han sido conocidos por décadas, éstos parecen ser más populares en programas de mejoramiento animal que en programas de mejoramiento de cultivos. Para una característica en particular, se requiere índices de selección sólo si uno desea combinar datos de diferentes etapas de prueba. Esta aplicación no parece estar bien desarrollada en relación a poblaciones de plantas. (Romero, 2000)

En los programas de mejoramiento poblacional, en general, se consideran varias características al tiempo. Debido a la ocurrencia de la correlación genética, las características no pueden seleccionarse de manera individual, ya que el mejoramiento para una podría cambiar los promedios de otras de una manera indeseable. La alternativa es el uso de índices de selección que evalúan el valor genotípico total de los individuos (familias) para varias características. Para obtener índices de selección es necesario la evaluación de familias de la población base, eso para estimar los parámetros genéticos y fenotípicos tales como heredabilidad y coeficientes genéticos de correlación para el conjunto de características considerado. La selección basada en índices posibilita maximizar el progreso con la selección o para un conjunto de caracteres. El principal deber del fitomejorador vegetal, es seleccionar las mejores plantas, aunque el criterio de lo que es mejor dependa de lo que se desea mejorar; generalmente significa la mejor calidad genética. Los índices de selección permiten separar genotipos con base en la evaluación simultánea de varios caracteres, o rasgos convirtiéndose en una alternativa fiable para la selección, convirtiéndose en una alternativa, fiable, permitiendo darle peso económico a cada carácter (Ceron *et al.*, 2005, De sousa-vieira, *et al.*, 2009)



## **2. Materiales y métodos**

### **2.1 Descripción del área de estudio**

La investigación se desarrolló en la estación experimental Santa Rosa (EESR) de FEDEARROZ en la inspección santa Rosa del municipio de Villavicencio, departamento del Meta; su posición geográfica es: 4° Latitud Norte, 73° longitud Oeste y una altura sobre el nivel del mar de 310 metros. Sus suelos, son: aluviales, con materia orgánica de 3,0-4,0% y pH 4,5-5,0; la estación se caracteriza por presentar una alta presión y variabilidad de *M. oryzae*, favorecido por las condiciones climáticas que se presentan allí: 2.700 mm de lluvias distribuidas en todo el año, temperatura promedio de 30°C y humedad relativa hasta del 85% (Vales *et al.*, 2008, Correa y Martínez, 2009).

El trabajo se desarrolló en dos ciclos de siembra, en la localidad previamente indicada, durante el primer semestre del año (Abril-Septiembre) y el siguiente año en el mismo semestre, bajo condiciones de secano favorecido, denominado así por ser influenciado por las altas precipitaciones las cuales están mejor distribuidas y más concentradas en el primer semestre en esta zona. Las condiciones ambientales de esta localidad se ajustan a las características de “punto Caliente” como se requiere en este tipo de investigaciones (Prado, 2004, Zambrano, *et. al.*, 2006)

### **2.2 Metodología de campo**

#### **2.2.1 Selección de material de estudio, progenies**

Como material experimental en el estudio se utilizaron 128 poblaciones segregantes en generación F2 del programa de mejoramiento de Fedearroz-FNA. Estas progenies segregantes provienen de cruces tripes (Resistente x Susceptible)x Resistente, ó (Resistente x Resistente)x Resistente, a partir de 40 parentales utilizados en cruces simples entre materiales resistentes y variedades comerciales susceptibles a *M. oryzae* cruzados nuevamente con líneas avanzadas del vivero Resistencia Durable (RD) del

Fondo Latinoamericano de Arroz Riego (FLAR). En la selección de progenitores para los cruzamientos, también se tuvo en cuenta, las características de adaptación a: suelos ácidos y rusticidad. (Anexo A) De la población de líneas experimentales anteriormente mencionadas, se construyeron 4 familias por progenie cada una a partir de una panícula seleccionada, cada familia se sembró en tres repeticiones.

Para el mantenimiento de un alto nivel de la enfermedad en campo, inicialmente fueron sembradas variedades susceptibles en parcelas individuales de un metro de ancho por 10 metros de largo, en una alta densidad 300kg/ha y 250 Kg/Nitrógeno y dejadas bajo condiciones de infección natural, para cosechar después de 15-20 días sus hojas infectadas, las cuales son secadas y molidas para ser utilizadas como inóculo inicial para extender sobre surcos esparcidores, permitiendo así tener una infección uniforme de estos. Posteriormente se utilizó una mezcla de estas líneas de arroz susceptibles a piricularia, las cuales presentan diferente resistencia o susceptibilidad a las diferentes razas y linajes locales, para sembrar surcos esparcidores. Estas líneas son principalmente variedades de arroz locales que fueron variedades comerciales liberadas en la región pero ahora son solo testigos susceptibles a la población del patógeno bajo las condiciones de producción; Entre estos se incluyó el cultivar Fanny que es altamente susceptible a la mayoría de las razas y linajes de *M. oryzae* reportados en Colombia; estos porcentajes son determinados a partir de estudios de monitoreo de la frecuencia de presencia de estos linajes en todas las zonas arroceras de Colombia, incluida esta localidad en los últimos años. (Vales *et al.*, 2008) (Tabla 2-1) La mezcla de esparcidores fue sembrada en surcos o franjas cada 5-6 metros aproximadamente, 15-20 días antes de las líneas de mejoramiento y en sentido perpendicular a estas, una gran cantidad de esporas del hongo se producen sobre los surcos esparcidores y se diseminan por acción del viento y el agua sobre las progenies prueba, aumentando de esta manera la probabilidad de exposición de una línea al patógeno y reduciendo la posibilidad de escapes a la infección. (Figura 2,1). Las progenies y progenitores fueron sembradas en surcos de 5 metros utilizando controles resistentes como Fedearroz 50 y moderadamente susceptibles como Oryzica 1 y susceptibles como Cica 8.

**Tabla 2-1.** Participación de variedades comerciales de arroz en la conformación del material esparcidor del patógeno *M. oryzae*. EESR, Villavicencio

Variedad	Linajes	% Participación*
Fedearroz 2000	6 y 1	15
Oryzica 1	2, 4 y 6	20
Oryzica Caribe 8	4	20
Progreso 4-25	4 y 6	15
Alejandra 328	5	30
Fanny	Todos	-

\*La mezcla total de los linajes se conformó con el 50% por la variedad Fanny y el 50% restante es conformado por las variedades comerciales mencionadas en la tabla.

**Figura 2-1.** Distribución de surcos esparcidores señalados con las flechas, frente a líneas experimentales días antes que las líneas de prueba. Fuente: Esta investigación



### 2.2.2 Evaluación de progenies

La evaluación de la enfermedad en hoja y panícula de las progenies de las generaciones F2 y F3 fue realizada mediante el uso de la escala del sistema de evaluación estándar (SES) del International Rice Research Institute (IRRI, 2002), la cual mide el tipo de lesión y el porcentaje de área foliar afectada e incidencia en panícula, expresada en un grado de escala, donde los valores 0 a 2 en hoja representan resistencia completa, 3 y 4 resistencia parcial y 5 a 9 susceptibilidad (Guimaraes, 1997, CIAT, 2009). La evaluación en hoja en la generación F2 se realizó a los 40 días después de la siembra, tomando

datos en plantas individuales. La generación F3, se evaluó, a los 40 días después de siembra, tomando el dato de la parcela (2 surcos/genotipo). (Anexo B)

La evaluación del añublo en cuello de la panícula, se realizó a los 30 días después del 50% de inicio de floración de las plantas, en cada parcela; época en donde es uniforme el estado de desarrollo fisiológico de las panículas. Se utilizó la escala para añublo en cuello de panícula del SES del IRRI (IRRI, 2002), que va desde 0 hasta 9 correspondiente a la Incidencia de panículas afectadas, donde 0 representa resistencia completa, 1 a 3 resistencia parcial y 4 a 9 susceptibilidad. En la generación F2, la evaluación, se hizo en planta individual. En la generación F3 la evaluación se hizo por parcela (2 surcos/genotipo). (Anexo C)

## 2.3 Procesamiento y análisis de datos

Para el procesamiento de datos se utilizó la hoja de cálculo Excel y el paquete estadístico PSS V15 ®. Se determinó la severidad del añublo en hoja y cuello de panícula en las generaciones F2 y F3, la desviación estándar y el coeficiente de variación.

Como criterios de determinación o tamizado por características de resistencia parcial al añublo se utilizó la moda, la mediana y el rango intercuartilico Q75-Q25, donde a partir de una tabla de frecuencias de los niveles de la escala de evaluación de severidad en hoja y cuello se calcularon dichas medidas de tendencia central (Anexo D.) Seguidamente se conformó una base de datos y se calcularon medidas de dispersión como: La desviación estándar, el coeficiente de variación del grado de infección que llamaremos en adelante: Dispersión relativa de la enfermedad (DRE) y el índice de severidad piricularia, (ISD). A su vez se calcularon los índices de severidad de piricularia grados (ISD 4-6) y el índice de severidad grados (ISD 4-9) utilizando la formula citada por Prabhu *et al.*, 1997:

$$\text{Índice severidad grados ISD} = \frac{\sum \text{Reacción Compatible (Grados 4 a 9)}}{\text{Total de pruebas con Reacción compatible}}$$

Los grados 4 a 9 representan reacciones de compatibilidad, es decir, de susceptibilidad. La selección de líneas sobre la base de la frecuencia de pruebas con calificación menor indica alto grado de resistencia vertical o completa. Los criterios de selección se determinaron a partir de la revisión de literatura, que menciona que los grados 1 a 3 de severidad en hoja y cuello, indican una resistencia de tipo vertical, de otra parte los grados 4 a 5 indican una resistencia intermedia, datos entre 5 a 9 se consideran susceptibles (Prabhu *et al.*, 1997, López-Genera, 2006)

Para los datos discretos se determinaron los límites, teniendo en cuenta los tipos de resistencia mencionadas previamente, para cada una de las variables consideradas en el proceso de tamizado. Es importante aclarar que los límites de selección para las variables continuas fueron construidos estadísticamente a través del criterio de los diagramas de cajas el cual es un gráfico descriptivo que nos permite dar cuenta de la tendencia central y la dispersión de una variable continua. Para las variables continuas, por ejemplo en el ISD en cuello el 2,54 obedece a la media, el 0,77 al rango intercuartilico calculado para la variable, entonces el límite inferior que es 2,15 se construye como:  $(2,54 - 0,5) * 0,77$ , el límite superior que 2,96 se construye como  $(2,54 + 0,5) * 0,77$ , de manera análoga se construyen los límites inferior y superior para la DRE del añublo en cuello, índice de severidad del añublo en hoja y DER del añublo en hoja, basado en el diagrama de cajas y se considera válido además porque las variables al hacer su análisis de normalidad, son variables que resultan estadísticamente normales, por cuanto utilizar este criterio es válido, anexo a esto encontramos las pruebas de normalidad Kolmogorov- Smirnov y de Shapiro- Wilk que nos dicen que sus estadísticos resultan no significativos, por cuanto se está concluyendo que estas variables tienen una distribución aproximadamente normal.

Como se está trabajando con distribuciones aproximadamente normales, se selecciono para cuello un valor que garantizara que el 38% de los datos estuviera concentrado alrededor de la media, dicho valor es uno 0,5. Para hoja se selecciono un valor de 87%, para que los datos estuvieran concentrados alrededor de la media, dicho valor es uno 1,5. (Anexo F) Una vez definidos los criterios con base en las correlaciones entre los procedimientos de evaluación y en la estadística descriptiva aplicada a cada uno de ellos, se procedió a construir una matriz mixta de selección e identificación de progenitores, que involucra variables discretas y continuas.

### 2.3.1 Determinación de la Heredabilidad y Ganancia genética

Cuando por selección se crea una nueva población, su valor genético medio difiere del valor de la población original. Esta diferencia es la «ganancia genética» específica del método e intensidad de selección empleada en un programa de mejora genética particular. Por supuesto, cada programa de mejoramiento intenta hacer dicha diferencia lo más grande posible.

Tres factores determinan la ganancia obtenida o esperada: 1). la variancia genética que es la base de cualquier selección; 2) la precisión de las estimaciones de los valores de mejora tanto en la selección de individuos superiores en una masa como familias en una experiencia, expresados por la heredabilidad; 3) la intensidad de selección, esto es, la diferencia entre la media poblacional y el promedio de los individuos seleccionados.

Puede demostrarse que bajo determinadas condiciones la ganancia genética R viene dada por la siguiente ecuación:

$$R = h^2 S$$

En la que S es la diferencia entre las medias de las poblaciones original y seleccionada. Esta es la fórmula básica para cualquier estimación de la ganancia genética esperada. (Stern, 2010)

El avance o ganancia genética puede calcularse con el uso de la siguiente fórmula: (Reyes, 1985)

$$G_s = K * \sigma_{F_2} * H_a$$

$G_s$  = Avance genético esperado al practicar selección

$\sigma_{F_2}$  = Desviación estándar fenotípica de la generación F2

$H_a$  = Heredabilidad en sentido estrecho (genética)

K = Valor constante cuyo valor depende del porcentaje de plantas seleccionadas como progenitores

### 3. Resultados y discusión

Validación de los supuestos del índice de Hazel (1943). De la revisión bibliográfica que se realizó sobre los índices de selección se encuentra que estos índices son para mejoramiento poblacional y que están basados en un conjunto de variables continuas por cuanto los métodos que se encuentran documentados son el método de regresión, métodos utilizando anava, métodos de clasificación a partir variables continuas, este condicionamiento a la continuidad de la variable, pone de manifiesto la necesidad de considerar o proponer un índice de selección que no considere exclusivamente variables continuas, porque en el caso de la selección o de las variables que caracterizan los fenotipos en enfermedades en variedades de arroz estas variables son discretas, por cuanto estos métodos no resultan apropiados, para las variables, en un primer momento se consideró la posibilidad de volver continua una variable discreta, para poder aplicar los métodos, sin embargo al momento de aplicar la metodología en campo se estaría perdiendo el valor agregado de la escala con la cual se valora la severidad de la enfermedad de la planta y se estaría olvidando esto por ganar un beneficio que sería la continuidad de la variable, por cuanto para la investigación fue más importante mantener la valoración de la severidad de la enfermedad, no es pertinente convertir la variable a continua, y lo que se busca con este trabajo de grado es construir un índice de selección o proponer una matriz de selección que utilice la escala tal cual está construida metodológicamente es decir una selección para una variable discreta.

En este trabajo se quiso evaluar o determinar algunos índices para seleccionar progenies para conocer a sus progenitores y a su vez la relación con sus progenitores y conocer cuales heredaban más las características de sus padres. Para la utilización de estos Índices de selección de Hazel, (1943) se requiere cumplir con ciertos supuestos como son: la normalidad, tener una correlación negativa o inversa depende del seleccionador sobre la característica que lo quiera hacer por esto se quiso basar en

estos índices. El inconveniente de la utilización de los índices de Hazel que nos permite determinar el índice con varios caracteres es que es para variables continuas, en el caso de evaluación de enfermedades se hace con variables discretas mediante la utilización de escalas de severidad de la enfermedad. Es por esto que se quiso hacer una propuesta donde se trabajara basado en los requerimientos de los índices de selección y que involucrara los índices de severidad (ISD) para no perder el origen de las escalas y la importancia de la evaluación realizada a través de estas. Esta selección o matriz de selección tuvo en cuenta medidas de tendencia central como la moda, la mediana, los percentiles los que permitieron determinar una diferencia intercuartilica para el caso de evaluación en hoja pero en el caso de cuello no se observó una diferencia como medida de dispersión, es por esto que se tuvo en cuenta la desviación estándar y el coeficiente de variación que no importan con que variables trabaje sea discreta o continua se puede utilizar, igualmente, se tuvo en cuenta el porcentaje de resistencia y el índice de severidad para tener un mejor criterio de selección.

