



UNIVERSIDAD NACIONAL DE COLOMBIA

Estimación de parámetros genéticos para rendimiento y calidad de grano en una población de Líneas Recombinantes Endogámicas de Arroz (*Oryza sativa L.*) a través de varios ambientes

Nelson Fernando Amézquita Varón

Universidad Nacional de Colombia
Sede Palmira
Facultad de Ciencias Agrarias, Escuela de Posgrados
Palmira, Colombia
2012

Estimación de parámetros genéticos para rendimiento y calidad de grano en una población de Líneas Recombinantes Endogámicas de Arroz (*Oryza sativa* L.) a través de varios ambientes

Nelson Fernando Amézquita Varón

Tesis presentada como requisito parcial para optar al título de:
Magister en Ciencias Agrarias énfasis en Fitomejoramiento

Director:

Edgar A. Torres Toro. Ph.D.

Codirector:

Franco Alirio Vallejo. Ph.D.
Profesor Titular

Línea de Investigación:

Mejoramiento genético de Arroz

Universidad Nacional de Colombia

Facultad de Ciencias Agrarias, Escuela de Posgrados

Palmira, Colombia

2012

Dedicatoria

Al Dios de los cielos a quien agradezco infinitamente por tener memoria de mi.

A la mejor mamá del mundo, por su incondicional apoyo y vida de entrega a sus hijos.

A mis dos soles, mis amadas hija y Esposa.



UNIVERSIDAD NACIONAL DE COLOMBIA
SEDE PALMIRA

FACULTAD DE CIENCIAS AGROPECUARIAS

ACTA DE JURADO DE TESIS

MAESTRÍA EN CIENCIAS AGRARIAS
LINEA DE INVESTIGACIÓN FITOMEJORAMIENTO

En Palmira a los 14 días del mes de Noviembre de 2013, se reunió en esta Sede el Jurado Calificador de Tesis, integrado por los profesores MARIBEL CRUZ GALLEGO y EDGAR IVÁN ESTRADA SALAZAR.

Para calificar la Tesis de Grado de:

NELSON FERNANDO AMEZQUITA VARON

Titulada:

“ESTIMACION DE PARAMETROS GENETICOS PARA RENDIMIENTO Y CALIDAD DE GRANO EN UNA POBLACION DE LINEAS RECOMBINANTES ENDOGAMICAS DE ARROZ (*Oryza sativa* L.) A TRAVES DE VARIOS AMBIENTES”, bajo la dirección de Franco Alirio Vallejo, PhD y Edgar Alonso Torres Toro PhD.

Después de oír el informe del jurado evaluador compuesto por los profesores MARIBEL CRUZ GALLEGO y EDGAR IVÁN ESTRADA SALAZAR, y de haber cumplido con el proceso de evaluación, la tesis fue calificada como:

APROBADA

REPROBADA


MARIBEL CRUZ GALLEGO


EDGAR IVÁN ESTRADA SALAZAR

Agradecimientos

A mis directores de tesis Doctores Edgar Torres T. y Franco Alirio Vallejo C.; muchas Gracias por todas sus enseñanzas y paciencia.

A mi ex – jefe, antes subgerente técnico de Fedearroz, Miguel Diago Ramirez, gracias por todo su apoyo desde el inicio de mis días en la Federación.

A Miryam C. Duque, Juan Bosco Quasquer; sin su ayuda hubiese sido imposible alcanzar esta meta, muchas gracias es poco para expresar el real agradecimiento hacia ellos.

A Edgar A. Corredor S. del FLAR, por sus concejos prácticos, siempre ha sido un modelo de profesional digno de imitar.

A todos los compañeros en CIAT Arroz y FLAR, por su apoyo incondicional.

A las directivas de Fedearroz y a mis compañeros de trabajo José Omar Ospina G., Natalia Espinosa B., Ricardo Perafán, Cristo R. Pérez, Edgar Barona y a cada compañero en cada seccional y oficina de Fedearroz, por su comprensión, compañerismo y por compartir esfuerzos para el cumplimiento de las metas.

A mi profesor Diosdao Baena por sus enseñanzas académicas.

A todos aquellos que directa o indirectamente colaboraron para la realización de este trabajo.

“los directores de tesis, el Presidente de Tesis y el consejo Examinador, no serán
Responsables de las ideas emitidas por el candidato”

Artículo 217, Estatuto de la Universidad Nacional de Colombia

Resumen

Con el fin de conocer la herencia de rendimiento, calidad molinera, apariencia y calidad culinaria del arroz, se evaluó una población de Líneas Recombinantes Endogámicas, en un arreglo de Alfa Látice, en las localidades de Montería y Palmira durante dos semestres en el cual para las variables se encontró una distribución correspondiente a caracteres de tipo cuantitativo. La varianza genética de tipo aditivo fue alta para las variables rendimiento de grano, índice de pilada en cosecha oportuna y retrasada y muy bajas para caracteres de forma de grano. Se evidenció alta correlación entre índice de pilada en cosecha oportuna y retrasada, centro blanco y grano yesado y entre longitud de grano y contenido de amilosa. Los valores de merito genético permitieron seleccionar algunos genotipos que presentaron valores sobresalientes en características correspondientes a las variables en evaluación. También se determinó el valor genético positivo de Fedearroz 60 como progenitor de la población. Por otro lado los ambientes presentaron diferencias para la evaluación de rendimiento, índice de pilada oportuna y retrasada, entre otras y similitud en los mismos para evaluar características como forma de grano y contenido de amilosa.

Palabras clave: RIL, Varianza genética, correlaciones genéticas, Blup, GGE Biplot, calidad del arroz.

Abstract

Grain yield, milling and cooking quality are the most important traits for rice breeding in Colombia. However, few information is knew about the genetic architecture of these traits. In order to estimate genetic parameters such us magnitude of gxe interaction, herdability and genetic correlations for traits like: grain yield, milling quality, tolerance to delayed harvest, chalkiness, amylose content etc.; a population of Recombinant Inbred Lines, derived from crossing two commercial varieties, was evaluated in four environments using an alpha lattice design. The results indicate the release of significant genetic variation in the cross, gxe interaction and transgressive segregation for all traits. A normal distribution was observed for all traits indicating a quantitative inheritance. The additive genetic variance was high for grain length and grain wide and lower for the other traits. High positive genetic correlation was observed between head rice on time and head rice on delayed harvest. Negative genetic correlation was observed between grain length and head rice on time. The genetic values allowed to select genotypes that presented outstanding values for the traits in evaluation. Fedearroz 60 had the most positive values as parent. Several environments were similar in terms of genotypic response for most of the traits. Valuable information regarding genetic architecture of yield and grain quality for Colombian germplasm was produced.

Keywords: RIL, genetic variance, genetic correlations, Blup, GGE Biplot, rice quality.