La utilización de una matriz de selección basada en las escalas nos permite hacer una mejor selección y poder llegar hacer una dilucidación de acuerdo al grado que se tenga, cuales materiales podrían llegar a tener una resistencia completa o una resistencia parcial para tener en cuenta al buscar una resistencia duradera. Basados en conclusiones dadas por varios autores sobre las características de la resistencia completa y parcial, donde la reproducción del patógena es totalmente inhibida por un genotipo con resistencia completa y una progenie con resistencia parcial permite la reproducción limitada del patógeno pero es reducida significativamente cuando es comparado con un genotipo susceptible. (Guimaraes, 1997, Ballini *et al.*, 2008,)

El objetivo de este trabajo ha sido determinar cuáles son los mejores progenitores a partir de sus progenies en la generación F2 y F3 para esta selección se han utilizados algunas herramientas como una matriz de selección basada en los índices de Hazel, 1943 como lo sugieren algunos autores y el índice de severidad de la enfermedad como lo sugieren otros autores. Algunos de estos tienen sus ventajas otros no, es por esto que se hace una propuesta de hacer una utilización de los dos, uno de acuerdo a lo que se obtiene en campo y otro para tener una selección a partir de más de dos caracteres.



### 3.1 Base de datos de progenies y progenitores

En el desarrollo de este trabajo fueron tomadas dos variables para la medición de la enfermedad, se tomaron mediciones en hoja y en el cuello de la panícula, para cuello se tomaron 30720 registros en total de la siguiente forma: para cada una de las progenies se tomaron 240 datos, se tomó la variable replica y cada replica tiene 10240 datos, cada una de las progenies tiene cuatro familias y cada familia tiene 7680 datos, a su vez para cada familia se tomó una muestra de 20 datos, que significa que para cada progenie hay 1536 datos y finalmente la variable severidad que es la variable a analizar, es una variable que tiene 30720 datos, sin embargo algunas de las plantas, no fueron registradas perdiendo 156 datos de los 30720 datos, porcentaje de pérdida que es únicamente 0,05%, lo cual no pone en riesgo la validez del estudio, porque es muy inferior a la tasa de pérdida tolerable que es del 20%, esto con respecto a las frecuencias de la base de severidad en cuello de la panícula en la generación F2.

Para la base de datos de severidad del añublo en hoja se tomaron en total 122880 datos de la siguiente forma desagregados: 960 datos para cada una de las progenies, para las réplicas que se diseñaron inicialmente tenemos 40960 datos, para las familias tenemos 30720 datos para cada una de las progenies con un total de cuatro familias, a cada una de las familias, se les tomo 80 datos, para un total de 1536 datos por muestra de familia y en la variable escala de severidad la tenemos un total de 113142, y datos perdidos en el sistema se tiene 9638 datos, para llegar a un total de datos de 122880, en este caso tenemos un porcentaje de pérdida del 7,9% sin embargo está pérdida en hoja no supera el 20% por tanto tampoco pone en riesgo la validez de los datos con los que se trabajó, la pérdida en hoja es mayor posiblemente por problemas de germinación de algunos de los materiales, o por la muerte temprana por la afección por añublo.

Para la base de datos de severidad del añublo en hoja, en la generación F3 se tomaron 944 datos, con 8 datos por progenie, con un porcentaje de pérdida 7,8%, en caso de la base de la reacción al añublo en cuello, se contó 943 datos y un porcentaje de pérdida del 8% superior al observado en hoja. El porcentaje de pérdida presentado tanto en severidad en hoja, como severidad en cuello no supera el 20% por tanto no se pone en riesgo la validez de los datos con los que se trabajó en la generación F3.

Este trabajo tiene un numero de datos que dan alta confiabilidad a esta investigación, en el mundo se hacen muchas evaluaciones y se utilizan para realizar bases de datos para la selección de miles de líneas con resistencia al añublo, pero se hacen evaluaciones subjetivas, son observaciones generalizadas del surco o parcela de evaluación, se toman de 1 a 2 datos en hoja por unidad experimental y otra evaluación en el cuello de la panícula, este tipo de evaluación al hacerla en generaciones tempranas podría generar escapes pues las progenies están segregando, en este trabajo como fortaleza se tomaron un número importante de datos por progenie. Igualmente en la mayoría de las evaluaciones realizadas para la selección de progenies con resistencia durable dentro de los programas de mejoramiento convencional, no consideran las evaluaciones de plantas individuales sino que son evaluaciones en masa con las escalas de evaluación estándar del IRRI (2002). La mayoría de las investigaciones consultadas sobre selecciones con resistencia durable o resistencia parcial (RP) en pircularia lo hacen a partir de evaluaciones de severidad en hoja y no contemplan la evaluación de la severidad del añublo en el cuello de la panícula. La disponibilidad de esta base de datos, permitió en esta investigación hacer una selección más estricta, ya que permitió observar que tan dispersos se encontraban los datos, e igualmente se observó la alta presión de la enfermedad y la uniformidad de la infección lograda mediante la siembra de los surcos esparcidos.

### **3.1.1 Evaluación de la severidad del añublo del arroz (*M. oryzae*) en hoja y cuello de la panícula**

Para la evaluación de la severidad del añublo, se propusieron diferentes variables con el objeto de generar una matriz de selección, definir las progenies susceptibles (S) y resistentes (R), con resistencia completa (RV) y seleccionar las progenies con una resistencia parcial (RP), (Guimaraes, 1997, Lopez-Genera, 2006, Ballini *et al.*, 2008) esto por medio de unos límites de tolerancia para la matriz. Dentro de las variables de tipo descriptivo propuestas están las variables categóricas: moda, mediana y rango intercuartilico, tanto para las evaluaciones de añublo en el cuello como en hoja. Al hacer un análisis descriptivo de estas variables se encontró que para añublo en cuello la frecuencia principal fue una moda grado tres según la escala del IRRI, 2002; con 71,9% un resultado muy favorable para esta investigación (RP) y el grado 1 con 27,3% en porcentaje valido para RV, en total los grados 1 y 3 acumulan el 99,2% de todas las progenies estudiadas. En

general, los grados bajos de infección representan resistencia específica, o sea, RV (1 y 2) y los grados más altos de infección indican resistencia no específica (3 a 4), en la escala del IRR (2002). La reacción Tipo 3 representa resistencia intermedia (Lopez-Genera, 2006), que posiblemente es controlada por genes mayores (Ballini, *et al.*, 2008)

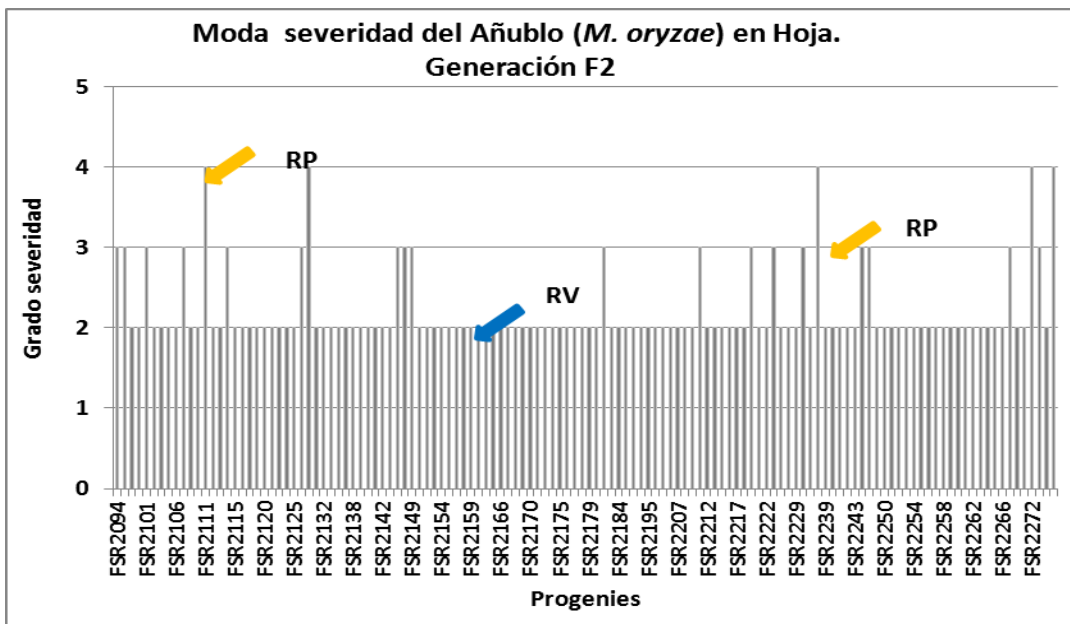
La mediana en severidad del añublo en cuello, presentó como principal frecuencia el grado 3 con el 84,4%, resulta un dato importante para este trabajo, este resultado indica que gran parte de las progenies que se evaluaron estaba mostrando resultados relacionados con el objetivo del cruce que era la búsqueda de una RP; dentro de las referencias consultadas no se hace relación de los grados de severidad en este estado fenológico con una resistencia determinada, sin embargo, se podría hacer una similitud con la severidad en hoja en donde los grados tres y cinco tendrían una relación con RP y un grado 1 se relacionaría con una RV. El rango intercuartílico que es una medida de dispersión para datos discretos nos indica que la dispersión es de 2, sin embargo, en este estudio es de interés aquella dispersión que fuera 2 o menor que dos por ejemplo cero o uno, entre los resultados de añublo en cuello encontramos que el 85,9% de las progenies analizadas tiene una dispersión intercuartílico de dos y el 97,7 lo tienen los grados 0-2 que sería el acumulado de hacer 85,9 más 11,7, este resultado estaría relacionado con que un porcentaje significativo de las progenies tienden a presentar una resistencia Parcial (Tabla 3-1)

**Tabla 3-1.** Frecuencia del grado de severidad de *M. oryzae*, en cuello de acuerdo a datos de tendencia central.

Grado Escala	Moda Añublo cuello				Mediana Añublo cuello			
	Frecuencia	Porcentaje	Porcentaje válido	Porcentaje acumulado	Frecuencia	Porcentaje	Porcentaje válido	Porcentaje acumulado
1	35	27.3	27.3	27.3	20	15.6	15.6	15.6
3	92	71.9	71.9	99.2	108	84.4	84.4	100.0
5	1	.8	.8	100.0	-	-	-	-
<b>Total</b>	128	100.0	100.0		128	100.0	100.0	

Rango intercuartílico severidad Añublo cuello				
Grado Escala	Frecuencia	Porcentaje	Porcentaje válido	Porcentaje acumulado
0	15	11.7	11.7	11.7
2	110	85.9	85.9	97.7
4	3	2.3	2.3	100.0
<b>Total</b>	128	100.0	100.0	

**Figura 3-1.** Representación gráfica de la moda de la severidad del añublo (*M. oryzae*) en hoja y su tipo de resistencia parcial RP o vertical RV. Fuente: esta investigación.



En cuanto al añublo en hoja, encontramos que la más alta frecuencia de la moda es dos con un 82.0%, el grado tres con un 14.1% y el grado cuatro con un 3,9%. Esto nos indica que solamente el 18% de los datos son el objetivo para búsqueda de una RP y el mayor porcentaje tiene RV al añublo en hoja. La mediana tiene un porcentaje de 71, 1 y para la escala de grado tres el valor de 24,3% confirma que la resistencia en hoja de estas progenies es alta. (Figura 3-1) En términos del rango intercuartilico encontramos que este rango para hoja es 1, (66,4%), con la mayor frecuencia y una dispersión menor, con respecto a la infección de cuello para estos datos categóricos se observa una mayor resistencia en hoja y a su vez una menor variabilidad medida en términos del rango intercuartilico, lo que pone un reto en la selección y es que se debe trabajar con datos que tengan una tendencia central adecuada, pero una dispersión que no nos permite trabajar con mucha estabilidad, entonces es necesario incluir criterios de variabilidad, para poder escoger no solamente aquellas progenies que en promedio se comporten mejor sino que también se quieren tener en cuenta aquellas progenies que sean más estables y esto se debe hacer a través de una medida de varianza ya sea para datos discretos como para datos continuos.

**Tabla 3-2.** Frecuencia del grado de severidad del añublo (*M. oryzae*) en hoja, según las medidas de tendencia central.

Grado Escala	Moda Añublo hoja				Mediana Añublo hoja			
	Frecuencia	Porcentaje	Porcentaje válido	Porcentaje acumulado	Frecuencia	Porcentaje	Porcentaje válido	Porcentaje acumulado
2	105	82.0	82.0	82.0	91	71.1	71.1	71.1
3	18	14.1	14.1	96.1	31	24.2	24.2	95.3
4	5	3.9	3.9	100.0	6	4.7	4.7	100.0
<b>Total</b>	<b>128</b>	<b>100.0</b>	<b>100.0</b>		<b>128</b>	<b>100.0</b>	<b>100.0</b>	

Rango intercuartilico Añublo hoja				
Grado Escala	Frecuencia	Porcentaje	Porcentaje válido	Porcentaje acumulado
0	22	17.2	17.2	17.2
1	85	66.4	66.4	83.6
2	20	15.6	15.6	99.2
3	1	.8	.8	100.0
<b>Total</b>	<b>128</b>	<b>100.0</b>	<b>100.0</b>	

Por lo tanto, para la medida de severidad del añublo del arroz (*M. oryzae*) en hoja y cuello, con base en las medidas de dispersión, porcentaje de resistencia e índice de severidad en las progenies evaluadas, se incluyeron algunas medidas discretas y continuas, como también se incluyó la dispersión relativa de la severidad (DRE), el índice de severidad (ISD) (Guimaraes, 1997), el porcentaje de resistencia. El índice de severidad como un promedio ponderado, ISD (4-5) en y ISD (5-9) en añublo en hoja, grado (5) en añublo en cuello de la panícula y (5-9) en añublo en cuello como medidas de la severidad en los grados o niveles más altos de la enfermedad que son los grados susceptibles no deseados, pues si se quieren plantas resistentes definitivamente se descartarían estas progenies encontrados en estos grados altos.

Se observa en el ISD en añublo cuello, que la severidad media de afección de cuellos, es de 2,54, con una desviación de 0,48; comparativamente el ISD de añublo en hoja es muy cercano a la media de añublo en cuello pues su valor es de 2,50 y la desviación 0,411. Si bien la moda nos dice que las progenies son más resistentes en hoja, el ISD nos dice que la incidencia o severidad es similar en cuello y hoja. (Tabla 3-3)

Como se había mencionado anteriormente es importante cuantificar la dispersión o la estabilidad de estas progenies, para esto se calculó la DRE tanto de añublo en cuello como en hoja, encontrando que en promedio la DRE del añublo en cuello es el 50%,

mientras que la DRE del en hoja es el 35,3% resultado que es concordante con lo que se concluyó con el rango intercuartilico, frente a los otros índices de severidad de ISD (4-5), (ISD 4-9), en añublo en hoja e ISD 5 e ISD 5-9, en cuello encontrándose que no son discriminantes; pues no se observó una variabilidad alta, ni un importante número de individuos que tengan esta condición, por cuanto no sería pertinente o necesaria su inclusión en la matriz de selección.

**Tabla 3-3.** Estadísticos estimados de las diferentes evaluaciones de la severidad del hongo (*M. oryzae*) en hoja y cuello en progenies de arroz.

	N	Mínimo	Máximo	Media	Desv. típ.
<b>(DRE) cuello</b>	128	35.79%	61.66%	50.9855%	5.85920%
<b>(DRE) hoja</b>	128	24.36%	44.57%	35.3635%	4.06244%
<b>ISD cuello</b>	128	1.498	3.892	2.54056	.486822
<b>ISD (4-5) hoja</b>	128	.01	.53	.1423	.12237
<b>ISD (4-9) hoja</b>	128	.01	.59	.1497	.13371
<b>ISD (5-9) cuello</b>	128	.00	.48	.1326	.10698
<b>ISD (5) cuello</b>	128	.00	.43	.1255	.09662
<b>ISD hoja</b>	128	1.77	3.67	2.5054	.41172
<b>Porcentaje de resistencia cuello</b>	128	.52	1.00	.8673	.10702
<b>Porcentaje de resistencia hoja</b>	128	.41	.99	.8503	.13371
<b>N válido (según lista)</b>	128				

DRE= Dispersión relativa de la enfermedad

ISD =Índice severidad

En cuanto al porcentaje de resistencia al añublo cuello y hoja, se obtuvo que la resistencia al añublo en cuello es del 86 % en promedio, y el porcentaje de resistencia al añublo en hoja es del 85%, indicando esto que el número de progenies evaluadas presentaron mayor resistencia al añublo en cuello que en hoja, pero se tiene un resultado muy importante y es que si bien la resistencia al añublo en cuello es más alta que el porcentaje de resistencia en hoja, la enfermedad es más severa en cuello que en hoja. Entonces tenemos que considerar que tanto el ISD como el porcentaje de resistencia, deben ser considerados para ser incluidos en la construcción de la matriz de selección. (Tabla 3-3)

Tabla 3-4. Determinación de la dispersión de la severidad del Añubio (*M.oryzae*) en hoja y cuello.