Contenido

Resumen	IX
INTRODUCCION	1
2.0 MARCO CONCEPTUAL	
2.1 Aspectos generales del cultivo del arroz	5
2.2 Potencial de rendimiento en arroz	5
2.3 El grano de arroz	7
2.4 Calidad del arroz	8
2.4.1 Calidad molinera del grano de arroz	9
2.4.2 Calidad culinaria	9
2.4.3 Apariencia del grano de arroz	11
2.4.4 Tamaño del grano de arroz	11
2.4.5 Traslucidez del grano de arroz	12
2.4.6 Retraso de cosecha	13
1.5 Poblaciones utilizadas en el análisis de parámetros genéticos	13
1.6 Interacción genotipo por ambiente	14
1.7 Análisis genético estadístico	15
1.7.1 Diseño de Alfa Látice	15
1.7.2 Estimación de varianzas	16
1.7.3 Correlaciones genéticas	19
1.7.4 Mejor predictor lineal insesgado (BLUP)	20
1.7.5 Análisis de Biplot	20
2. Materiales y Métodos	22
2.1 Localidades	22
2.2 Material genético	22
2.3 Diseño experimental	23
2.4 Manejo agronómico de los ensayos	23
2.5 Variables evaluadas	24
2.6 Procedimiento para obtención de datos de las variables evaluadas	24
2.6.1 Rendimiento	24
2.6.2 Evaluación de calidad molinera	25
Índice de pilada en cosecha oportuna	25
Centro blanco	26

XII Estimación de Parámetros Genéticos de Rendimiento y Calidad en arroz

Porcentaje de grano yesado	26
Contenido de amilosa	26
Longitud y ancho del grano	26
Índice de pilada en retraso de cosecha	27
2.7 Análisis estadístico – genético	27
4.0 Resultados	31
4.1 Análisis de la varianza	31
4.2 Distribución de medias ajustadas de las variables en evaluación	31
4.2.1 Rendimiento	31
4.2.2 Índice de pilada en cosecha oportuna	34
4.2.3 Índice de pilada en retraso de cosecha	35
4.2.4 Centro blanco	36
4.2.5 Grano yesado	37
4.2.6 Contenido de amilosa	38
4.2.7 Longitud del grano	39
4.2.8 Ancho del grano	40
4.3 Estimación de varianzas y heredabilidad en sentido estricto	41
4.4 Correlaciones genéticas	43
4.5 Mejor predictor lineal insesgado (BLUP)	44
4.6 Análisis Biplot	47
4.6.1 Rendimiento	47
4.6.2 Índice de pilada en cosecha oportuna	52
4.6.3 Índice de pilada en retraso de cosecha	56
4.6.4 Contenido de amilosa	60
4.6.5 Centro blanco	64
4.6.6 Grano yesado	67
4.6.7 Longitud del grano	71
4.6.8 Ancho del grano	74
5.0 CONCLUSIONES	79
5.1 Conclusiones	79
Bibliografía	81

Lista de figuras

	Pág.
Figura 1. Distribución de medias ajustadas para rendimiento de grano de una población de Líneas Recombinantes Endogámicas del cruzamiento entre las variedades Fedearroz 60 y Fedearroz 473 evaluada en dos localidades durante dos semestres.....	34
Figura 2. Distribución de medias ajustadas para Índice de pilada en cosecha oportuna de una población de Líneas Recombinantes Endogámicas del cruzamiento entre las variedades Fedearroz 60 y Fedearroz 473.....	35
Figura 3. Distribución de medias ajustadas para Índice de pilada en cosecha retrasada de una población de Líneas Recombinantes Endogámicas del cruzamiento entre las variedades Fedearroz 60 y Fedearroz 473.....	36
Figura 4. Distribución de medias ajustadas para centro blanco en escala de una población de Líneas Recombinantes Endogámicas del cruzamiento entre las variedades Fedearroz 60 y Fedearroz 473.....	37
Figura 5. Distribución de medias ajustadas para grano yesado en porcentaje de una población de Líneas Recombinantes Endogámicas del cruzamiento entre las variedades Fedearroz 60 y Fedearroz 473.....	38
Figura 6. Distribución de medias ajustadas para contenido de amilosa en porcentaje de una población de Líneas Recombinantes Endogámicas del cruzamiento entre las variedades Fedearroz 60 y Fedearroz 473.....	39
Figura 7. Distribución de medias ajustadas para largo de grano pulido en mm de una población de Líneas Recombinantes Endogámicas del cruzamiento entre las variedades Fedearroz 60 y Fedearroz 473.....	40
Figura 8. Distribución de medias ajustadas para ancho de grano en mm de una población de Líneas Recombinantes Endogámicas del cruce entre las variedades Fedearroz 60 y Fedearroz 473.....	41

Figura 9. Vectores de ambiente en la interacción Genotipo x Ambiente para la variable rendimiento de grano en una población de Líneas Recombinantes Endogámicas del cruzamiento entre Fedearroz 60 y Fedearroz 473 evaluada en dos localidades durante dos semestres.....	49
Figura 10. Comportamiento de genotipos con los mejores y menores promedios en interacción con el ambiente para la variable rendimiento en una población de Líneas Recombinantes Endogámicas del cruzamiento entre Fedearroz 60 y Fedearroz 473 evaluada en dos localidades durante dos semestres	51
Figura 11. Proyección de los genotipos sobre el eje ambiental para la variable rendimiento en una población de Líneas Recombinantes Endogámicas del cruzamiento entre Fedearroz 60 y Fedearroz 473 evaluada en dos localidades durante dos semestres.....	52
Figura 12. Vectores de ambiente en la interacción Genotipo x Ambiente para la variable índice de pilada en cosecha oportuna para una población de Líneas Recombinantes Endogámicas del cruzamiento entre Fedearroz 60 y Fedearroz 473 evaluada en dos localidades durante dos semestres.....	53
Figura 13. Comportamiento de los genotipos con mayor y menor promedio en interacción con el ambiente para la variable Índice de Pilada en cosecha Oportuna para una población de Líneas Recombinantes Endogámicas del cruzamiento entre Fedearroz 60 y Fedearroz 473 evaluada en dos localidades durante dos semestres.....	55
Figura 14. Proyección de los genotipos sobre el eje ambiental para la variable Índice de Pilada en cosecha oportuna para una población de Líneas Recombinantes Endogámicas del cruce entre Fedearroz 60 y Fedearroz 473 evaluada en dos localidades durante dos semestres.....	56
Figura 15. Vectores de ambiente en la interacción Genotipo x Ambiente para la variable índice de pilada en Retraso de cosecha para una población de Líneas Recombinantes Endogámicas del cruce entre Fedearroz 60 y Fedearroz 473 evaluada en dos localidades durante dos semestres.....	57
Figura 16. Comportamiento de los genotipos con mayor y menor promedio en interacción con el ambiente para la variable Índice de Pilada en cosecha retrasada para una población de líneas Recombinantes Endogámicas del cruzamiento entre Fedearroz 60 y Fedearroz 473 evaluada en dos localidades durante dos semestres.....	58
Figura 17. Proyección de los genotipos sobre el eje ambiental para la variable	