Id	Progenie	ModC	ModC	P25C	P75C	RICC	ISC	DREC	% ResC	ISD (5)C	ModH	MedH	P25H	P75H	RICH	ISH	DREH	% ResH	ISD (4-5)H	ISD (4-9)H
1	FSR2094	3	3	1	3	2	2,78	51%	80,0%	0,20	3	3	2	3	1	2,59	40%	84,6%	0,15	0,15
2	FSR2095	3	3	3	3	0	2,89	41%	86,3%	0,13	3	3	2	4	2	3,15	34%	70,3%	0,26	0,30
3	FSR2098	3	3	1	3	2	2,74	47%	84,6%	0,15	2	2	2	3	1	2,40	34%	91,6%	0,08	0,08
4	FSR2099	1	3	1	3	2	2,14	56%	94,6%	0,05	2	2	2	3	1	2,39	30%	94,3%	0,06	0,06
5	FSR2101	3	3	1	3	2	2,23	56%	92,5%	0,08	3	3	2	3	1	2,91	27%	80,3%	0,20	0,20
6	FSR2103	3	3	1	3	2	2,93	49%	78,3%	0,20	2	2	2	3	1	2,28	30%	95,9%	0,04	0,04
7	FSR2104	3	3	1	3	2	2,07	50%	99,2%	0,01	2	2	2	3	1	2,15	33%	96,0%	0,04	0,04
8	FSR2105	3	3	1	3	2	2,92	47%	78,3%	0,22	2	2	2	3	1	2,39	38%	88,9%	0,11	0,11
9	FSR2106	3	3	3	3	0	3,13	43%	75,0%	0,25	2	2	2	2	0	2,09	36%	95,2%	0,05	0,05
10	FSR2107	3	3	1	3	2	2,67	54%	81,3%	0,19	3	3	2	3	1	2,65	36%	80,8%	0,19	0,19
11	FSR2109	1	3	1	3	2	2,09	57%	95,0%	0,05	2	2	2	2	0	2,09	33%	97,0%	0,03	0,03
12	FSR2110	3	3	1	3	2	2,58	44%	92,1%	0,08	2	2	2	3	1	2,44	34%	90,6%	0,09	0,09
13	FSR2111	3	3	3	5	2	3,29	50%	67,9%	0,27	4	4	2	4	2	3,48	37%	48,9%	0,46	0,51
14	FSR2112	3	3	1	3	2	2,22	54%	95,0%	0,05	2	2	2	2	0	2,04	37%	95,7%	0,04	0,04
15	FSR2113	3	3	3	3	0	2,83	43%	86,7%	0,13	2	2	2	3	1	2,50	35%	89,5%	0,10	0,11
16	FSR2114	3	3	1	3	2	2,15	54%	95,4%	0,05	3	3	2	4	2	2,79	41%	71,5%	0,28	0,28
17	FSR2115	3	3	1	3	2	2,93	51%	77,5%	0,20	2	2	2	4	2	2,83	43%	72,7%	0,24	0,27
18	FSR2116	1	1	1	3	2	2,00	57%	96,2%	0,04	2	2	2	2	0	2,07	28%	98,8%	0,01	0,01
19	FSR2117	3	3	1	3	2	2,46	50%	90,8%	0,09	2	2	2	3	1	2,11	26%	98,0%	0,02	0,02
20	FSR2119	3	3	1	3	2	2,69	48%	86,2%	0,13	2	2	2	3	1	2,45	33%	90,4%	0,10	0,10
n	n	n	n	n	n	n	n	n	n	n	n	n	n	n	n	n	n	n	n	n

\* variables sombreadas seleccionadas para construir matriz de selección.

Fuente: esta investigación

### **3.2 Criterios de selección de progenies orientado a obtener resistencia parcial al añublo del arroz (*M. oryzae*) apoyados en una matriz de índice de selección**

Dentro de la teoría de los índices de selección de Hazel (1943), se establecen unos criterios y es que las variables que se utilicen en el índice de selección deben ser variables que cada una de ellas aporte información relevante, es decir que no haya redundancia.

En la matriz de selección se deben incluir variables que brinden información diferente a la que otra variable incluida pueda dar. Para saber si las variables utilizadas estaban o no asociadas, se utilizaron los estadísticos de correlación de Pearson que indicaron que el ISD de añublo en cuello esta correlacionado con la DRE de añublo en cuello, y con el porcentaje de resistencia al añublo en cuello. A su vez se encontró que el ISD en cuello está asociado con el ISD al añublo en hoja y con la resistencia al añublo en hoja, pero no con la DRE en hoja, y si con el porcentaje de resistencia. Esto quiere decir que para construir la matriz de selección se puede utilizar el ISD de añublo en cuello, el DRE o el porcentaje de resistencia al añublo en cuello, pero no se deben incluir los tres parámetros simultáneamente, de acuerdo a lo propuesto por Hazel 1943. (Tabla 3-4)



**Tabla 3-5.** Correlación de las variables evaluadas de la severidad del añublo (*M. oryzae*) en hoja y cuello de la panícula de arroz

		ISD cuello	DRE cuello	% resistencia cuello	ISD hoja	DRE hoja	% resistencia hoja
ISD cuello	Correlación de Pearson	1	-.755(**)	-.951(**)	.605(**)	-.004	-.610(**)
	Sig. (bilateral)		.000	.000	.000	.965	.000
	N	128	128	128	128	128	128
DRE cuello	Correlación de Pearson	-.755(**)	1	.578(**)	.473(**)	.058	.474(**)
	Sig. (bilateral)	.000		.000	.000	.513	.000
	N	128	128	128	128	128	128
% resistencia cuello	Correlación de Pearson	-.951(**)	.578(**)	1	.592(**)	-.028	.608(**)
	Sig. (bilateral)	.000	.000		.000	.750	.000
	N	128	128	128	128	128	128
ISD hoja	Correlación de Pearson	.605(**)	-.473(**)	-.592(**)	1	-.100	-.968(**)
	Sig. (bilateral)	.000	.000	.000		.261	.000
	N	128	128	128	128	128	128
DRE hoja	Correlación de Pearson	-.004	.058	-.028	-.100	1	-.047
	Sig. (bilateral)	.965	.513	.750	.261		.600
	N	128	128	128	128	128	128
% resistencia hoja	Correlación de Pearson	-.610(**)	.474(**)	.608(**)	.968(**)	-.047	1
	Sig. (bilateral)	.000	.000	.000	.000	.600	
	N	128	128	128	128	128	128

\*\* La correlación es significativa al nivel 0,01 (bilateral).

ISD: Índice severidad

DRE: Dispersión relativa de la Enfermedad

Fuente: esta investigación

En la tabla 3-5 se evidencia que la DRE del añublo en cuello, está asociada con ISD del añublo en cuello, con el porcentaje de resistencia al añublo en cuello, pero no está asociada con la DRE en hoja. Entonces la variabilidad en cuello no predice la variabilidad o DRE en hoja, por cuanto en la matriz de selección incluyo la DRE del añublo en cuello, y la DRE del añublo en hoja, porque ambas son medidas de dispersión y a su vez la DRE del añublo en cuello no predice la DRE hoja, por lo tanto la inclusión de ambas variables se hace necesaria en el procedimiento de selección. Esto es muy

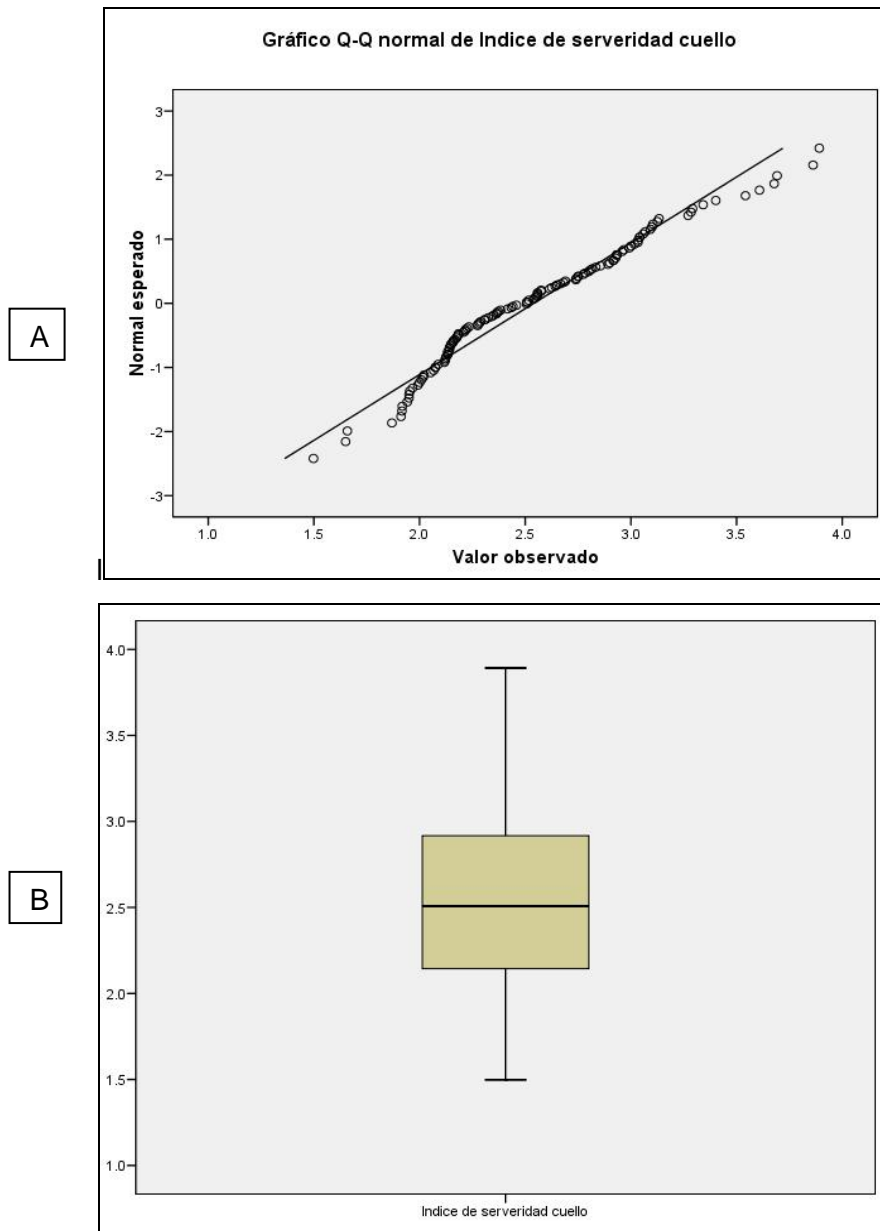
importante pues indica porque la resistencia en hoja no es un indicador de resistencia en cuello, esto se observa pero no se le ha dado una explicación estadística ni genética. En campo se observa esta situación con frecuencia donde se encuentran progenies con sintomatología en hoja y sin sintomatología en cuello y al contrario al realizar las diferentes evaluaciones lo que dificulta la selección de progenies.

También se debe tener en cuenta que, no se puede incluir de manera simultánea el ISD del añublo en cuello porque es inversamente proporcional al porcentaje de resistencia al añublo en cuello; entonces a mayor resistencia menor ISD del añublo en el cuello para la progenie, por lo cual se decidió utilizar uno de los dos para la estructuración de la matriz de selección, se decidió dejar el ISD para la construcción de la matriz de selección por ser una medida que está documentada, (Guimarães, 1997, IRRI, 2002) y referenciada como una medida adecuada para calcular la afectación de la enfermedad en la planta.

De acuerdo a los análisis anteriores en la matriz de selección se tuvieron en cuenta las siguientes variables continuas: ISD en cuello y hoja, DRE del añublo en cuello y hoja; a estas variables se les realizó un análisis exploratorio descriptivo para encontrar valor promedio, la varianza, máximos, mínimos y tener una descripción de cada una de las variables. (Anexo E) Se construyó la matriz de selección con una combinación de variables tanto continuas como descriptivas: variables discretas moda, mediana y rango intercuartilico de la severidad y criterios continuos mencionados. Después de aplicar el criterio de multicolinealidad de Hanzel (1943) se obtuvo como resultado seleccionar entre 10 variables solo cinco que se consideraron de carácter importante. (Tabla 3-3).

Seguidamente se realizó un filtro en la matriz de selección teniendo en cuenta los siguientes criterios en las variables discretas: grados de severidad (0,1,2), representando resistencia específica, los grados (3,4) resistencia parcial o intermedia (no específica) y los grados (5-9), susceptibilidad (Guimaraes,1997, Lopez-Genera,2006). Con este filtro se definieron los límites de selección de variables continuas utilizando gráficos descriptivos denominados diagrama de cajas. (Figura 3-2 A,B) El criterio para definir los límites de las variables continuas, fue el resultado de sumar el promedio de la variable continua a analizar con el nivel definido en el diagrama de cajas garantizando que el 38%

**Figura 3-2.** Gráficos A, B descriptivos del índice de severidad al añublo (*M. oryzae*) en cuello



De los datos estuviera concentrado alrededor de la media en este caso dicho valor es 0,5 y multiplicado por el rango intercuartílico en este caso para añublo en cuello. Por ejemplo, se determinó el límite inferior de la variable ISD del añublo en cuello de la siguiente manera:  $2,54 - (0,5 \cdot 0,77)$  en donde 2,54 obedece a la media, el 0,77 al rango intercuartílico calculado para la variable, entonces el límite inferior es 2,15 siendo más

estricto con esta variable por su importancia desde el punto de vista económico. El límite superior que es 2,93 se construye como  $2,54 + (0,5 * 0,77)$  de manera análoga se construyen los límites inferior y superior para la DRE del en cuello, ISD en hoja y DRE en hoja. Como resultado de este procedimiento, de las 128 progenies iniciales se seleccionaron 32 en la generación F2 y de las 32 se seleccionaron 26 en la generación F3, con características de resistencia parcial o de campo, es decir se pudo realizar un filtro mediante cual se seleccionaron las mejores familias para este carácter en las generaciones F2 y F3.

Se realizó un análisis de normalidad de las variables continuas en cuello y hoja, que es el segundo supuesto dentro de las propiedades estadísticas del índice de selección de Hazel, (1943) para seleccionar progenitores utilizando índices de selección. El análisis se realizó con las pruebas de Kolmogorov-Smirnov y Shapiro. (Tabla 3-6)

**Tabla 3-6.** Análisis de la normalidad del Índice de severidad del añublo (*M. oryzae*) en hoja y cuello de la panícula mediante pruebas de Kolmogorov-Smirnov y Shapiro-Wilk

	Pruebas de normalidad					
	Kolmogorov-Smirnov(a)			Shapiro-Wilk		
	Estadístico	gl	Sig.	Estadístico	gl	Sig.
<b>ISD cuello</b>	.095	128	.006	.966	128	.003
<b>DRE cuello</b>	.096	128	.006	.963	128	.002
<b>ISD hoja</b>	.160	128	.000	.906	128	.000
<b>DER hoja</b>	.034	128	.200(*)	.995	128	.925

\* Este es un límite inferior de la significación verdadera.

a Corrección de la significación de Lilliefors

Fuente: esta investigación

Con la prueba de normalidad de Kolmogorov y Shapiro- Wilk, se quiere no rechazar la hipótesis nula, se quiere decir que son normales, como no se quiere rechazar se busca que el estadístico o la significancia sea mayor a 0,05, si se observa en la Tabla 3-6, se encuentra que el ISD del añublo en cuello y la DRE del añublo en cuello tienen un valor de 0,006 en su significancia, lo que se quiere decir, es que no se rechaza que estas variables en cuello sean normales. En el caso del ISD en hoja se observa que la

significancia es 0,000 entonces se rechaza que es normal. Contrario a lo observado en la DRE que presenta una significancia alta lo que quiere decir que no se rechaza que esta variable sea normal.

Para corroborar el resultado se aplica a su vez la prueba de Shapiro-Wilk y cuando se aplica esta prueba se encuentra que ni el ISD en cuello, la DRE en cuello y el ISD del añublo en hoja no tienen una distribución normal (Tabla 3-6). Esto sería un limitante para aplicar la metodología clásica de índices de selección al no cumplir con el supuesto de normalidad. El que una variable no sea normal justifica la inclusión de las variables descriptivas de la escala en la matriz de selección.

**Tabla 3-7.** Criterios y límites utilizados en la matriz de selección para la determinación de progenies con resistencia parcial a *M. oryzae*

Variable		Filtro		
Moda cuello		1 ó 3		
Mediana cuello		1 ó 3		
RIC severidad Cuello		0, 1 ó 2		
Límites Variables continua		media	RIC	Limite Inferior Limite superior
ISD cuello		2,54	0,77	2,15 2,93
DRE cuello		50,98%	8,73%	47% 55%
Moda hoja		1, 2, 3 ó 4		
Mediana hoja		1, 2, 3 ó 4		
RIC hoja		0, 1 ó 2		
Límites Variables continua		media	RIC	Limite Inferior Limite superior
ISD hoja		2,5	0,5	1,75 3,25
DRE hoja		36,4%	5,5%	28% 45%

RIC= Rango Intercuartilico

DRE=Dispersión Relativa de la Enfermedad

ISD= Índice Severidad

fuelle: esta investigación

### 3.2.1 Selección e identificación de las mejores progenies de arroz y sus progenitores en las generaciones F2 y F3, con resistencia al añublo (*M. oryzae*)

Mediante los criterios anteriormente expuestos (Tabla 3-7) fueron seleccionados 26 progenies (Tabla 3-8), dentro de las cuales las más cercanas a las características de resistencia parcial consecuente con lo mencionado por Guimarães (1997), Lopez-

Genera, 2006 en los diversos trabajos desarrollados en selección, fueron: FSR2107, FSR2133, FSR2141, FSR2244. (Tabla 3-8) Al relacionar estas progenies con sus progenitores se puede observar que algunos de estos combinan varios genes de resistencia (Prado, 2008, CIAT, 2007); tal es el caso de la progenie FSR2133, la cual cuenta entre sus progenitores con la variedad Fedearroz 50 que tiene reportados 8 genes de resistencia al añublo. (CIAT, 2004, CIAT, 2007, Correa y Martínez, 2009).

**Tabla 3-8.** Valores estimados de la severidad al añublo (*M. oryzae*) en hoja y cuello de las progenies seleccionadas con la matriz de selección

Progenie	Moda	Mediana	RIC	ISD	DRE	Moda	Mediana	RIC	ISD	DRE
	hoja	hoja	hoja	hoja	hoja	cuello	cuello	cuello	cuello	cuello
FSR2098	2	2	1	2,40	34%	3	3	2	2,74	47%
FSR2105	2	2	1	2,39	38%	3	3	2	2,92	47%
FSR2107	3	3	1	2,65	36%	3	3	2	2,67	54%
FSR2112	2	2	0	2,04	37%	3	3	2	2,22	54%
FSR2119	2	2	1	2,45	33%	3	3	2	2,69	48%
FSR2123	2	2	1	2,35	39%	3	3	2	2,21	55%
FSR2129	2	2	1	2,39	39%	3	3	2	2,18	51%
FSR2133	2	3	1	2,61	30%	3	3	2	2,43	53%
FSR2141	2	3	2	2,83	38%	3	3	2	2,80	53%
FSR2144	2	2	1	2,38	35%	3	3	2	2,68	54%
FSR2152	2	2	1	2,56	36%	3	3	2	2,64	52%
FSR2155	2	2	1	2,22	34%	3	3	2	2,81	48%
FSR2157	2	2	1	2,27	37%	3	3	2	2,82	50%
FSR2163	2	2	1	2,60	32%	3	3	2	2,75	53%
FSR2166	2	2	1	2,71	39%	3	3	2	2,56	47%
FSR2169	2	2	1	2,34	34%	3	3	2	2,33	54%
FSR2170	2	2	1	2,20	38%	3	3	2	2,18	55%
FSR2175	2	2	0	2,11	32%	3	3	2	2,17	53%
FSR2176	2	2	1	2,25	36%	3	3	2	2,37	52%
FSR2221	2	2	1	2,43	40%	3	3	2	2,56	48%
FSR2222	2	2	1	2,21	35%	3	3	2	2,31	49%
FSR2229	2	2	1	2,24	41%	3	3	2	2,56	52%
FSR2244	3	3	1	2,71	29%	3	3	2	2,42	54%
FSR2259	2	2	1	2,18	37%	3	3	2	2,23	51%
FSR2263	2	2	1	2,45	34%	3	3	2	2,86	54%
FSR2274	2	2	1	2,52	41%	3	3	2	2,54	51%

RIC= Rango Intercuartilico

ISD= Índice Severidad de la enfermedad

DRE= Dispersión Relativa de la Enfermedad

Fuente: esta investigación

Otro de los progenitores de esta progenie es la variedad Tres Marías ampliamente estudiada en el Brasil y reportada como altamente resistente al añublo (Pilippi *et al.*, 1997), en Colombia no se le ha observado reacción compatible ninguno de los linajes genéticos.(CIAT, 2004) El tercer progenitor de esta misma progenie es la línea RD (FL03233-5P-3-2P-1P-M-M) (CIAT, 2004) en la que se tienen igualmente reportados los mismos ocho genes de resistencia de Fedearroz 50, por lo anterior se esperaría que la progenie FSR2133, contara con un número importante de genes menores de resistencia al añublo.

Los resultados obtenidos en esta selección son aproximaciones a la resistencia parcial en búsqueda de una resistencia durable, debido a que los criterios utilizados en este trabajo (grados e índices de severidad intermedios, DRE) se enfocaron en buscar niveles bajos de enfermedad, con una distribución predeterminada, ya que la evaluación de la RP es complicada, debido a la coexistencia de RP y RV en el mismo cultivar. También esta selección incluye dentro de los progenitores de estas progenies a materiales con genes de resistencia conocidos como por ejemplo Fedearroz 50 y Oryzica 2. (Correa, *et al* 2006)

La variación continua, o sea, la reacción no diferencial, usualmente es referida como resistencia poligénica o RP. El lento progreso de la enfermedad es una de las características que puede ser producida por RP o RV incompleta. La RV incompleta no confiere resistencia durable y se suele confundir con la RP, y aun se menciona con (Guimarães, 1997, Ballini, *et al.*, 2008) Igualmente se dice que la RP reduce los niveles de la enfermedad y se caracteriza por un tipo de infección susceptible, siendo su naturaleza genética de carácter cuantitativo. (Guimaraes, 1997, Ballini *et al.*, 2008, Correa y Martinez, 2009).

### **3.3 Heredabilidad y ganancia genética de la resistencia al añublo (*M. oryzae*) de las progenies con base en el índice de severidad de hoja y cuello de las progenies en la generaciones F3.**

#### **3.3.1 Heredabilidad**

La heredabilidad se calculó a partir de un modelo de regresión lineal simple padre progenie (Poehlman, 2003) que dice que la respuesta de la variable evaluada que es en

este caso el ISD del añublo en cuello en la progenie, se explica que es igual a 0,396 veces el ISD del progenitor más una constante, de esa forma se entiende que la heredabilidad es el número que está acompañando a "X" escrito en forma %, el coeficiente de regresión entonces sería  $0,396 \times 100 = 3.96\%$  esa es la heredabilidad, la cual indica cuanto se espera que aumente o disminuya la severidad de la enfermedad en cuello de los padres en los hijos, como lo vemos en la figura 3-3 la severidad de las progenies presentó una heredabilidad de 3,96% en la generación F3, que corresponde a que las progenies heredaron 0,396 veces la severidad al añublo del progenitor. En cuanto a estos resultados primero tenemos que denotar que la variable evaluada fue el Índice de Severidad de la enfermedad (ISD) el cual nos dice que a mayor ISD mayor enfermedad y a menor ISD mayor resistencia como se mencionó en este trabajo al realizar las correlaciones de Pearson (Tabla 3-5). Por lo tanto el tener un valor bajo de heredabilidad es positivo en este caso porque se hereda una severidad baja. Igualmente tenemos que tener en cuenta lo afirmado por (Reyes, 1985 y Poehman 2003), que para la mayoría de los caracteres cuantitativos el valor de la heredabilidad es muy bajo y podría ser más bajo si el resultado se expresa como heredabilidad en sentido estricto ( $h^2$ ).

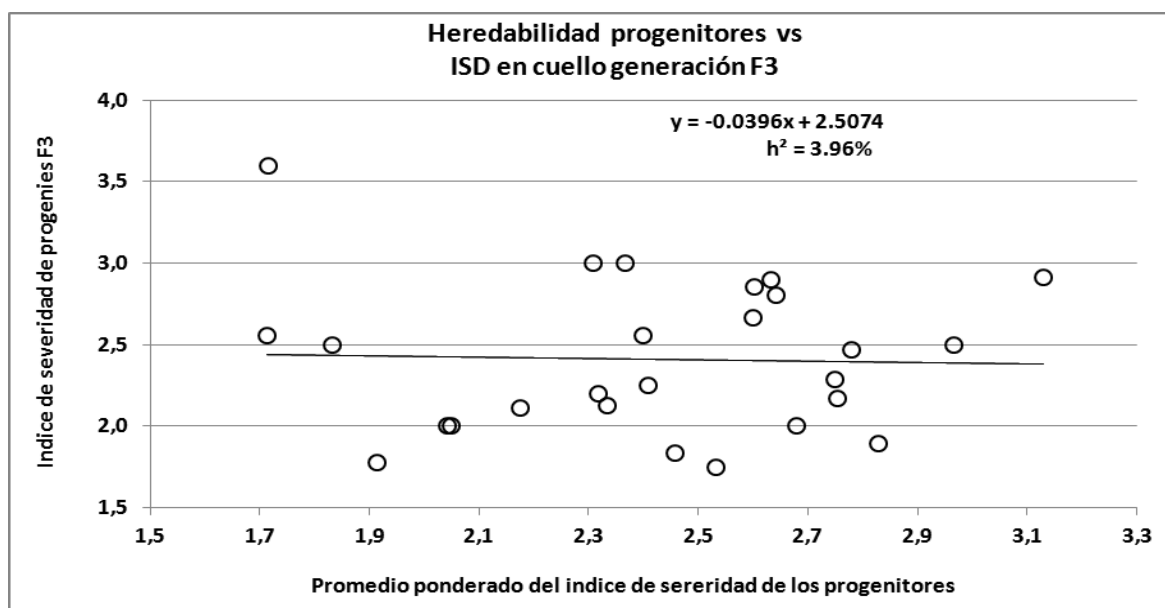
En este trabajo, la variable utilizada para la regresión fue el índice de severidad, indicando que posiblemente el bajo índice de severidad heredado constituye un resultado favorable para la caracterización de progenitores deseables, teniendo en cuenta que entre más bajo el coeficiente de regresión se obtiene menor herencia de severidad y por consiguiente mayor resistencia. Se puede observar en la figura 3-3, que se seleccionaron progenies con una muy baja dispersión de ISD, lográndose así obtener información relevante, de cuales progenies heredaron una severidad más alta que sus progenitores y cuales heredaron una severidad más baja que sus progenitores, dentro de un rango de resistencia parcial según lo citado por Guimaraes 1997.

Autores como Guimaraes (1997), Servellón (1996) y Pilippi *et al.*, (1997) comentan que no hay relación o correlación directa entre la severidad de la enfermedad del añublo en hoja y cuello; por lo anterior se podría decir que uno de los resultados destacables de este trabajo es que mediante una matriz de selección mixta de variables discretas y continuas se integraron las variables para determinar la severidad del añublo en hoja y



cuello, obteniendo como resultado la selección de 26 progenies con características de resistencia parcial al en hoja y cuello.

**Figura 3-3** Determinación de la heredabilidad padre-progenie de acuerdo al ISD del añublo (*M. oryzae*) en cuello generación F3



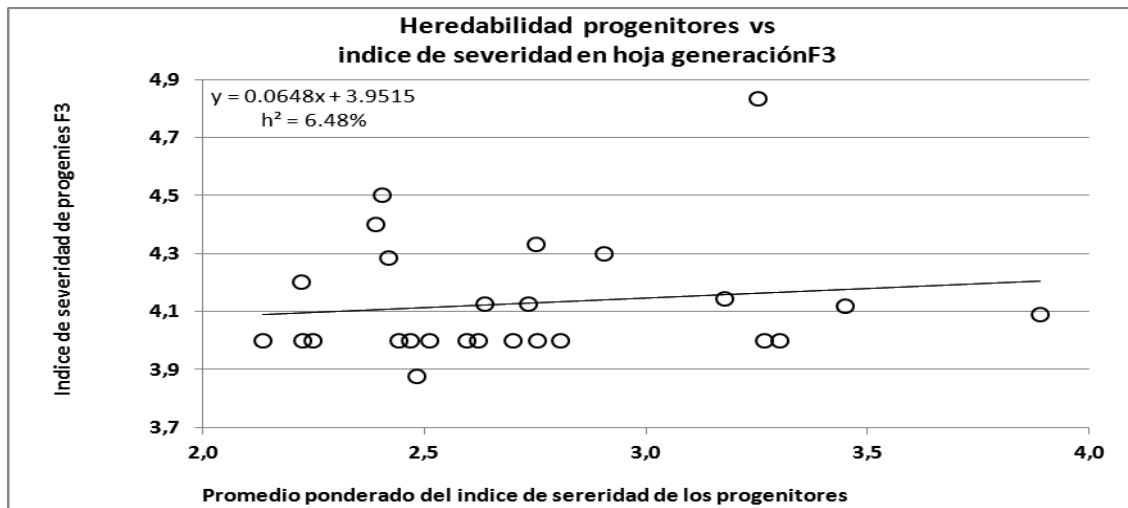
En la figura 3-3 se observa la heredabilidad de progenitores versus progenies F3 en severidad en cuello, allí la progenie cual si se ve diferente al resto y es porque esta tiene un mayor índice de severidad con respecto a sus progenitores, este dato está alejado del conjunto de progenies que aunque al encontrarse dispersos en el gráfico, representan muy buenos niveles de resistencia al igual que sus progenitores. En esta figura de igual manera, se observa que la heredabilidad basada en el ISD en añublo en cuello, presentó un valor bajo (3,96), destacando que el 34,6% de las progenies en F3 presenta un ISD menor al de los progenitores, el 46,15% de las progenies presentaron un ISD mayor de sus progenitores y el 15,3% de las progenies presentaron un ISD muy similar al de los progenitores. Estos resultados sugieren que los progenitores que dieron origen a las progenies seleccionadas por medio de la matriz de selección, son progenitores que poseen muy buenos niveles de resistencia a esta enfermedad y que los cruzamientos realizados entre ellos han generado individuos (34,6%) que presentan un menor ISD que ellos mismos, lo cual reconfirma la importancia y el valor de estos parentales para la programación de próximos cruzamientos.

En la figura 3-4, se presenta la regresión de la heredabilidad de la severidad del añublo en hoja, observándose que todos los puntos son iguales a cuatro y este es un punto donde la enfermedad es intermedia y desde el punto de vista genético es aceptable, tratándose tal vez de una resistencia parcial, debido a que le da enfermedad, está dentro de los parámetros aceptables para RP. En esta generación se observó mayores valores de severidad que en la generación F2. Igualmente, se observa que la heredabilidad basada en el ISD que en añublo en hoja presento un valor bajo (6,48%), tal como ocurrió con la heredabilidad del añublo en cuello. En este mismo grafico se observa que el 61,5% de las progenies en F3 presenta un ISD menor al de los progenitores, el 26,9% de las progenies presentaron un ISD mayor de sus progenitores y el 11,5% de las progenies presentaron un ISD muy similar al de los progenitores. Estos resultados sugieren que los progenitores que dieron origen a las progenies seleccionadas por medio de la matriz de selección, son progenitores que poseen muy buenos niveles de resistencia a esta enfermedad y que los cruzamientos realizados entre ellos han generado individuos (69,5%) que presentan un menor ISD que ellos mismos, lo cual reconfirma la importancia y el valor de estos parentales para ser tenidos en cuenta en el desarrollo de progenies con resistencia durable a *M. oryzae*. Para el caso de la heredabilidad basada en ISD del añublo en hoja, la situación es muy similar a la de cuello, por esto, los resultados obtenidos en ambos estados de la planta (hoja y cuello), permiten concluir básicamente lo mismo, aunque los porcentajes de progenies con ISD menores, mayores e iguales a los de los progenitores sean diferentes a los porcentajes obtenidos para cuello de panícula.