Índice de Pilada en Retraso de cosecha para una población de Líneas Recombinantes Endogámicas del cruzamiento entre Fedearroz 60 y Fedearroz 473 evaluada en dos localidades durante dos semestres.....	60
Figura 18. Vectores de ambiente en la interacción Genotipo x Ambiente para la variable Contenido de Amilosa (CA) para una población de Líneas Recombinantes Endogámicas del cruzamiento entre Fedearroz 60 y Fedearroz 473 evaluada en dos localidades durante dos semestres.....	61
Figura 19. Comportamiento de los genotipos con mayor y menor promedio en interacción con el ambiente para la variable Contenido de Amilosa para una población de líneas Recombinantes Endogámicas del cruzamiento entre Fedearroz 60 y Fedearroz 473 evaluada en dos localidades durante dos semestres.	62
Figura 20. Proyección de los genotipos sobre el eje ambiental para la variable Contenido de Amilosa (CA) para una población de Líneas Recombinantes Endogámicas del cruzamiento entre Fedearroz 60 y Fedearroz 473 evaluada en dos localidades durante dos semestres.....	63
Figura 21. Vectores de ambiente en la interacción Genotipo x Ambiente para la variable Centro Blanco (CB) para una población de Líneas Recombinantes Endogámicas del cruzamiento entre Fedearroz 60 y Fedearroz 473 evaluada en dos localidades durante dos semestres.....	65
Figura 22. Comportamiento de los genotipos con mayor y menor promedio en interacción con el ambiente para la variable Centro Blanco para una población de Líneas Recombinantes Endogámicas del cruzamiento entre Fedearroz 60 y Fedearroz 473 evaluada en dos localidades durante dos semestres.....	66
Figura 23. Proyección de los genotipos sobre el eje ambiental para la variable Centro Blanco (CB) para una población de Líneas Recombinantes Endogámicas del cruzamiento entre Fedearroz 60 y Fedearroz 473 evaluada en dos localidades durante dos semestres.....	67
Figura 24. Vectores de ambiente en la interacción Genotipo x Ambiente para la variable Grano Yesado para una población de Líneas Recombinantes Endogámicas del cruzamiento entre Fedearroz 60 y Fedearroz 473 evaluada en dos localidades durante dos semestres.....	68
Figura 25. Comportamiento de los genotipos con mayor y menor promedio en interacción con el ambiente para la variable Centro Blanco para una población de Líneas Recombinantes Endogámicas del cruzamiento entre Fedearroz 60 y Fedearroz 473 evaluada en dos localidades durante dos semestres.....	69

Figura 26. Proyección de los genotipos sobre el eje ambiental para la variable Grano Yesado para una población de Líneas Recombinantes Endogámicas del cruzamiento entre Fedearroz 60 y Fedearroz 473 evaluada en dos localidades durante dos semestres.....	70
Figura 27. Vectores de ambiente en la interacción Genotipo x Ambiente para la variable Longitud de Grano para una población de Líneas Recombinantes Endogámicas del cruzamiento entre Fedearroz 60 y Fedearroz 473 evaluada en dos localidades durante dos semestres.....	72
Figura 28. Comportamiento de los genotipos con mayor y menor promedio en interacción con el ambiente para la variable Longitud de Grano para una población de Líneas Recombinantes Endogámicas del cruzamiento entre Fedearroz 60 y Fedearroz 473 evaluada en dos localidades durante dos semestres.....	73
Figura 29. Proyección de los genotipos sobre el eje ambiental para la variable Longitud de Grano para una población de Líneas Recombinantes Endogámicas del cruzamiento entre Fedearroz 60 y Fedearroz 473 evaluada en dos localidades durante dos semestres.....	74
Figura 30. Vectores de ambiente en la interacción Genotipo x Ambiente para la variable Ancho de Grano para una población de Líneas Recombinantes Endogámicas del cruzamiento entre Fedearroz 60 y Fedearroz 473 evaluada en dos localidades durante dos semestres.....	75
Figura 31. Comportamiento de los genotipos con mayor y menor promedio en interacción con el ambiente para la variable Ancho de Grano para una población de Líneas Recombinantes Endogámicas del cruzamiento entre Fedearroz 60 y Fedearroz 473 evaluada en dos localidades durante dos semestres.....	77
Figura 32. Proyección de los genotipos sobre el eje ambiental para la variable Ancho de Grano para una población de Líneas Recombinantes Endogámicas del cruzamiento entre Fedearroz 60 y Fedearroz 473 evaluada en dos localidades durante dos semestres.....	78

Introducción

El arroz (*Oryza sativa L.*) es el alimento base de más de la mitad de la población mundial en la mayoría de países que lo consumen. Para la población humana en continuo crecimiento es la mayor fuente no solo de la energía diaria sino de la dieta nutritiva (Zuang, 2009).

La necesidad de incrementar la producción de arroz es urgente porque la población de los países tradicionalmente productores requerirá un 70% más de arroz para el año 2025, sin embargo, la expansión de las áreas cultivadas es escasa debido a que las tierras usadas para la producción arroceras están siendo dirigidas a infraestructura urbana. El arroz adicional debe ser en gran parte producido incrementando el rendimiento por unidad de área (Li, 2009).

El rendimiento en campo y la calidad del grano, son consideradas dentro de las características de mayor relevancia en el cultivos del arroz; ya que en estas se tienen en cuenta la exigencia de cualidades para satisfacer a los productores, la industria y al consumidor. Ambas son el resultado de numerosos y variados factores.

El rendimiento de grano y sus principales componentes son caracteres cuantitativos que muestran variaciones fenotípicas continuas en las progenies de arroz. Esos caracteres son de herencia compleja y pueden involucrar un sinnúmero de otros caracteres relacionados. El grado de correlaciones genotípicas y fenotípicas entre estos es importante porque la selección usualmente tiene que ver con el cambio de dos o más características simultáneamente (Sabouri, 2008).

La calidad de grano está relacionada con las propiedades fisicoquímicas del mismo, tales como tamaño, forma, peso, pigmentación, dureza, temperatura de gelatinización, contenido de amilosa, etc. Otros se refieren a la cosecha y a su manejo incluidas las labores de recolección, secado, transporte, procesamiento,

almacenamiento, etc. (CIAT, 1989). Para el agricultor arrocero suscita especial interés ya que determina en mayor o menor medida el valor económico que obtiene por su cosecha.

Los datos obtenidos por métodos fenotípicos han permitido a los fitomejoradores desarrollar estrategias de selección para las características básicas de calidad, sin embargo dos variedades con el mismo valor pueden ser diferenciadas por los consumidores lo cual hace necesario aumentar el conocimiento de los componentes relevantes del grano que afectan la calidad y el rendimiento y establecer herramientas eficientes para los programas de mejoramiento que desean evaluarlas (Fitzgerald, 2009).