En los gráficos 3-3 y 3-4, los datos están dispersos, pero todos están dentro de los parámetros aceptados para resistencia, en hoja oscilan entre un rango de 3,8 y 4,8 de ISD y para cuello oscilan entre un rango de 1,7 y 3,6; esto considerando únicamente el eje de las Y que tiene en cuenta el ISD progenies; lo mismo se observa para el eje de las X, el cual tiene en cuenta el ISD para progenitores. Es de anotar que en las progenies de la generación F3 se observó mayor ISD, que en las de la F2, lo que refuerza la importancia de estos resultados, pues utilizado una matriz de selección que permita comparar el ISD de una progenie con respecto a la ISD de sus progenitores y apoyados en estudios de heredabilidad, se podrán identificar progenitores resistentes que verdaderamente hereden esa resistencia a sus progenies y al identificar esos progenitores, desarrollar programas de mejoramiento para resistencia a *M. oryzae* diseñando cruzamientos entre estos mismos, que

permitan una pirimidación de genes bien sea resistencia parcial como resistencia completa con el fin de obtener una resistencia durable.

**Figura 3-4.** Determinación de la heredabilidad padre-progenie de acuerdo al ISD del añublo (*M. oryzae*) en hoja generación F3



### 3.3.2 Ganancia genética

Se calculó la ganancia genética de la severidad del añublo en cuello y hoja con la fórmula propuesta por Reyes, (1985). Se espera que si hay ganancia genética el ISD, disminuya en las progenies tanto para el añublo en hoja como en cuello, comparándolo con el ISD de sus progenitores; si el valor de la ganancia genética es negativo teniendo en cuenta que el análisis se hace basado en ISD de la enfermedad, esto quiere decir que hay mayor ganancia genética para esta variable pues la enfermedad se deprime considerablemente

En cuanto a la ganancia genética en el ISD en cuello en la generación F3 se calculó con un  $K= 0,813$  y una heredabilidad de 3,96% dando como resultado una ganancia de -1,21%, indicando que entre los progenitores y las progenies F3 la severidad al añublo en cuello decreció en la generación F3. En términos de la ganancia genética con respecto a la severidad en hoja en la generación F3 se obtuvo un valor de 2,28 % que no es preocupante cuando se recuerda que la enfermedad tiene una mayor afectación en términos de cultivo en el cuello y que en hoja no sería un daño importante a ese nivel para la planta, como si los es el en cuello. Para determinar esta ganancia se utilizó un  $K=0,813$  y una heredabilidad de 6,48%

### 3.4 Progenitores seleccionados por resistencia al añublo del arroz (*M. oryzae*)

Una de las responsabilidades de los patólogos es la búsqueda del mejoramiento permanente de los métodos de selección, identificación y utilización de donantes con resistencia estable a las diferentes razas y biotipos de plagas (Vallejo y Estrada, 2002)

La resistencia horizontal es más difícil de evaluar y manipular, ya que no se expresa a un nivel confiable en las pruebas de plántulas y requiere técnicas especiales para la evaluación de plantas adultas directamente en campo, este trabajo ofrece una alternativa para lograr este propósito.

Las progenies seleccionadas tienen características de resistencia parcial porque tienen grados de severidad intermedios, como los grados de severidad del añublo en hoja (2y3) y los grados de severidad en cuello (3 y 5). Esta resistencia tiende a ser no específica, esto quiere decir que se espera que sea efectiva contra muchas razas del hongo. Esta resistencia puede ser consecuencia de la acumulación de genes de resistencia o por la combinación de una resistencia parcial y la resistencia completa en una misma progenie. En cuanto a los progenitores se observa en sus evaluaciones una diversidad de comportamientos progenitores susceptibles grados (7 y 8), Intermedios (3 y 4) y resistencia completa (1 y 2).

Al observar en las progenies los resultados de las evaluaciones de severidad del añublo en hoja y cuello y su relación con los progenitores estas progenies se pueden distribuir en tres grupos.1) origen CIAT, 2) origen RDFLAR, 3) Variedades comerciales. Al determinar la frecuencia de participación como progenitores de las 26 progenies seleccionadas se observo que el grupo progenitores CIAT presento una frecuencia de participación del 20%, los progenitores RDFLAR una frecuencia de 37% y las variedades comerciales participaron en un 42%. Las progenies que contaron con padres CIAT presentaron un nivel menor de severidad (2) en comparación con las evaluaciones de severidad de los progenitores (3). De este grupo de progenitores los que participaron más frecuentemente como padres fueron: CT13491-11-1-M-M-4 y CT10321-6-10-3P-1-1T-3P, estos progenitores como tal en sus evaluaciones presentaron características de resistencia parcial tanto en cuello como en hoja como se puede observar en la Tabla 3-9.

**Tabla 3-9.** Comparación de la severidad al añublo (*M. oryzae*) en progenies evaluadas con la severidad de progenitores origen CIAT

Progenitor	Severidad progenie													Severidad progenitor													
	Progenie	Moda	Mediana	RIC	ISD	DRE	hoja	hoja	hoja	hoja	hoja	hoja	hoja	Moda	Mediana	RIC	ISD	DRE	hoja	hoja	hoja	hoja	hoja	Moda	Mediana	RIC	ISD
CT11280-2-F4-12P-5	FSR2105	2	2	1	2,39	38%	3	3	2	2,92	47%	2	2	2	2,92	47%	2	2	1	2,5	32%	3	3	0	2,6	35%	
CT16464-M-10-1-M-M	FSR2112	2	2	0	2,04	37%	3	3	2	2,22	54%	2	2	1	2,1	31%	3	3	2	2,1	31%	3	3	2	2,4	44%	
CT13937-16-1-M-M-2	FSR2152	2	2	1	2,56	36%	3	3	2	2,64	52%	3	3	2	3,0	42%	3	3	2	3,0	42%	3	3	2	2,2	53%	
CT13937-16-1-M-M-2	FSR2221	2	2	1	2,43	40%	3	3	2	2,56	48%	3	3	2	3,0	42%	3	3	2	3,0	42%	3	3	2	2,2	53%	
CT13937-16-1-M-M-2	FSR2222	2	2	1	2,21	35%	3	3	2	2,31	49%	3	3	2	3,0	42%	3	3	2	3,0	42%	3	3	2	2,2	53%	
CT13449-M-8-2-M	FSR2155	2	2	1	2,22	34%	3	3	2	2,81	48%	2	2	1	2,5	25%	3	3	2	2,5	25%	3	3	2	2,6	44%	
CT13491-11-1-M-M-4	FSR2157	2	2	1	2,27	37%	3	3	2	2,82	50%	2	2	1	2,5	25%	3	3	2	2,5	25%	3	3	2	2,6	44%	
CT13491-11-1-M-M-4	FSR2163	2	2	1	2,60	32%	3	3	2	2,75	53%	2	2	1	2,5	25%	3	3	2	2,5	25%	3	3	2	2,6	44%	
CT13491-11-1-M-M-4	FSR2166	2	2	1	2,71	39%	3	3	2	2,56	47%	2	2	1	2,5	25%	3	3	2	2,5	25%	3	3	2	2,6	44%	
CT13491-11-1-M-M-4	FSR2169	2	2	1	2,34	34%	3	3	2	2,33	54%	2	2	1	2,5	25%	3	3	2	2,5	25%	3	3	2	2,6	44%	
CT13491-11-1-M-M-4	FSR2229	2	2	1	2,24	41%	3	3	2	2,56	52%	2	2	1	2,5	25%	3	3	2	2,5	25%	3	3	2	2,6	44%	
CT13491-11-1-M-M-4	FSR2259	2	2	1	2,18	37%	3	3	2	2,23	51%	2	2	1	2,5	25%	3	3	2	2,5	25%	3	3	2	2,6	44%	
CT10321-6-10-3P-1-1T-3P	FSR2244	3	3	1	2,71	29%	3	3	2	2,42	54%	3	3	1	2,7	25%	3	3	2	2,7	25%	3	3	2	3,4	49%	
CT10321-6-10-3P-1-1T-3P	FSR2098	2	2	1	2,40	34%	3	3	2	2,74	47%	3	3	1	2,7	25%	3	3	2	2,7	25%	3	3	2	3,4	49%	
CT10321-6-10-3P-1-1T-3P	FSR2105	2	2	1	2,39	38%	3	3	2	2,92	47%	3	3	1	2,7	25%	3	3	2	2,7	25%	3	3	2	3,4	49%	
CT10321-6-10-3P-1-1T-3P	FSR2112	2	2	0	2,04	37%	3	3	2	2,22	54%	3	3	1	2,7	25%	3	3	2	2,7	25%	3	3	2	3,4	49%	
CT10321-6-10-3P-1-1T-3P	FSR2141	2	3	2	2,83	38%	3	3	2	2,80	53%	3	3	1	2,7	25%	3	3	2	2,7	25%	3	3	2	3,4	49%	

Fuente: esta investigación

En el grupo de progenitores de origen RDFLAR se observa que el comportamiento de la severidad del añublo en hoja es similar entre las progenies y el progenitor encontrando, con excepción del progenitor FL00447-35P-4-2P-M que al observar sus progenies se evidencia un incremento en la severidad en hoja pasando de un grado 1 a un grado 3 sin llegar a ser susceptible.

Comparando la severidad del añublo en cuello se observó que los progenitores: FL02759-5P-4-2P-3P-M-1P-M-M, FL04652-7P-4-2P, FL04835-1P-12-2P, FL03233-5P-3-2P-1P-M-M FL03233-8P-6-2P-5P-M-M, FL02759-14P-6-2P-3P-M-1P-M-M, FL02759-16P-4-1P-3-M-1P-M-M, FL03191-4P-57-2P-3P-M-M, FL02764-3P-3-4P-1P-M-1P-M-M, FL02768-2P-6-4P-1P-M-1P-M-M, FL02768-18P-2-2P-1P-M-1P-M-M, FL02768-18P-2-2P-1P-M-1P-M-M presenta una severidad grado 1 (RV) mientras que las progenies incrementan su severidad a un grado 3 (RP), este incremento se debió posiblemente a la combinación de genes menores que dan este tipo de resistencia a sus progenies. Ver área sombreada tabla 3-10.

**Tabla 3-10.** Comparación de la severidad al añublo (M. onyzae) en progenies evaluadas con la severidad del añublo de progenitores FLAR RD

Progenitor	Progenie	Severidad progenie										Severidad progenitor									
		Moda hoja	Mediana hoja	RIC hoja	ISD hoja	DRE hoja	Moda cuello	Mediana cuello	RIC cuello	ISD cuello	DRE cuello	Moda hoja	Mediana hoja	RIC hoja	ISD hoja	DRE hoja	Moda cuello	Mediana cuello	RIC cuello	ISD cuello	DRE cuello
FL00535-21P-4-3P-M	FSR2170	2	2	1	2,20	38%	3	3	2	2,18	55%	2	2	0	2,0	31%	3	3	2	2,4	37%
FL00535-21P-4-3P-M	FSR2175	2	2	0	2,11	32%	3	3	2	2,17	53%	2	2	0	2,0	31%	3	3	2	2,4	37%
FL00535-21P-4-3P-M	FSR2176	2	2	1	2,25	36%	3	3	2	2,37	52%	2	2	0	2,0	31%	3	3	2	2,4	37%
FL00535-21P-4-3P-M	FSR2155	2	2	1	2,22	34%	3	3	2	2,81	48%	2	2	0	2,0	31%	3	3	2	2,4	37%
FL00535-21P-4-3P-M	FSR2244	3	3	1	2,71	29%	3	3	2	2,42	54%	2	2	0	2,0	31%	3	3	2	2,4	37%
FL02759-5P-4-2P-3P-M-1P-M-M	FSR2098	2	2	1	2,40	34%	3	3	2	2,74	47%	2	2	2	2,3	49%	1	1	2	1,8	66%
FL02759-5P-4-2P-3P-M-1P-M-M	FSR2105	2	2	1	2,39	38%	3	3	2	2,92	47%	2	2	2	2,3	49%	1	1	2	1,8	66%
FL02759-5P-4-2P-3P-M-1P-M-M	FSR2163	2	2	1	2,60	32%	3	3	2	2,75	53%	2	2	2	2,3	49%	1	1	2	1,8	66%
FL00509-1P-6-1P	FSR2107	3	3	1	2,65	36%	3	3	2	2,67	54%	3	3	1	2,9	37%	3	3	2	2,5	58%
FL00509-1P-6-1P	FSR2141	2	3	2	2,83	38%	3	3	2	2,80	53%	3	3	1	2,9	37%	3	3	2	2,5	58%
FL00509-1P-6-1P	FSR2166	2	2	1	2,71	39%	3	3	2	2,56	47%	3	3	1	2,9	37%	3	3	2	2,5	58%
FL00509-1P-6-1P	FSR2274	2	2	1	2,52	41%	3	3	2	2,54	51%	3	3	1	2,9	37%	3	3	2	2,5	58%
FL04652-7P-4-2P	FSR2112	2	2	0	2,04	37%	3	3	2	2,22	54%	2	2	2	2,0	43%	1	1	2	1,5	58%
FL02082-2P-6-1P-3-M-1P-M-M	FSR2119	2	2	1	2,45	33%	3	3	2	2,69	48%	2	2	0	1,9	29%	3	3	2	2,1	51%
FL04835-1P-12-2P	FSR2123	2	2	1	2,35	39%	3	3	2	2,21	55%	2	2	1	2,4	33%	1	1	0	1,4	57%
FL04835-1P-12-2P	FSR2129	2	2	1	2,39	39%	3	3	2	2,18	51%	2	2	1	2,4	33%	1	1	0	1,4	57%
FL03233-5P-3-2P-1P-M-M	FSR2133	2	3	1	2,61	30%	3	3	2	2,43	53%	3	3	1	2,6	21%	1	1	0	1,3	56%
FL03233-5P-3-2P-1P-M-M	FSR2144	2	2	1	2,38	35%	3	3	2	2,68	54%	3	3	1	2,6	21%	1	1	0	1,3	56%
FL03233-8P-6-2P-5P-M-M	FSR2152	2	2	1	2,56	36%	3	3	2	2,64	52%	2	3	1	2,7	26%	1	1	2	1,9	63%
FL03233-8P-6-2P-5P-M-M	FSR2163	2	2	1	2,60	32%	3	3	2	2,75	53%	2	3	1	2,7	26%	1	1	2	1,9	63%
FL02759-14P-6-2P-3P-M-1P-M-M	FSR2155	2	2	1	2,22	34%	3	3	2	2,81	48%	2	2	0	2,0	28%	1	1	2	1,9	53%
FL02759-16P-4-1P-3-M-1P-M-M	FSR2157	2	2	1	2,27	37%	3	3	2	2,82	50%	2	2	1	1,9	42%	1	1	2	2,0	66%
FL02759-16P-4-1P-3-M-1P-M-M	FSR2170	2	2	1	2,20	38%	3	3	2	2,18	55%	2	2	1	1,9	42%	1	1	2	2,0	66%
FL03191-4P-57-2P-3P-M-M	FSR2169	2	2	1	2,34	34%	3	3	2	2,33	54%	2	2	1	1,8	39%	1	1	0	1,3	56%
FL03191-4P-57-2P-3P-M-M	FSR2244	3	3	1	2,71	29%	3	3	2	2,42	54%	2	2	1	1,8	39%	1	1	0	1,3	56%
FL02764-3P-3-4P-1P-M-1P-M-M	FSR2175	2	2	0	2,11	32%	3	3	2	2,17	53%	2	2	1	2,2	36%	1	1	0	1,5	58%
FL02768-2P-6-4P-1P-M-1P-M-M	FSR2176	2	2	1	2,25	36%	3	3	2	2,37	52%	2	2	1	1,8	26%	1	1	2	1,9	52%
FL02768-2P-6-4P-1P-M-1P-M-M	FSR2221	2	2	1	2,43	40%	3	3	2	2,56	48%	2	2	1	1,8	26%	1	1	2	1,9	52%
FL02768-2P-6-4P-1P-M-1P-M-M	FSR2229	2	2	1	2,24	41%	3	3	2	2,56	52%	2	2	1	1,8	26%	1	1	2	1,9	52%
FL02768-18P-2-2P-1P-M-1P-M-M	FSR2222	2	2	1	2,21	35%	3	3	2	2,31	49%	2	2	1	1,9	37%	1	1	2	2,0	54%
FL02768-18P-2-2P-1P-M-1P-M-M	FSR2259	2	2	1	2,18	37%	3	3	2	2,23	51%	2	2	1	1,9	37%	1	1	2	2,0	54%
FL00447-35P-4-2P-M	FSR2107	3	3	1	2,65	36%	3	3	2	2,67	54%	1	1	0	1,1	33%	3	3	2	2,1	53%
FL00542-45P-8-2P-M	FSR2141	2	3	2	2,83	38%	3	3	2	2,80	53%	2	3	2	3,2	34%	3	3	2	2,6	53%
FL00585-26P-1-2P-M	FSR2144	2	2	1	2,38	35%	3	3	2	2,68	54%	2	3	2	3,2	34%	3	3	2	2,6	53%
FL00585-26P-1-2P-M	FSR2163	2	2	1	2,60	32%	3	3	2	2,75	53%	2	3	2	3,2	34%	3	3	2	2,6	53%