La herencia de la calidad de grano es más complicada que la de otras características agronómicas en cereales debidas principalmente a la epistasia, efectos maternos y citoplasmáticos y a la naturaleza triploide del endospermo (He, 1999). Sin embargo, es de gran importancia abordar este aspecto de manera que se pueda entender de una mejor forma todo ese complejo de situaciones genéticas que envuelven características como la calidad molinera, apariencia de grano y calidad culinaria del mismo.

Una importante condición para los programas de mejoramiento es el de contar con el conocimiento que les permita agilidad y seguridad para seleccionar líneas superiores, consecuencia del entender la herencia o la acción génica específica para rendimiento, calidad molinera y apariencia del grano en arroz (Peyman., 2009) y vital en la toma de decisiones en el proceso de mejoramiento genético del arroz especialmente en Colombia donde no existen estimativas de varianzas, heredabilidad, magnitud de la interacción con el ambiente para caracteres como rendimiento de molino, contenido de amilosa y retraso de cosecha.

Según Shi (2002), la expresión de genes para el desarrollo de granos de arroz podría ser variable debido al clima, condiciones de suelo o manejo agronómico. No obstante, ha sido reconocido que la variación fenotípica para muchas características importantes de grano son controladas por efectos genéticos principalmente, así como, por la interacción del genotipo con el ambiente.

La comprensión de los factores que gobiernan los caracteres de calidad de grano en diferentes fondos genéticos es incompleta, a pesar de haber conseguido incremento en los rendimientos de grano durante muchas décadas, esto se refleja

en las persistentes variedades que han sido referencia. Esas variedades incluyen Basmati 370, seleccionada en 1920, Koshihikari seleccionada en 1960, IR 64 relanzada en 1985 (Fitzgerald, 2009). De ahí la necesidad de contar con resultados de análisis sobre genotipos desarrollados y adaptados a las condiciones colombianas.

Entender la dinámica genética que gobierna la expresión de las características objetivo, es claramente un factor muy importante para direccionar esfuerzos invertidos en la producción de nuevos cultivares no solo para los programas de mejora genética sino para la cadena de producción arroceras. En este caso se contaría con una mayor oferta de materiales con características de calidad superior.

Se planteó este estudio con la finalidad de producir información útil para los programas de mejoramiento de arroz en Colombia. Esta información consiste en la estimación de parámetros genéticos como la varianza aditiva, la heredabilidad en sentido estrecho, las correlaciones entre caracteres y la interacción del genotipo por el ambiente para rendimiento de grano, calidad molinera, tolerancia al retraso de cosecha y apariencia de grano, entre otras, que permitan diseñar mejores estrategias de mejoramiento para estas características.

Objetivo general

Estimar parámetros genéticos de interés en una población de RIL derivada del cruzamiento entre Fedearroz 60 y Fedearroz 473, en varios ambientes de Colombia para rendimiento y calidad de grano.

Objetivos específicos

Estimar la varianza aditiva, heredabilidad en sentido estrecho y la magnitud de la varianza de la interacción del genotipo con el ambiente para el rendimiento en grano, índice de pilada, tamaño de grano, grano yesado %, centro blanco, contenido de amilosa y tolerancia a retraso de cosecha, en una población líneas recombinantes endogámicas derivada del cruzamiento entre dos variedades colombianas de arroz.

4 **Introducción**

Estudiar la interacción genotipo por ambiente para estos caracteres a través de la utilización de la metodología de GGE Biplot.

2.0 MARCO CONCEPTUAL

2.1 Aspectos generales del cultivo del arroz

Aunque la producción mundial de arroz se concentra en climas húmedos tropicales, también se cultiva en regiones subtropicales y templadas, se produce en más de 100 países y se constituye como alimento básico de más de la mitad de la población mundial proporcionando el 27% de la energía alimentaria y el 20% de las proteínas (FAO, 2004).

En Colombia existen cerca de 28.000 productores que se pueden considerar como cabezas de hogar, por tal razón serían igual número de familias, Sin embargo, en forma directa e indirecta aproximadamente dos millones de personas en todo el país generan su ingreso por el cultivo y procesamiento industrial del arroz (Fedearroz-FNA., 2008). Este cereal se consume principalmente como grano entero obtenido directamente de la cariósida a través del proceso de descascarado y pulido (CIAT, 1989).

2.2 Potencial de rendimiento en arroz

El rendimiento de grano es uno de los principales objetivos de la de los programas de mejoramiento en cultivos de cereales (Sabouri, 2008), este se refiere a la capacidad de la planta para sintetizar, translocar y almacenar sustancias nutritivas en el grano. Cada una de estas actividades es un proceso fisiológico complejo que es afectado por el genotipo, el ambiente y la interacción genotipo ambiente (Poehlman, 2003) y se traduce en la expresión fenotípica de sus componentes como peso de mil granos, número de granos por unidad de área, tamaño de panícula, número de granos por panícula, entre otras, así como las características de calidad del grano los cuales juegan un papel muy importante en definir el valor del mismo en el mercado y de igual manera para la adopción de nuevas variedades (Fitzgerald, 2009).

El potencial de rendimiento del arroz está relacionado con una combinación de características morfológicas y fisiológicas en un tipo vegetal de estructura eficiente. Las características morfológicas incluyen poca altura, abundante macollamiento, tallos firmes y panículas compactas para mantener erecta la planta, hojas erectas para reducir el sombreado y así utilizar eficazmente la radiación solar, además de panículas densas bien llenas (Poehlman, 2003).

Se han realizado amplios estudios para determinar los factores fisiológicos que limitan el rendimiento de grano en arroz enfocando principalmente la relación entre el tamaño del vertedero y la capacidad de la fuente. La cantidad de espiguillas por unidad de área y el peso del grano. El segundo factor es el resultado de la combinación entre producción de biomasa y capacidad de traslocar carbohidratos acumulados de la raíz a las panículas (Ohsumi, 2011). Las características fisiológicas además incluyen vigor de la plántula, madurez temprana que permita hacer crecer más de un cultivo de arroz por año, insensibilidad al fotoperíodo que permita cultivar una variedad en cualquier temporada o en diferentes latitudes y respuesta al nitrógeno (Poehlman, 2003).

El rendimiento de grano en arroz obtenido en una superficie dada depende en general de cuatro componentes principales: el número de panículas por unidad de área, el número de granos por panícula, el porcentaje de granos llenos y el peso de 1000 granos (Ishimaru, 2005) y se expresa genéticamente como un carácter cuantitativo complejo que interactúa con el ambiente en el cual el genotipo de la planta se desarrolla. (Poehlman, 2003).

El rendimiento y los componentes de rendimiento son caracteres controlados por QTL (Quantitative Trait Loci) que muestran variación fenotípica continua en las progenies de arroz. Esos caracteres son complejos en su herencia y pueden involucrar muchos otros caracteres relacionados (Sabouri, 2008). Recientes avances en genómica han revelado un alto número de genes y QTL para caracteres relacionados con rendimiento de grano en arroz incluyendo el número de espiguillas por panícula, peso de grano y número de panículas por unidad de área (Ohsumi, 2011).