Fuente: esta investigación

En el tercer grupo de variedades comerciales se puede observar que variedades como Oryzica 1, Oryzica 2, Selecta 3-20 y Fedearroz 2000 presentan severidad al añublo en hoja en grados intermedios (3 y 4) a altos (7 y 8). Lo destacable de este grupo es que las progenies generadas por estos progenitores presentan grados intermedios (3) de severidad en hoja con características de RP. En el caso de severidad en cuello se observó un comportamiento similar en las progenies observando una reducción en la severidad del grado 5 al grado 3. Las progenies que cuenta con padres como las variedades Oryzica 1 y Selecta 3-20 presentaron una reducción en la severidad del añublo en hoja pasando de grado 4 a grado 3 y en cuanto a añublo en cuello se redujo del grado 5 a 3.

Dentro de las variedades comerciales se observa Tres marías con severidad grado 1, asociado a (RV), esta variedad está relacionada con genes mayores que ofrecen resistencia amplia contra todas las razas fisiológicas del patógeno. En general, la RV conferida por los genes mayores presenta resistencia para uno o para pocos patotipos del hongo y no es durable. Al observar su relación con la progenie FSR2133, podemos observar que se incrementa el grado de severidad a 3 (RP) tanto en hoja como en cuello es posible que esta resistencia este siendo conferida por la combinación de genes menores, QTLs de otros progenitores. (Guimaraes, 1997, Lopez-Genera, 200) La progenie FSR2133 que tiene como padres la variedad Tres marías y Fedearroz 50 podría posiblemente tener resistencia completa y resistencia parcial y se estarían complementando, al igual que sucede con IRAT 13, (Guimaraes, 1997, Correa y Martinez, 2009). Tabla 3-11

Otro de los progenitores analizados fue IRAT 13, es conocido y utilizado como testigo de alta resistencia parcial natural en los programas de mejoramiento brasileros, presenta resistencia parcial en hoja (Prabhu *et al.*, 1996), esta resistencia parcial ha sido determinada en estudios previos bajo condiciones controladas de invernadero.

En este trabajo el comportamiento de la variedad IRAT 13 en severidad al añublo concuerda con la apreciación anterior mostrando RV en cuello grado 1 y RP en hoja (2). Al observar sus progenies se observa un incremento de grado 1 a grado 3, esto



posiblemente se deba a que sus progenies heredan la RP que posee esta variedad y no la RV presente en esta misma. (Tabla 3-11)

Del grupo de progenitores conformado por variedades comerciales, se puede destacar la cantidad de información disponible en cuanto a los genes de resistencia presentes en cada una de ellas. De acuerdo a esto se puede referir las siguientes apreciaciones: la variedad Oryzica 1 en sus progenies presenta reducción en su severidad tanto en hoja como cuello. Dentro de las características de algunos de los progenitores se observa según CIAT, 2009 que el progenitor CT16464-M-10-1-M-M Pi-11 cuenta con el gen de Resistencia Pi-b, la variedad FEDEARROZ 50 cuenta con ocho genes de resistencia: Pi-2\*, Pi-11, Pi-z, Pi-zt, Pi-ta2, Pi-sh, Pi-k, Pi-b,. La variedad SELECTA 3-20 posee los genes de resistencia Pi-11, Pi-kh, Pi-k, Pi-km, la línea RD FL03233-5P-3-2P-1P-M-M cuenta con ocho genes de resistencia Pi-2\*, Pi-11, Pi-z, Pi-zt, Pi-ta2, Pi-sh, Pi-k, Pi-b, la variedad Oryzica 2, posee siete los genes de resistencia Pi-1, Pi-2, Pi-ta2, Pi-sh, Pi-kh Pi-k, Pi-b, la línea RD FL00871-1P-3-1P-M, cuenta con siete genes de resistencia Pi-2\*, Pi-11, Pi-z, Pi-zt, Pi-ta2, Pi-sh, Pi-k, Pi-b.

Por lo tanto la utilización de estos progenitores en el programa de mejoramiento en diversas combinaciones puede lograr la obtención de progenies con resistencia parcial y durable. En cuanto a las progenies seleccionadas se observó que mediante la combinación genética de sus progenitores se logró obtener posibles progenitores como fuentes potenciales de resistencia parcial y vertical a *M. oryzae*.



## 4. Conclusiones y recomendaciones

### 4.1 Conclusiones

- Se seleccionaron las progenies mediante una matriz mixta de variables continuas y discretas fueron: FSR2098, FSR2105, FSR2107, FSR2112, FSR2119, FSR2123, FSR2129, FSR2133, FSR2141, FSR2144, FSR2152, FSR2155, FSR2157, FSR2163, FSR2166, FSR2169, FSR2170, FSR2175, FSR2176, FSR2221, FSR2222, FSR2229, FSR2244, FSR2259, FSR2263, FSR2274. Los valores de severidad promedio de estas progenies es el grado 3 de acuerdo a la escala del IRRI (2002), que es deseable como indicador de resistencia parcial
- Se seleccionaron 26 progenies con aproximaciones a la resistencia parcial en búsqueda de una resistencia durable, porque los criterios usados en el desarrollo de este trabajo (Grados e índices de severidad intermedios, DRE) se enfocaron a buscar niveles bajos de enfermedad, con una distribución predeterminada, ya que la evaluación de la RP es complicada, debido a la coexistencia de RP y RV en el mismo cultivar.
- La metodología propuesta para evaluar la resistencia parcial se valida porque conserva los valores originales de la escala y mide la dispersión de estos de manera estricta y reflejando con esto los valores de severidad del añublo en hoja y cuello, induciendo a una presión apropiada de la enfermedad que permite distinguir los segregantes horizontalmente resistentes; siendo coherente con las afirmaciones de Jennings, *et al.*, (1981) donde de 128 progenies se seleccionaron 26 y estos muestran características de resistencia horizontal debido a sus grados de severidad intermedios

- Se seleccionaron en función de la reacción de 26 progenies al añublo del arroz los siguientes progenitores: CICA 8, CNAX5013-13-2-2-4-B, CT10321-6-10-3P-1-1T-3P, CT11280-2-F4-12P-5, CT13449-M-8-2-M, CT13491-11-1-M-M-4, CT13937-16-1-M-M-2, CT16464-M-10-1-M-M, FEDEARROZ 2000 FEDEARROZ 50 FL00447-35P-4-2P-M FL00509-1P-6-1P FL00535-21P-4-3P-M FL00542-45P-8-2P-M FL02082-2P-6-1P-3-M-1P-M-M FL02759-14P-6-2P-3P-M-1P-M-M FL02759-16P-4-1P-3-M-1P-M-M FL02759-5P-4-2P-3P-M-1P-M-M, FL02764-3P-3-4P-1P-M-1P-M-M FL02768-18P-2-2P-1P-M-1P-M-M FL02768-2P-6-4P-1P-M-1P-M-M FL03191-4P-57-2P-3P-M-M FL03233-5P-3-2P-1P-M-M, FL03233-8P-6-2P-5P-M-M, FL04652-7P-4-2P, FL04835-1P-12-2P, IRAT 13, ORYZICA 1, ORYZICA 2, SELECTA 3-20, TRES MARIAS.
- A partir de progenitores susceptibles como Fedearroz 2000, se obtienen progenies con valores de severidad que tienden a la resistencia parcial posiblemente por la presión de selección o la posible combinación de genes menores
- Se determinó la heredabilidad en sentido estricto mediante la regresión padre-progenie, esta fue determinada en los datos del ISD del Añublo en hoja y cuello y como resultado se encontró una heredabilidad en Cuello de 3,96% y 6,48% en el ISD en hoja. Igualmente se determinó la ganancia genética en el ISD que fue para añublo en cuello -1.21% y 2,28% para añublo en hoja.

## 4.2 Recomendaciones

- Para corroborar la relación con la resistencia parcial y duradera en las progenies se deben llevar a generaciones avanzadas, exponiéndolas a una presión alta del patógeno y diferentes localidades
- La variable moda para la severidad del añublo en cuello presento como frecuencia principal el grado tres, con 71,9% valor y correlacionado con la determinación de la resistencia Parcial (RP), el grado 1 presento un 27,3% porcentaje valido para RV, en total los grados 1 y 3 acumulan el 99,2% de todas las progenies estudiadas. En general, los grados bajos de infección representan resistencia especifica, o sea, RV (1 y 2) y los grados más altos de infección indican resistencia no especifica (4 a 9), lo cual ha sido

logrado bajo este ambiente de evaluación, por lo cual serían interesantes evaluaciones posteriores en diversos ambientes para lograr mayor solidez y consistencia en programas de patología y mejoramiento de arroz .

- En la evaluación de la severidad en hoja, la más alta frecuencia de la moda es dos con un 82.0%, el grado tres con un 14.1% y el grado cuatro con un 3,9%. Esto nos indica que solamente el 18% de los datos son el objetivo para búsqueda de una resistencia parcial y el mayor porcentaje tiene una aproximación a la resistencia vertical en hoja a la enfermedad. La mediana tiene un porcentaje de 71, 1 y para la escala de grado tres el valor de 24,3% confirma que la resistencia en hoja de estas progenies es alta, considerando con esto la necesidad de generar mayor planificación en programas de mejoramiento y ajustes en tamaño de poblaciones con estos parámetros de selección.
- Se recomienda utilizar los criterios de selección de la matriz planteada en este trabajo para seleccionar progenitores con resistencia a *Magnaphorte oryzae*, enfocándose a la búsqueda de resistencia parcial y duradera en generaciones tempranas.



## Anexos:

### A. Anexo: Progenitores de los cruces triples utilizados para el estudio

GENO TIPO	CRUCE TRIPLE	
	PROGENITOR FEMENINO	PROGENITOR MASCULINO
FSR20 94	( CT11280-2-F4-12P-5	x ORYZICA 1 )
FSR20 95	( CT11280-2-F4-12P-5	x ORYZICA 1 )
FSR20 98	( CNAX5013-13-2-2-4-B	x FEDEARROZ 2000 )
FSR20 99	( CNAX5013-13-2-2-4-B	x FEDEARROZ 2000 )
FSR21 01	( CT16464-M-10-1-M-M	x ORYZICA 1 )
FSR21 03	( FL00447-35P-4-2P-M	x FEDEARROZ 2000 )
FSR21 04	( CT11280-2-F4-12P-5	x FEDEARROZ 2000 )
FSR21 05	( CT11280-2-F4-12P-5	x FEDEARROZ 2000 )
FSR21 06	( CT11280-2-F4-12P-5	x FEDEARROZ 2000 )
FSR21 07	( FL00447-35P-4-2P-M	x ORYZICA 1 )
FSR21 09	( CT16464-M-10-1-M-M	x FEDEARROZ 2000 )
FSR21 10	( CT16464-M-10-1-M-M	x FEDEARROZ 2000 )
FSR21 11	( CT16464-M-10-1-M-M	x FEDEARROZ 2000 )
FSR21 12	( CT16464-M-10-1-M-M	x FEDEARROZ 2000 )
FSR21 13	( CNAX5013-13-2-2-4-B	x ORYZICA 1 )
FSR21 14	( CNAX5013-13-2-2-4-B	x ORYZICA 1 )
FSR21 15	( FL00518-23P-11-2P-M	x ORYZICA 1 )
FSR21	( FL00542-45P-8-2P-M	x ORYZICA 2 )

16			1P-M-M
FSR21			FL03233-5P-3-2P-1P-
17	( FL00542-45P-8-2P-M	x ORYZICA 2	) M-M
FSR21			FL02082-2P-6-1P-3-M-
19	( IRAT 13	x FEDEARROZ 50	) 1P-M-M
FSR21			FL02759-16P-4-1P-3-M-
20	( IRAT 13	x FEDEARROZ 50	) 1P-M-M
FSR21			FL02764-3P-3-4P-1P-
21	( IRAT 13	x FEDEARROZ 50	) M-1P-M-M
FSR21			
23	( IRAT 13	x FEDEARROZ 50	) FL04835-1P-12-2P
FSR21			FL02768-2P-6-4P-1P-
24	( IRAT 13	x SELECTA 3-20	) M-1P-M-M
FSR21			FL03232-30P-8-1P-1P-
25	( IRAT 13	x SELECTA 3-20	) M-M
FSR21			
27	( IRAT 13	x SELECTA 3-20	) FL00509-1P-6-1P
FSR21			
28	( IRAT 13	x SELECTA 3-20	) FL00509-1P-6-1P
FSR21			
29	( IRAT 13	x SELECTA 3-20	) FL04835-1P-12-2P
FSR21			
32	( FL00518-23P-11-2P-M	x FEDEARROZ 50	) FL00509-1P-6-1P
FSR21			FL03233-5P-3-2P-1P-
33	( TRES MARIAS	x FEDEARROZ 50	) M-M
FSR21			FL02759-16P-4-1P-3-M-
34	( TRES MARIAS	x ORYZICA 1	) 1P-M-M
FSR21			
36	( TRES MARIAS	x ORYZICA 1	) FL00509-1P-6-1P
FSR21			
38	( IRAT 13	x ORYZICA 1	) FL00509-1P-6-1P
FSR21			FL02764-3P-3-4P-1P-
39	( FL00542-45P-8-2P-M	x SELECTA 3-20	) M-1P-M-M
FSR21			FL02759-5P-4-2P-3P-
40	( FL00542-45P-8-2P-M	x FEDEARROZ 2000	) M-1P-M-M
FSR21			
41	( FL00542-45P-8-2P-M	x FEDEARROZ 2000	) FL00509-1P-6-1P
FSR21			
42	( FL00542-45P-8-2P-M	x FEDEARROZ 2000	) FL00509-1P-6-1P
FSR21			FL03233-5P-3-2P-1P-
44	( FL00585-26P-1-2P-M	x FEDEARROZ 50	) M-M
FSR21			FL03233-8P-6-2P-5P-
45	( FL00585-26P-1-2P-M	x FEDEARROZ 50	) M-M
FSR21			FL03233-8P-6-2P-5P-
47	( FL00535-21P-4-3P-M	x SELECTA 3-20	) M-M
FSR21			
49	( FL00535-21P-4-3P-M	x SELECTA 3-20	) FL00509-1P-6-1P
FSR21			FL02764-3P-3-4P-1P-
50	( CT13937-16-1-M-M-2	x FEDEARROZ 50	) M-1P-M-M



FSR21				FL02768-2P-6-4P-1P-
51	( CT13937-16-1-M-M-2	x FEDEARROZ 50	)	M-1P-M-M
FSR21				FL03233-8P-6-2P-5P-
52	( CT13937-16-1-M-M-2	x FEDEARROZ 50	)	M-M
FSR21				
54	( CT13937-16-1-M-M-2	x FEDEARROZ 50	)	FL04652-7P-4-2P
FSR21				FL02759-14P-6-2P-3P-
55	( CT13449-M-8-2-M	x FEDEARROZ 2000	)	M-1P-M-M
FSR21				
56	( CT13449-M-8-2-M	x FEDEARROZ 2000	)	FL00509-1P-6-1P
FSR21				FL02759-16P-4-1P-3-M-
57	( CT13491-11-1-M-M-4	x ORYZICA 2	)	1P-M-M
FSR21				FL02764-3P-3-4P-2P-
59	( CT13491-11-1-M-M-4	x ORYZICA 2	)	M-1P-M-M
FSR21				FL02768-2P-6-4P-1P-
60	( CT13491-11-1-M-M-4	x ORYZICA 2	)	M-1P-M-M
FSR21				FL03232-30P-8-1P-1P-
61	( CT13491-11-1-M-M-4	x ORYZICA 2	)	M-M
FSR21				FL03233-8P-6-2P-5P-
63	( CT13491-11-1-M-M-4	x ORYZICA 2	)	M-M
FSR21				
66	( CT13491-11-1-M-M-4	x ORYZICA 2	)	FL00509-1P-6-1P
FSR21				FL02759-16P-4-1P-3-M-
67	( FL00535-21P-4-3P-M	x FEDEARROZ 50	)	1P-M-M
FSR21				FL02764-3P-3-4P-2P-
68	( CT13491-11-1-M-M-4	x ORYZICA 1	)	M-1P-M-M
FSR21				FL03191-4P-57-2P-3P-
69	( CT13491-11-1-M-M-4	x ORYZICA 1	)	M-M
FSR21				FL02759-16P-4-1P-3-M-
70	( FL00535-21P-4-3P-M	x ORYZICA 2	)	1P-M-M
FSR21				FL02764-3P-3-4P-1P-
71	( FL00535-21P-4-3P-M	x ORYZICA 2	)	M-1P-M-M
FSR21				FL02768-2P-6-4P-1P-
72	( FL00535-21P-4-3P-M	x ORYZICA 2	)	M-1P-M-M
FSR21				
74	( FL00535-21P-4-3P-M	x ORYZICA 2	)	FL00509-1P-6-1P
FSR21				FL02764-3P-3-4P-1P-
75	( FL00535-21P-4-3P-M	x ORYZICA 1	)	M-1P-M-M
FSR21				FL02768-2P-6-4P-1P-
76	( FL00535-21P-4-3P-M	x ORYZICA 1	)	M-1P-M-M
FSR21				FL02082-2P-6-1P-3-M-
77	( FL00585-26P-1-2P-M	x FEDEARROZ 2000	)	1P-M-M
FSR21				FL02764-3P-3-4P-2P-
78	( FL00585-26P-1-2P-M	x FEDEARROZ 2000	)	M-1P-M-M
FSR21				FL03191-4P-57-2P-3P-
79	( FL00585-26P-1-2P-M	x FEDEARROZ 2000	)	M-M
FSR21				FL03232-30P-8-1P-1P-
80	( FL00585-26P-1-2P-M	x FEDEARROZ 2000	)	M-M
FSR21				FL03233-8P-6-2P-5P-
81	( FL00585-26P-1-2P-M	x FEDEARROZ 2000	)	M-M

FSR21	82	( FL00585-26P-1-2P-M	x FEDEARROZ 2000	) FL04652-7P-4-2P
FSR21	84	( FL00585-26P-1-2P-M	x ORYZICA 2	) FL02764-3P-3-4P-1P-
FSR21	85	( CT16464-M-10-1-M-M	x ORYZICA 2	) M-1P-M-M
FSR21	88	( CT11280-2-F4-12P-5	x FEDEARROZ 50	) FL02759-5P-4-2P-3P-
FSR21	94	( CT16464-M-10-1-M-M	x CICA 8	) M-1P-M-M
FSR21	95	( CT16464-M-10-1-M-M	x CICA 8	) FL04835-1P-12-2P
FSR21	96	( FL00518-23P-11-2P-M	x ORYZICA 2	) FL02082-2P-6-1P-3-M-
FSR22	05	CT10321-6-10-3P-1-1T-	x FEDEARROZ 50	) 1P-M-M
FSR22	06	( 3P	x FEDEARROZ 50	) FL02084-2P-3-2P-2-M-
FSR22	07	CT10321-6-10-3P-1-1T-	x FEDEARROZ 50	) 1P-M-M
FSR22	08	( 3P	x FEDEARROZ 50	) FL00509-1P-6-1P
FSR22	09	CT10321-6-10-3P-1-1T-	x FEDEARROZ 50	) FL02764-3P-3-4P-1P-
FSR22	10	( 3P	x FEDEARROZ 50	) M-1P-M-M
FSR22	12	( FL00871-1P-3-1P-M	x ORYZICA 1	) M-1P-M-M
FSR22	13	( FL00871-1P-3-1P-M	x ORYZICA 1	) FL02764-3P-3-4P-2P-
FSR22	14	( FL00871-1P-3-1P-M	x ORYZICA 1	) M-1P-M-M
FSR22	16	( FL00871-1P-3-1P-M	x ORYZICA 1	) FL02768-18P-2-2P-1P-
FSR22	17	( 3P	x FEDEARROZ 50	) M-1P-M-M
FSR22	18	CT10321-6-10-3P-1-1T-	x FEDEARROZ 50	) FL03191-4P-57-2P-3P-
FSR22	19	( 3P	x FEDEARROZ 50	) M-M
FSR22	21	( CT13937-16-1-M-M-2	x ORYZICA 2	) FL03232-30P-8-1P-1P-
FSR22	22	( CT13937-16-1-M-M-2	x ORYZICA 2	) M-M
FSR22	23	( 3P	x FEDEARROZ 50	) FL03233-8P-6-2P-5P-
FSR22	25	( CT11369-1-F4-17P-4P	x ORYZICA 2	) M-M
FSR22		( CT13491-11-1-M-M-4	x SELECTA 3-20	) FL02768-2P-6-4P-1P-
				) M-1P-M-M
				) FL02768-18P-2-2P-1P-
				) M-1P-M-M
				) FL03232-30P-8-1P-1P-
				) M-M
				) FL00509-1P-6-1P
				) FL03232-30P-8-1P-1P-
				) M-M
				) FL03233-5P-3-2P-1P-
				) M-M
				) FL03233-8P-6-2P-5P-
				) M-M
				) FL02768-2P-6-4P-1P-
				) M-1P-M-M
				) FL02768-18P-2-2P-1P-
				) M-1P-M-M
				) FL00509-1P-6-1P
				) FL02768-2P-6-4P-1P-
				) M-1P-M-M
				) FL02759-16P-4-1P-3-M-

28			1P-M-M
FSR22			FL02768-2P-6-4P-1P-
29	( CT13491-11-1-M-M-4	x SELECTA 3-20	) M-1P-M-M
FSR22			
35	( CT13491-11-1-M-M-4	x SELECTA 3-20	) FL00509-1P-6-1P
FSR22			
36	( CT13491-11-1-M-M-4	x SELECTA 3-20	) FL04652-7P-4-2P
FSR22			
38	( CT13937-16-1-M-M-2	x FEDEARROZ 2000	) FL00509-1P-6-1P
FSR22			
39	( CT13937-16-1-M-M-2	x FEDEARROZ 2000	) FL04652-7P-4-2P
FSR22			FL02082-2P-6-1P-3-M-
40	( CT13937-16-1-M-M-2	x CICA 8	) 1P-M-M
FSR22			FL02084-2P-3-2P-2-M-
41	( CT13937-16-1-M-M-2	x CICA 8	) 1P-M-M
FSR22	CT10321-6-10-3P-1-1T-		FL02084-2P-3-2P-2-M-
42	( 3P	x FEDEARROZ 2000	) 1P-M-M
FSR22	CT10321-6-10-3P-1-1T-		FL02759-16P-4-1P-3-M-
43	( 3P	x FEDEARROZ 2000	) 1P-M-M
FSR22	CT10321-6-10-3P-1-1T-		FL03191-4P-57-2P-3P-
44	( 3P	x FEDEARROZ 2000	) M-M
FSR22	CT10321-6-10-3P-1-1T-		FL03233-8P-6-2P-5P-
47	( 3P	x FEDEARROZ 2000	) M-M
FSR22			
49	( FL00871-1P-3-1P-M	x FEDEARROZ 50	) FL00509-1P-6-1P
FSR22			FL02759-16P-4-1P-3-M-
50	( CT16464-M-10-1-M-M	x FEDEARROZ 50	) 1P-M-M
FSR22			FL02764-3P-3-4P-1P-
51	( CT16464-M-10-1-M-M	x FEDEARROZ 50	) M-1P-M-M
FSR22			FL02768-2P-6-4P-1P-
52	( CT16464-M-10-1-M-M	x FEDEARROZ 50	) M-1P-M-M
FSR22			FL02768-18P-2-2P-1P-
53	( CT16464-M-10-1-M-M	x FEDEARROZ 50	) M-1P-M-M
FSR22			FL03232-30P-8-1P-1P-
54	( CT16464-M-10-1-M-M	x FEDEARROZ 50	) M-M
FSR22			
55	( CT16464-M-10-1-M-M	x FEDEARROZ 50	) FL04652-7P-4-2P
FSR22			FL02082-2P-6-1P-3-M-
56	( CT13491-11-1-M-M-4	x CICA 8	) 1P-M-M
FSR22			FL02759-16P-4-1P-3-M-
57	( CT13491-11-1-M-M-4	x CICA 8	) 1P-M-M
FSR22			FL02764-3P-3-4P-1P-
58	( CT13491-11-1-M-M-4	x CICA 8	) M-1P-M-M
FSR22			FL02768-18P-2-2P-1P-
59	( CT13491-11-1-M-M-4	x CICA 8	) M-1P-M-M
FSR22			
60	( CT13491-11-1-M-M-4	x CICA 8	) FL04652-7P-4-2P
FSR22			
61	( CT13491-11-1-M-M-4	x CICA 8	) FL04835-1P-12-2P

<b>PROGENITOR FEMENINO</b>		<b>PROGENITOR MASCULINO</b>	
FSR22 62	FL02759-5P-4-2P-3P- ( M-1P-M-M	x	FL00447-35P-4- 2P-M ) FEDEARROZ 2000
FSR22 63	FL02759-5P-4-2P-3P- ( M-1P-M-M	x	FL00447-35P-4- 2P-M ) ORYZICA 1
FSR22 64	FL02759-16P-4-1P-3- ( M-1P-M-M	x	CT16464-M-10- 1-M-M ) ORYZICA 1
FSR22 65	FL02759-16P-4-1P-3- ( M-1P-M-M	x	FL00447-35P-4- 2P-M ) FEDEARROZ 2000
FSR22 66	FL02768-2P-6-4P-1P- ( M-1P-M-M	x	CT11280-2-F4- 12P-5 ) FEDEARROZ 2000
FSR22 68	( IR70820-69-B-1B-21P	x	FL00518-23P- 11-2P-M ) FEDEARROZ 50
FSR22 69	( IR70820-69-B-1B-21P	x	CT16464-M-10- 1-M-M ) FEDEARROZ 2000
FSR22 70	( IR70820-69-B-1B-21P	x	CT11275-3-F4- 8P-2 ) SELECTA 3-20
FSR22 72	( FL00509-1P-6-1P	x	FL00535-21P-4- 3P-M ) FEDEARROZ 2000
FSR22 73	( FL00509-1P-6-1P	x	CT11275-3-F4- 8P-2 ) FEDEARROZ 50
FSR22 74	( FL00509-1P-6-1P	x	CNAX5013-13-2- 2-4-B ) ORYZICA 2
FSR22 76	( CT16464-M-10-1-M-M	x	TAILANDIA 3 ) FL00509-1P-6-1P

**B.Anexo:** Escala para evaluar añublo en hojas según el tipo de lesión y porcentaje de AFA

Grado	Sintomatología
0	Ninguna lesión
1	Lesiones pardas pequeñas del tamaño de un alfiler o grandes sin centro esporulativo AFA menor 1%
2	Pequeñas lesiones redondeadas a ligeramente elongadas, manchas necróticas grises, cerca de 1-2 mm de diámetro con margen pardusco AFA 1-2%
3	Lesiones tipo parecidas a 2, pero un número significativo están sobre las hojas superiores, El tipo de lesiones es la misma como en la escala 2, pero un significativo número de lesiones están sobre las hojas superiores. AFA 2-3 %
4	Lesiones típicamente susceptibles de 3 mm o más, porcentaje menor del 4% de área foliar afectada
5	Lesiones típicas AFA 4-10%
6	Lesiones típicas AFA 11-25%
7	Lesiones típicas AFA 26-50%
8	Lesiones típicas AFA 51-71% Muchas hojas muertas
9	Más del 75% de AFA

Fuente: IRRI, 2002

**C.Anexo:** Escala de evaluación severidad del añublo en la panícula (basada en los síntomas)

Grado	Sintomatología
0	Lesiones no visibles o lesiones sobre algunos pocos pedicelos
1	Lesiones sobre varios pedicelos o raquis secundarios
3	lesiones en algunas ramas primarias o la parte media del eje de la panícula
5	Lesión alrededor de la base (nudo) o del entrenudo superior o la parte inferior del eje de la panícula cerca del cuello
7	Lesiones completamente alrededor de la base de la panícula o internudos superiores del eje de la panícula o cerca de la base con más de 30% de los granos llenos
9	Lesión completamente alrededor de base de la panícula o entrenudo superior o el eje de la panícula cerca de la base con menos de 30% de los granos llenos.
Fuente: IRRI, 2002	

**D.Anexo.** Correlación de las variables de evaluación de la severidad del añublo (*M. oryzae*) de hoja y cuello

			ISD cuello	DRE cuello	%resistencia cuello	ISD hoja	DRE hoja	% resistencia hoja
<b>Tau_b de Kendall</b>	<b>ISD cuello</b>	<b>Coeficiente de correlación</b>	1.000	-.572(**)	-.808(**)	.384(**)	-.008	-.377(**)
		<b>Sig. (bilateral)</b>	.	.000	.000	.000	.900	.000
		<b>N</b>	128	128	128	128	128	128
	<b>DRE cuello</b>	<b>Coeficiente de correlación</b>	.572(**)	1.000	.385(**)	-.290(**)	.029	.303(**)
		<b>Sig. (bilateral)</b>	.000	.	.000	.000	.623	.000
		<b>N</b>	128	128	128	128	128	128
	<b>% resistencia cuello</b>	<b>Coeficiente de correlación</b>	.808(**)	.385(**)	1.000	-.372(**)	-.006	.361(**)
		<b>Sig. (bilateral)</b>	.000	.000	.	.000	.925	.000
		<b>N</b>	128	128	128	128	128	128
	<b>ISD hoja</b>	<b>Coeficiente de correlación</b>	.384(**)	-.290(**)	-.372(**)	1.000	-.052	-.811(**)
		<b>Sig. (bilateral)</b>	.000	.000	.000	.	.385	.000
		<b>N</b>	128	128	128	128	128	128
	<b>DRE hoja</b>	<b>Coeficiente de correlación</b>	-.008	.029	-.006	-.052	1.000	-.111
		<b>Sig. (bilateral)</b>	.900	.623	.925	.385	.	.063
		<b>N</b>	128	128	128	128	128	128
	<b>% resistencia hoja</b>	<b>Coeficiente de correlación</b>	-.377(**)	.303(**)	.361(**)	-.811(**)	-.111	1.000
		<b>Sig. (bilateral)</b>	.000	.000	.000	.000	.063	.
		<b>N</b>	128	128	128	128	128	128
<b>Rho de Spearman</b>	<b>ISD cuello</b>	<b>Coeficiente de correlación</b>	1.000	-.770(**)	-.942(**)	.546(**)	-.011	-.539(**)
		<b>Sig. (bilateral)</b>	.	.000	.000	.000	.902	.000
		<b>N</b>	128	128	128	128	128	128
	<b>DER</b>	<b>Coeficiente</b>	-	1.000	.546(**)	-	.040	.436(**)

<b>cuello</b>	<b>de correlación</b>	.770(**)			.425(**)		
	<b>Sig. (bilateral)</b>	.000	.	.000	.000	.651	.000
	<b>N</b>	128	128	128	128	128	128
<b>% resistencia cuello</b>	<b>Coefficiente de correlación</b>	-.942(**)	-.546(**)	1.000	-.532(**)	-.002	-.520(**)
	<b>Sig. (bilateral)</b>	.000	.000	.	.000	.980	.000
	<b>N</b>	128	128	128	128	128	128
<b>ISD hoja</b>	<b>Coefficiente de correlación</b>	.546(**)	-.425(**)	-.532(**)	1.000	-.075	-.949(**)
	<b>Sig. (bilateral)</b>	.000	.000	.000	.	.403	.000
	<b>N</b>	128	128	128	128	128	128
<b>DER hoja</b>	<b>Coefficiente de correlación</b>	-.011	.040	-.002	-.075	1.000	-.161
	<b>Sig. (bilateral)</b>	.902	.651	.980	.403	.	.070
	<b>N</b>	128	128	128	128	128	128
<b>% resistencia hoja</b>	<b>Coefficiente de correlación</b>	-.539(**)	-.436(**)	-.520(**)	-.949(**)	-.161	1.000
	<b>Sig. (bilateral)</b>	.000	.000	.000	.000	.070	.
	<b>N</b>	128	128	128	128	128	128

\*\* La correlación es significativa al nivel 0,01 (bilateral).