El grado de correlaciones entre caracteres genotípicos y fenotípicos es importante porque la selección para mejora está usualmente interesada en cambios de dos o más características simultáneas. Desde el punto de vista económico el valor de una planta depende del valor de sus diferentes características por lo cual los fitomejoradores pueden considerar la selección simultánea para varias características para así maximizar el valor económico de la planta (Sabouri, 2008).

2.3 El grano de arroz

El arroz que ha sido cosechado maduro y que conserva toda su estructura es conocido como arroz paddy verde. Clasificado de diferentes formas por (Matsuo, 1997) como A, B y C correspondientes a tipo redondo (grano corto) que conforma el arroz de tipo japónica de tierras bajas o sus afines, tipo largo ancho (grano grande) de tipo japónica de tierras altas y tipo delgado (grano largo) de tipo Indica o sus afines.

El grano de arroz está compuesto de una masa de células que conforman el endospermo donde se acumulan los hidratos de carbono en forma de almidón, de un embrión que potencialmente puede generar una nueva planta y de una serie de tejidos que recubren el conjunto. Este grano a su vez, está recubierto por una cáscara que lo protege (Livore, 2001).

La cáscara está compuesta por dos hojas modificadas llamadas lema y palea cuya forma y tamaño corresponden a las del grano maduro. La parte exterior de la cascara posee tricomas y vellosidades. Algunas variedades tienen una arista adherida en la parte superior de la lema. Las células de la cáscara son altamente lignificadas y quebradizas la cual representa aproximadamente el 20% del peso del grano de arroz y su principal función consiste en proteger la cariósida del ataque de insectos y patógenos (Juliano, 1985).

Algunas características del grano de arroz como longitud, ancho, densidad y relación longitud ancho podrían influenciar directamente el peso de grano y determinan el centro blanco, índice de arroz integral o rendimiento de molino, arroz blanco o excelso y en general todo el producto elaborado. El peso de grano está correlacionado con el rendimiento de grano pero también está asociado con características de calidad de grano como son apariencia, calidad nutricional, molinería, cocción y cualidades de consumo, por lo tanto, las investigaciones en genética y análisis de QTL de características de grano son extremadamente importantes en el mejoramiento de una buena calidad y alto rendimiento en arroz. Varios estudios en este sentido muestran que la longitud del grano, el peso, el ancho y el peso de 1000 granos exhiben distribución normal y continua en sus progenies, demostrando que son características cuantitativas (Mao-Mao, 2010).

2.4 Calidad del arroz

La calidad del grano probablemente ha sido utilizada como un criterio para seleccionar arroz desde que los humanos lo comenzaron a cultivar. Para los programas de mejoramiento la calidad del grano ha tenido un papel clave en la investigación y en el futuro, la calidad del grano será aún más importante una vez que muchos de los más pobres los cuales dependen en gran medida del arroz para su alimentación básica, mejoren su situación y así comiencen a exigir mayor calidad del arroz (Juliano, 1993b).

En los países donde el arroz es consumido las características de calidad de grano dirigen el valor en el mercado y juegan un papel crucial en la adopción de variedades (Juliano, 1993a). Estas variedades abarcan además de su comportamiento en el proceso de molinería, la apariencia física, comportamiento en cocción, propiedades sensoriales y el valor nutricional, especialmente, en altos contenidos de hierro y zinc.

Algunos de los atributos de la calidad de arroz están relacionados con las propiedades fisicoquímicas del grano tales como tamaño, forma, peso, pigmentación, dureza, temperatura de gelatinización, contenido de amilosa, etc., otros se refieren a la cosecha y a su manejo incluidas las labores de recolección, secado, transporte, procesamiento, almacenamiento, etc (CIAT, 1989), este parámetro corresponde al porcentaje de grano entero.

La calidad del arroz depende de las diferencias entre culturas, hábitos y gustos. El valor de cada característica por ejemplo, la longitud de grano varía de acuerdo con la cocina y cultura locales, las propiedades físicas incluyendo rendimiento del grano pulido comestible y mercadeable, forma uniforme, blancura y en la mayoría de los países translucidez, son características inmediatamente obvias para los consumidores y por eso son los principales factores que definen el valor comercial del arroz. La cocción y propiedades sensoriales comúnmente incluyen tiempo de cocción, textura del arroz cocido, aroma y comportamiento después de cocción y son factores que le proporcionan a una determinada marca su reputación comercial (Fitzgerald, 2009).

Los estudios previos de características de grano de arroz, indican que son controladas por uno o dos genes mayores más algunos genes menores (Guo, 1985) citado por (Peyman., 2009) o por genes menores cuantitativos que podrían describirse a través de modelos aditivo – dominantes (Mo, 1993) citado por (Peyman, 2009).

2.4.1 Calidad Molinera del grano de arroz.

El rendimiento en el molino se constituye en un importante carácter para el arroz comercial debido a que el precio de los granos enteros es comúnmente el doble del precio que para los granos partidos (Childs, 2006) citado por (Kepiro, 2006); la molinería de arroz es un proceso de varios pasos que incluye el descascarado, el pulido o la remoción de la harina (salvado) y la clasificación o separación de los granos enteros de los partidos.

La calidad molinera o industrial se define principalmente con base en la proporción de granos que permanecen enteros y tres cuartos de su tamaño que se obtienen en el proceso después de ser sometido al descascarado y pulido (CIAT, 1989), este parámetro es lo que se conoce como porcentaje de grano entero o índice de pilada.

De acuerdo con Dong (2004), las características de rendimiento de molino, grano integral, porcentaje de grano entero (índice de pilada), y porcentaje de grano partido, obedecen a herencia cuantitativa. Los efectos epistáticos demuestran ser un importante factor, así como la interacción Genotipo x Ambiente (Lou, 2009).

Algunos autores revelan que el rendimiento de molinería está gobernado por varianza aditiva en comparación con efectos de dominancia; otras investigaciones previas indican que la forma de grano dependen de genes con efecto aditivo y efectos de la interacción aditiva x ambiente, indica también que la forma de grano es controlada principalmente por efectos genéticos pero también por la interacción con el ambiente. Los efectos aditivos juegan un importante papel para el desarrollo de la forma del grano de arroz y los efectos maternos y citoplasmáticos en la heredabilidad general (Zang, 2006).

Para autores como Gravois (1991), la varianza de genotipo x año es la más importante causa de variación para las características de rendimiento de grano integral y grano entero de arroz.

2.4.2 Calidad culinaria

En los últimos años la demanda de arroz de alta calidad se ha ido incrementando con el mejoramiento de la calidad de vida de los consumidores, especialmente en la calidad culinaria y cualidades al comerlo (Yan, 2010).