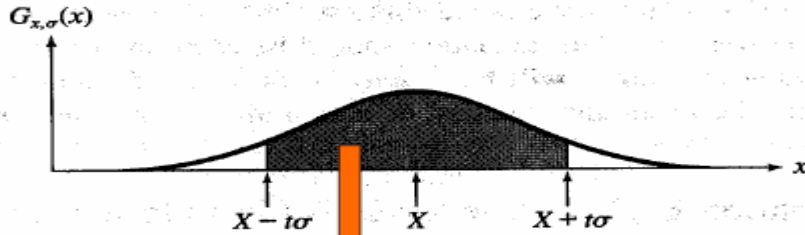
**E. Anexo:** Estadísticos descriptivos de las variables de severidad del añublo (*M. oryzae*) en el ISD y DER en cuello y hoja

			Estadístico	Error típ.
ISD cuello	<b>Media</b>		2.54056	.043029
	<b>Intervalo de confianza para la media al 95%</b>	<b>Límite inferior</b>	2.45541	
		<b>Límite superior</b>	2.62571	
	<b>Media recortada al 5%</b>		2.51985	
	<b>Mediana</b>		2.50730	
	<b>Varianza</b>		.237	
	<b>Desv. típ.</b>		.486822	
	<b>Mínimo</b>		1.498	
	<b>Máximo</b>		3.892	
	<b>Rango</b>		2.394	
	<b>Amplitud intercuartil</b>		.774	
	<b>Asimetría</b>		.542	.214
<b>Curtosis</b>		-.104	.425	
DER cuello	<b>Media</b>		50.9855%	.51789%
	<b>Intervalo de confianza para la media al 95%</b>	<b>Límite inferior</b>	49.9607%	
		<b>Límite superior</b>	52.0103%	
	<b>Media recortada al 5%</b>		51.1644%	
	<b>Mediana</b>		51.8306%	
	<b>Varianza</b>		34.330	
	<b>Desv. típ.</b>		5.85920%	
	<b>Mínimo</b>		35.79%	
	<b>Máximo</b>		61.66%	
	<b>Rango</b>		25.86%	
	<b>Amplitud intercuartil</b>		8.73%	
	<b>Asimetría</b>		-.468	.214
<b>Curtosis</b>		-.631	.425	
ISD hoja	<b>Media</b>		2.5054	.03639
	<b>Intervalo de confianza para la</b>	<b>Límite</b>	2.4334	

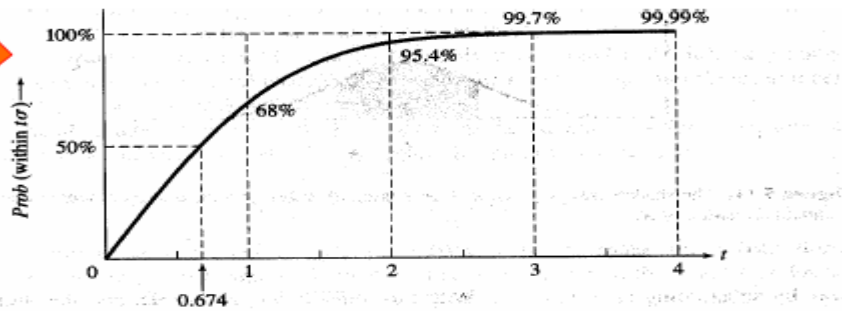
	<b>media al 95%</b>	<b>inferior</b>		
		<b>Límite superior</b>	2.5775	
	<b>Media recortada al 5%</b>		2.4760	
	<b>Mediana</b>		2.3927	
	<b>Varianza</b>		.170	
	<b>Desv. típ.</b>		.41172	
	<b>Mínimo</b>		1.77	
	<b>Máximo</b>		3.67	
	<b>Rango</b>		1.90	
	<b>Amplitud intercuartil</b>		.50	
	<b>Asimetría</b>		1.081	.214
<b>Curtosis</b>		.654	.425	
<b>DER en hoja</b>	<b>Media</b>		35.3635%	.35907%
	<b>Intervalo de confianza para la media al 95%</b>	<b>Límite inferior</b>	34.6529%	
		<b>Límite superior</b>	36.0740%	
	<b>Media recortada al 5%</b>		35.3688%	
	<b>Mediana</b>		35.1787%	
	<b>Varianza</b>		16.503	
	<b>Desv. típ.</b>		4.06244%	
	<b>Mínimo</b>		24.36%	
	<b>Máximo</b>		44.57%	
	<b>Rango</b>		20.22%	
	<b>Amplitud intercuartil</b>		5.52%	
	<b>Asimetría</b>		-.018	.214
<b>Curtosis</b>		-.254	.425	

**F. Anexo:** Calculo de la función integral para determinar los limites de los criterios de selección para variables continuas en los graficos cajas, graficos Q-Q y pruebas de normalidad

• **Cálculo de la función integral**



$$\text{Prob}(X - t\sigma \leq x \leq X + t\sigma) = \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \int_{-t}^{+t} e^{-\frac{z^2}{2}} dz$$



t	0	0.25	0.5	0.75	1.0	1.25	1.5	1.75	2.0	2.5	3.0	3.5	4.0
Prob (%)	0	20	38	55	68	79	87	92	95.4	98.8	99.7	99.95	99.99



## Bibliografía

- Ballini, E. & Morel, J-B & Droc, G *et al.* (2008). A Genome-Wide Meta-Analysis of Rice Blast Resistance Genes and Quantitative Trait Loci Provides New Insights into Partial and Complete Resistance. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 21, (7). 859-868. Recuperado el día 4 de Agosto de 2009 de la base de datos BlackWell Synergy
- CIAT, (2004). Programa de Arroz .Reportes Anuales.
- CIAT, (2006). Programa de Arroz. Reportes Anuales.
- CIAT, (2007). Programa de Arroz. Reportes Anuales.
- CIAT, (2009). Programa de Arroz. Reportes Anuales.
- Cerón-Rojas, J. J. y Sahagún-Castellanos, J. (2005). Un índice de selección basado en componentes principales. Departamento de Fitotecnia. Universidad Autónoma. *Agrociencia* 39: 667-677.
- Correa-Victoria, F.J., Fuentes, J.L., Escobar, F., Prado, G., Aricapa, G., & Duque, M.C. (2006). Identificación de marcadores microsatélites ligados a genes de resistencia a *Pyricularia grisea* en arroz. *Fitopatología Colombiana*, 30(2), 33–38.
- Correa V., F.J.; Martínez, C.P. (2009). **Breeding rice cultivars with durable blast resistance in Colombia**. In: Wang, G.-L.-; Valent, B. (eds.). *Advances in genetics, genomics and control of rice blast disease*. Springer, New York, NY, USA. p. 375-383.
- Fuentes, J.L., Correa-Victoria, F.J., Escobar, F., Prado, G., Aricapa, G., Duque, M.C., & Tohme, J. (2007). Identification of microsatellite markers linked to the blast resistance gene Pi-1 (t) in rice. *Euphytica*, 160, 295–304.
- De sousa-vieira, O. y Milligan, Scott B. Effect of intrarow plant spacing on the effectiveness of family selection in sugarcane: Selection indices. *INC* [online]. (2009), vol.34, n.12 [citado 2015-01-18], pp. 893-896 . Disponible en:

<[http://www.scielo.org.ve/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0378-18442009001200011&lng=es&nrm=iso](http://www.scielo.org.ve/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0378-18442009001200011&lng=es&nrm=iso)>. ISSN 0378-1844.

Ebbole, D. J. (2007). Magnaporthe as a model for understanding host-pathogen interactions. Annu. Rev. Phytopathol. 45:437-56.

FAOSTAT. (2010). <http://faostat3.fao.org/browse/Q/QC/S>

Fedearroz. (2010). Estadísticas arroceras, de <http://www.fedearroz.com.co/hist.htm>.

Guimaraes, Elcio P. (1997). Selección Recurrente en Arroz . Parte 3 selección recurrente para la obtención de resistencia a *Pyricularia grisea* Sacc. Cali. Colombia..240 p. Publicación CIAT No.267

Hazel, L.N. (1943). The genetics basis for constructing selection indices, Genetics 28:476-90

IRRI (2002). Standard Evaluation System for Rice (SES). . I. R. r. Institute. Manila, Philippines: 82.

IRRI, (2010). Better rice varieties. <http://irri.org/our-work/research/better-rice-varieties>

Jennings, P.R., (2006). Resistencia durable a pyricularia: posibles soluciones a un problema intratable. En: Foro arrocerero Latinoamericano. Volumen 12-Numero 1 Ejemplar 23. P. 12-13

Lopez-Gerena, J., Tohme, J., Correa-Victoria, F.J., Martinez, C.P., Hulbert, S., & Zeigler, R. (2004). Mapping QTL's and candidate genes associated with durable resistance to rice blast. Rice Functional Genomics Conference. Tucson Arizona, Nov. 15-17.

Lopez-Gerena, J. (2006). Mapping QTL controlling durable resistance to rice blast in the cultivar Oryzica Llanos 5. Ph.D. Dissertation. Kansas State University, Manhattan, KS, 128p.

Nicks, R.E. y Lindhout, W.H. (1998). Curso sobre: Mejoramiento para resistencia contra enfermedades y plagas. Proyecto de Resistencia Duradera en la Zona Andina, PREDUZA. Quito, Ecuador. 212 p.

Pilippi, M, C., Prabhu, A, S, (1997). Selección recurrente para resistencia parcial a *Pyricularia grisea* Sacc. en arroz en Brasil. En: Selección recurrente en arroz Escrito por Elcio P. Guimaraes. CIAT, CIRAD, EMBRAPA, FUNDACION POLAR

- Poehlman, J, M, Allen, D. (2003). MEJORAMIENTO GENETICO DE LAS OSECHAS. ISBN 968-18-5369-5. 2ª ed.2003 rúst., 25.5 x20 cm. 511págs.  
BN/EAN: 9789681853693
- Prabhu, A.,S.,Ribeiro, A, S., Soave, J., Souza, N, S., Kemf, D., Filippi, M, C., Rangel, P, H., Zimmermann, F, J. (1997). Vivero nacional de piricularia: progreso, perspectivas y utilización como fuente de progenitores para la selección recurrente. En: Selección recurrente en arroz Escrito por Elcio P. Guimaraes. CIAT, CIRAD, EMBRAPA, FUNDACION POLAR
- Prado, G. A. (2004). Herencia de la resistencia a *Magnaphorte grisea* (Hebert) Barr en las líneas isogénicas de arroz (*Oryza sativa L.*) C101 LAC y C101 A51. Escuela de Postgraduados. Palmira. Valle del Cauca, Universidad Nacional de Colombia. Magister en Ciencias Agrarias: 96.
- Prado, G. A. (2008). Datos sin publicar. Patología de Arroz. CIAT. Palmira
- Qu, S., Liu, G., Zhou, B., Bellizzi, M., Zeng, L., Dai, L., Han, B., & Wang, G. L., (2006). The broad-spectrum blast resistance gene *Pi9* encodes a nucleotide-binding site-leucine-rich repeat protein and is a member of a multigene family in rice. *Genetics* 172, 1901-1914.
- Reyes, C, P, (1985). Fitotecnia Básica y aplicada. Mexico . Primera edición, pp. 141-147
- Ribot C, Hirsch J, Balzergue S, Tharreau D, Nottéghem JL, Lebrun MH, Morel JB (2008) Susceptibility of rice to the blast fungus, *Magnaporthe grisea*. *J Plant Physiol* 165: 114–124
- Romero, P., J, M. (2000). Metodos de selección para caracteres multiples. Tesis de grado, licenciado en estadística. Universidad autónoma de Chapingo. P 70-91
- Servellón, R. E. (1996). "Estimación de Parámetros genéticos y de respuestas a la selección en la población de arroz irrigado CNA 1." Agronomía Mesoamericana 7(2): 50-57.
- Shi X, Wang J, Bao Y, Li P, Xie L, Huang J, Zhang H (2010) Identification of the quantitative trait loci in Japonica rice landrace Heikezijing responsible for broad-spectrum resistance to rice blast. *Phytopathology* 100:822–829
- Skamnioti, P y Gurr, S. J. 2009. Against the grain: safeguarding rice from rice blast disease. Department of Plant Sciences, University of Oxford. Cell. P 141-150

- Stern, K., 2010. Genética de poblaciones como base de selección.  
<http://www.fao.org/docrep/03650s/03650s03.htm#TopOfPage>
- Talukder ZI, Tharreau D, Price AH. (2004). Quantitative trait loci analysis suggests that partial resistance to rice blast is mostly determined by race specific interactions. *New Phytologist* **162**: 97–209.
- Vallejo, F. y E. Estrada (2002). Mejoramiento Genético de plantas. Palmira, Colombia, Universidad Nacional de Colombia.
- Vales, M., Dossmann, J., Delgado, D., & Duque, M. C. (2009). Parallel and interlaced recurrent selection (PAIRS): Demonstration of the feasibility of implementing PAIRS to improve complete and partial resistance to blast (< i> Magnaporthe grisea</i>) and some other main traits in rice. *Field crops research*, 111(1), 173-178.
- Wopereis, M.C.S., T. Defoer, P. Idinoba, S. Diack and M.J. Dugué. (2009). Participatory Learning and Action Research (PLAR) for Integrated Rice Management (IRM) in Inland Valleys of Sub-Saharan Africa: Technical Manual, de <http://www.africarice.org/warda/guide-plar-tech.asp>
- Zambrano, A. & Vegas, A. & Cardona, R. *et al.* (2006) Estructura Genética y Diversidad de Linajes de *Pyricularia grisea* en la Zona Arrocera Venezolana. *Interciencia*. 31, Wide Web: <http://redalyc.uaemex.mx/redalyc/pdf/339/33911210.pdf>
- Zenbayashi, K., Ashizawa, T., Tani, T., & Koizumi, S. (2002). Mapping of the QTL (quantitative trait locus) conferring partial resistance to leaf blast in rice cultivar Chubu 32. *Theoretical and Applied Genetics*, 104(4), 547-552.
- Zhu, J. P.& Roh, J. H.& Cho .Y. C. *et al* (2008) The *Pi40* Gene for Durable Resistance to Rice Blast and Molecular Analysis of *Pi40*-Advanced Backcross Breeding Lines. *Phytopathology*, 99, (3), 243-250. Recuperado el día 4 de Agosto de 2009 de la base de datos BlackWell Synergy.