El almidón es el principal componente del arroz blanco haciendo parte de aproximadamente el 90% del su peso seco. Consta de amilosa y amilopectina,

sus componentes y estructura determinan en gran proporción la calidad del arroz blanco (Yan, 2010). La amilosa es una molécula esencialmente lineal de unidades α -(1 \rightarrow 4)-ligado a D-glucopiranosil poco ramificado, en cambio la amilopectina tiene alto peso molecular y estructura muy ramificada que consta de unidades de α -(1 \rightarrow 4)-ligado a D-glucopiranosil con 5 – 6% no distribuidos al azar y unidades α -(1 \rightarrow 6) - D-glucopiranosil. Estos dos polímeros están organizados en una estructura semicristalina y las propiedades funcionales del almidón del arroz son influenciadas por la relación amilosa – amilopectina (Chung, 2011).

El papel de la amilosa y la amilopectina en relación con las propiedades funcionales del almidón del arroz han sido ampliamente estudiadas. La temperatura de gelatinización se incrementa con contenidos altos de amilopectina y es negativamente correlacionada con la cantidad de cadenas cortas de amilosa y positivamente correlacionada con cadenas largas y ramificadas de amilopectina. Cadenas cortas ramificadas de amilopectina desestabilizan la estructura cristalina laminar, mientras que cadenas largas ramificadas pueden formar dobles hélices largas las cuales requieren alta temperatura para su completa disociación. Los contenidos altos de amilosa y las proporciones de cadenas largas ramificadas de amilopectina hacen que se incremente la temperatura para que el almidón se haga pastoso y viceversa además, que el perfil de viscosidad disminuya (Chung, 2011).

La calidad culinaria se evalúa usualmente a través de pruebas sensoriales pero esto dificulta el conocer el comportamiento en generaciones tempranas de F3 a F5 debido a que se requiere gran cantidad de arroz blanco y un especialista bien entrenado (Soon-Wook, 2011). Algunos métodos indirectos alternativos para la evaluación de calidad culinaria del arroz aceptados generalmente son contenido aparente de amilosa, consistencia de gel, temperatura de gelatinización y el perfil de viscosidad.

Algunos investigadores han determinado que el gen Waxy (Wx) que codifica para la síntesis de gránulos de almidón es un gen mayor que controla el contenido aparente de amilosa, la consistencia de gel y otras características como el perfil de viscosidad. El gen SSII-3 codifica para la enzima almidón sintetasa II-3 el cual es el principal factor que confiere temperatura de gelatinización. Además variedades de arroz con algunos de esos genes mayores, difieren ampliamente en índices de calidad, este fenómeno es posible por el efecto del ambiente en el que se desarrollan y los complejos mecanismos genéticos como típicamente son los de caracteres cuantitativos (Yan, 2010).

Según Lin (2005), entender la expresión de los genes en diferentes ambientes es necesario para mejorar las características de calidad culinaria del arroz. Algunos estudios muestran que el contenido de amilosa y la consistencia del gel son características cuantitativas, las cuales están influenciadas por efectos de la planta materna o el tipo de citoplasma. Además, el análisis de los diferentes sistemas genéticos indican que simultáneamente están controlados por efectos genéticos principales de semilla, citoplasma, planta materna y los efectos de la interacción Genotipo x Ambiente.

2.4.3 Apariencia del grano de arroz

La apariencia del grano descascarado y pulido es importante para los consumidores. Los componentes de la calidad en apariencia de grano son el primer criterio que es considerado por los mejoradores en el desarrollo de nuevas variedades a ser lanzadas para la producción comercial (Dela, 2000). Este criterio se refiere principalmente al aspecto del grano y depende del color, forma, tamaño, peso, longitud y translucidez (CIAT, 1989).

2.4.4 Tamaño del grano de arroz.

La longitud, ancho de grano y su relación son consideradas una importante medida de la calidad de grano en el comercio y representan los principales componentes del tamaño de grano. La preferencia de los consumidores varía con respecto al país y su población por ejemplo, en muchos países de América son preferidas las variedades de grano largo y fino en cambio en Japón y sureste de Asia predominan los granos cortos. El tamaño de grano ha sido correlacionado con el peso de grano, su comportamiento en el proceso de molinería, cocción y calidad culinaria.(Shao, 2010).

Los análisis genéticos de longitud o ancho de granos de arroz reportados por algunos investigadores y la mayoría de los estudios han mostrado que la forma del grano de arroz presenta herencia cuantitativa. Además algunos muestran que la forma de grano esta simultáneamente controlado por genes del endospermo triploide, genes citoplasmáticos y genes con efecto materno (Shi, 1996) y por efectos de la interacción genotipo – ambiente (Shi, 1999).

La longitud y el ancho del grano de arroz son caracteres de herencia cuantitativa. Los QTL para el tamaño de grano han sido identificados en cada uno de los doce cromosomas del arroz (Gramene.org, 2000 - 2008). Pero la precisa localización intracromosomal solo ha sido determinada para un pequeño grupo de estos

genes los cuales incluyen *gl-3*, *GS3*, *GW2*, *qSW5* y *GW5*. El *gl-3* controla la longitud de grano y está ubicado en el cromosoma 3, el *GS3* codifica para proteínas de trans - membrana, el *GW2* controla peso y ancho del grano en el cromosoma 2, el QTL clonado *qSW5* para ancho de grano en el cromosoma 5 está asociado con el incremento en el volumen de las espiguillas y el número de células en las glumas y finalmente el QTL *GW5* se piensa que es idéntico al *qSW5* (Shao, 2010).

Según Peyman (2009), los efectos de la interacción Genotipo x Ambiente no son significativos para la blancura e índice de alargamiento del grano al cocinarse, sin embargo, se pueden mejorar significativamente estos rasgos mediante selección. Los efectos de la interacción genotipo x ambiente son significativos para la longitud de grano y la forma después de la cocción. Para el caso de la longitud del grano después de la cocción debido a la importancia de los efectos no aditivos, se puede mejorar este carácter por selección de mejores padres con efectos de dominancia superior en mejoramiento de híbridos. Lo anterior basado en un cruzamiento dialélico completo para variedades iraníes.

2.4.5 Traslucidez del grano de arroz.

La apariencia de grano también se evalúa a través de la observación del centro blanco o regiones yesosas del grano la cual afecta la translucidez del mismo y son áreas opacas en el grano. La opacidad en el grano ocurre principalmente en el centro del grano y puede ocupar más del 50% del mismo. Es un carácter indeseable en todos los mercados excepto en el mercado arborio (risotto Italiano) y la mayoría de los mercados no aceptan contenidos mayores al 2% de opacidad en el grano (Lisle, 2000).

La translucidez del grano es afectado por el ambiente. Estudios de Tashiro y Ebata (1975), Tashiro y Wardlaw (1991), citados por (Lisle, 2000) muestran que altas temperaturas durante etapas específicas del desarrollo de grano incrementan la ocurrencia de centro blanco y yeso en los granos de arroz.

2.4.6 Retraso de Cosecha

El porcentaje de grano entero es influenciado por condiciones de secado antes de la cosecha, después de la cosecha, la manipulación y el proceso de molinería utilizado (McCauley, 2002). La tolerancia al retraso en cosecha se refiere principalmente a la capacidad del grano de arroz que permite obtener buenos valores de índice de pilada a pesar de ser cosechado días después del momento oportuno, es decir, con contenidos humedad que se consideran bajos para esta práctica.

El momento adecuado para la cosecha del arroz es de gran importancia ya que si es cosechado con demasiada humedad tiene un alto porcentaje de granos inmaduros, lo cual incrementa el porcentaje de granos yesosos que son susceptibles de romperse originando un bajo rendimiento en el molino. Si por el contrario la cosecha se realiza tarde, el cambio de humedad del grano por lluvias y el rocío de la noche y seguidamente el secado durante el día por el sol, hace que los granos se quiebren (CIAT, 1989). Los granos de arroz siendo higroscópicos ganan o pierden humedad cuando se exponen a variación en las condiciones de humedad relativa y temperatura. Cambios en la humedad pueden inducir estrés por tensión o compresión en el grano, los cuales conducen a menudo al desarrollo de grietas o fisuras. Más aún, las propiedades térmicas del material del grano cambian dependiendo de gradientes de temperatura y humedad ocurridos en el campo antes de la cosecha. Aquellos granos con fisuras, se rompen fácilmente durante el proceso de molinería (Mohapatra, 2010).

2.5 Poblaciones utilizadas en el análisis de parámetros genéticos

Las poblaciones más utilizadas en el análisis de parámetros genéticos y mapeo de QTL son F2, retro cruzamiento y dobles haploides de la progenie F1 a partir de dos padres heterocigotos. La relación basada en la detección de QTL depende de las poblaciones bien definidas desarrolladas por el cruzamiento entre dos padres. En las especies autóгамas el mapeo de QTL hace uso de las familias F2 o líneas derivadas, Fx retrocruzamiento (AC), líneas recombinantes endogámicas (RIL), líneas isogénicas cercanas (NIL) y dobles haploides (DH). Estas poblaciones son desarrolladas por el cruzamiento entre dos padres consanguíneos, con clara diferencia en el fenotipo, es decir, con contraste en el

rasgo de interés. Cada población de mapeo desarrollado a partir de los padres consanguíneos tiene sus propias ventajas y desventajas.

Los investigadores deben decidir la población adecuada en función de los objetivos del proyecto, la complejidad de la característica, tiempo disponible y si los marcadores moleculares para ser utilizados en la determinación del genotipo son dominantes o codominantes (Semagn, 2010).

Las líneas recombinantes endogámicas (RIL) hacen referencia al genotipo creado por el cruzamiento de dos variedades endogámicas seguidas por repetidos ciclos de autofecundación los cuales dan como resultado una nueva población endogámica cuyo genoma es un mosaico de los genomas parentales (Broman, 2005). Este grupo de poblaciones tiene ventajas sobre otros para el mapeo de genes de interés. Un individuo en particular puede ser multiplicado a través del tiempo sin sufrir cambios genéticos, con esto es posible tener representación de la población esencial y una F2 eterna con ilimitadas posibilidades de mapeo. De acuerdo con Reynolds (2001) las RIL desarrolladas utilizando el método de descendencia de semilla única (SSD) son una herramienta importante para demostrar ligamiento genético entre características en líneas homocigotas. Además, el estudio de estas poblaciones a través de ambientes permite estimar de manera clara la magnitud de la varianza aditiva presente en el cruzamiento y estimar otros parámetros de interés. Por esas razones, las RIL son una herramienta útil para determinar las bases genéticas de características complejas. (Reynolds, 2001).

2.6 Interacción Genotipo por Ambiente

La constitución genética de un individuo generalmente es constante de un ambiente a otro, por esto, cualquier variación fenotípica o expresión de un genotipo específico es atribuible al medio ambiente. La identificación de genotipos de alto rendimiento y estables a través de ambientes variables ha sido el continuo desafío de los mejoradores de plantas de todo el mundo lo cual se constituye en algo complicado por la frecuente ocurrencia de interacciones genotipo por ambiente (GxA) cuando el comportamiento relativo de los diferentes genotipos cambia si se desarrollan en ambientes diferentes. Los mejoradores de plantas direccionan la evaluación de (GxA), evaluando genotipos en ensayos multi – ambiente incluyendo condiciones favorables y desfavorables. (Alwala, 2010), a pesar de esto, esos esfuerzos para minimizar las interacciones de genotipo por

ambiente y mejorar las recomendaciones frente a un nuevo cultivar, muestran frecuentemente desviaciones observadas antes y después de la liberación de cultivares, esto puede ser debido a la falta de representatividad de los sitios de selección prueba así como la limitada comprensión de los factores responsables de las interacciones G x E (Ramburan, 2011).

Los enfoques utilizados actualmente para la comprensión de las interacciones genotipo por ambiente se pueden clasificar en dos estrategias. La primera consiste en la utilización de modelos de regresión factorial basados en tablas de doble entrada G E con variables concomitantes las cuales pueden ser los factores ambientales, características genotípicas o combinaciones entre ellas (Baril, 1995). La segunda estrategia consiste en la correlación de los valores genotípicos o ambientales derivados de los efectos principales aditivos y el análisis de la interacción multiplicativa (AMMI) analizando las covariables genotípicas y ambientales (Van Eeuwijk, 1995). Ambas estrategias aunque con enfoques diferentes han demostrado que produce resultados similares (Vargas, 1999).

2.7 Análisis Genético Estadístico

2.7.1 Diseño de Alfa Látice

Los diseños de Alfa Látice son un tipo de diseño de bloques incompletos que poseen ventajas sobre los arreglos en bloques completos. Por ejemplo, cuando el número de tratamientos a ser evaluados es alto, el diseño de bloques al azar no permite controlar de forma adecuada la variabilidad presente dentro del bloque pues la heterogeneidad dentro del bloque tiende a aumentar el error experimental y este disminuye la precisión del experimento. En este sentido, se han propuesto los diseños de bloques incompletos, en los cuales el número de parcelas por bloque es fijo y menor que el número de repeticiones de esta forma hay una reducción de la heterogeneidad ambiental dentro del bloque. Los diseños de bloques incompletos se llaman resolubles (“resolvable”) cuando los bloques se pueden agrupar en repeticiones y no resolubles cuando los bloques no se pueden agrupar en repeticiones.

Los Alfa Látice, son diseños resolubles replicados que dividen la repetición en bloques incompletos que contienen una fracción del total del número de entradas. Los genotipos son distribuidos entre los bloques de manera que todos los pares posibles ocurren en alguno de los bloques incompletos en igual frecuencia. Este

diseño permite remover los efectos del bloque incompleto desde los residuales de parcela y maximiza el uso de las comparaciones entre genotipos.

Los diseños de Alfa Látice fueron propuestos por Patterson y Williams (1976) en los que v tratamientos son puestos en bloques de tamaño k (k corresponde al número de parcelas dentro de cada bloque) de forma tal que v sea un múltiplo de k ($v = ks$) donde s corresponde al número de bloques dentro de cada repetición. De esta forma, una de las ventajas de los Alfa Látices cuando se comparan con los Látices cuadrados o rectangulares es que son menos restrictivos pues se puede usar una amplia gama de valores de v ; es decir la relación $v=ks$ es menos restrictiva que $v=k^2$. Como existen varios tipos de arreglos posibles, se utiliza la eficiencia del diseño que es la diferencia entre la varianza media con la cual se estimarían las diferencias entre las medias de los tratamientos y la varianza correspondiente para el caso de los bloques incompletos suponiendo que el cuadrado medio del error sea el mismo, para decidir cuál es la mejor combinación ks . Estos delineamientos de Alfa Látice $(0,1)$ presentan dos clases de asociados (λ_1, λ_2) en las que dos tratamientos nunca están juntos o están juntos en un único bloque del experimento. Una condición necesaria para la existencia de un diseño Alfa Látice $(0,1)$, con s bloques de tamaño k en cada una de las repeticiones es que k sea menor o igual a s . Existen además otros tipos de Alfa Látice $(0,1,2)$ (Ramalho, 2000).

En el análisis de los Alfa Látices para la comparación de los tratamientos existe la necesidad de realizar un ajuste en los promedios de los tratamientos que tenga en cuenta los efectos de los bloques para realizar adecuadamente la comparación de las medias. Por esta razón, para el análisis de este tipo de experimentos se utilizan modelos mixtos los cuales toman en consideración el análisis intra e inter bloque. Un modelo mixto es un modelo lineal en el cual más de un efecto es aleatorio y otro aparte de la media general es fijo (Piepho, 2008).

2.7.2 Estimación de Varianzas

Según Hallauer (1998), Fisher (1918) fue el primero en demostrar que la varianza heredable en una población, puede ser descompuesta en tres partes: una porción aditiva asociada con el promedio de los efectos de los genes, una porción de dominancia, debida a la interacción entre alelos y una porción debida a las interacciones no alélicas o efectos epistáticos.

La varianza aditiva mide la cantidad de variación existente en la población que es debida a los efectos aditivos de los genes. En consecuencia, mide la variación en los efectos que son transmitidos de una generación a la próxima y tiene un papel fundamental en la predicción del cambio en el promedio de la población que se puede lograr mediante la selección.

La estimación de varianzas y medias en una población es importante para los fitomejoradores para: Diseñar programas de mejoramiento para especies de domesticación reciente; predecir la respuesta a la selección recurrente; determinar la cantidad de recursos que se dedicarán a ensayos de evaluación en campo dependiendo de las magnitudes de las varianzas genéticas, de la interacción y del error experimental; construir índices de selección; predecir el valor como progenitor a través del uso del mejor predictor lineal insesgado (BLUP) (Bernardo, 2002).

La estimación de varianzas se realiza mediante la construcción de un diseño genético entre los que se encuentran: Diseños de solo un factor, diseño factorial, diseño anidado, diseño III y cruzamientos dialélicos. Los diseños de un factor se refieren a la evaluación de un solo tipo de progenie en varios ambientes cuando la interacción del genotipo con el ambiente es importante o solo en un ambiente. Normalmente, las progenies, replicaciones y ambientes son consideradas efectos aleatorios; se realiza un análisis de varianza combinado y a partir de este se estiman las varianzas y los componentes de varianza, posteriormente, estos son interpretados en términos de la covarianza entre parientes. Los tipos comunes de progenies que se utilizan son: Medios hermanos, Testcrosses, Hermanos completos, Líneas Recombinantes Endogámicas y Clones. En las líneas recombinantes endogámicas, la varianza entre las progenies es igual a dos veces la varianza aditiva (Bernardo, 2002).

Los métodos para la estimación de los componentes de varianza han ido evolucionado a lo largo del tiempo. El primer método utilizado es el denominado del ANOVA, en el cual se derivan las esperanzas de los cuadrados medios de las fuentes de variación de acuerdo con el modelo, luego se igualan los valores numéricos de los cuadrados medios a sus esperanzas y se resuelven las ecuaciones para obtener cada componente; este método es útil para datos balanceados. Para lidiar con datos desbalanceados Henderson propuso en 1953 adaptaciones al método del ANOVA; lo que se llamó métodos I, II y III de Henderson. El método I utiliza las sumas de cuadrados que son desbalanceados en una forma análoga a aquellos utilizados con métodos desbalanceados; el método II ajusta los datos para todos los efectos fijos que están en el modelo y

luego utiliza el método I; el método III utiliza las sumas de cuadrados que son el resultado de del ajuste de un modelo lineal y sus submodelos. Otro método es el denominado de máxima verosimilitud (ML) está basado en el supuesto de normalidad en el cual se buscan los estimadores de los parámetros que maximicen la ecuación de probabilidad y de densidad; lo cual se obtiene por medio de derivadas parciales. Se plantea que el estimador ML suele producir estimaciones sesgadas de la varianza porque no tiene en cuenta los grados de libertad, que se pierden al estimar la media. Para evitar este problema se propuso el método de Máxima Verosimilitud Restringida (REML) el cual es una adaptación del método ML que maximiza la parte de la probabilidad de la cual se dice es invariante; para el modelo de un factor esto significa maximizar la parte de la probabilidad que no envuelve al parámetro μ ; en este modelo la estimación REML consiste en obtener estimadores de los parámetros σ^2_e , σ^2_α , que maximicen la función de probabilidad dentro del espacio de parámetros de σ^2_α mayor o igual a cero y σ^2_e mayor de cero (Searle, 1992).

La estimación máxima verosimilitud restringida (REML) presenta algunas limitaciones, como es el caso de la estimación de parámetros de interés en presencia de parámetros dependientes (como es la estimación de componentes de varianza cuando desconocemos la media de la distribución), en cuyos casos se requiere recurrir a verosimilitudes restringidas, no siempre fáciles de deducir. Así mismo, la distribución de los estimadores solo es conocida de forma asintótica y la obtención de intervalos de confianza puede producir intervalos “absurdos” que contengan valores del parámetro fuera del espacio paramétrico. La idea base de la teoría bayesiana consiste en considerar que tanto los parámetros (en este caso las varianzas) como los efectos aleatorios y los datos tienen distribuciones asociadas. De esta forma, cualquier información que se posea sobre la probabilidad de los valores de los parámetros puede introducirse en proceso de estimación y aumentar la calidad de información disponible y, por tanto, la precisión de las estimaciones. Por ejemplo, si se trata de estimar una varianza, se sabe que la probabilidad de valores negativos es nula y además se puede saber alrededor de qué valores esperamos que esté el verdadero valor por experimentos previos o referencias bibliográficas. Así como la estimación REML hace uso de la función de verosimilitud o funciones que describen la probabilidad de observar unos valores de la variable medida dados los parámetros desconocidos, la inferencia bayesiana hace uso de la distribución posterior obtenida a partir de la función de verosimilitud, que describe la información contenida en los datos con respecto al parámetro de interés, y de la distribución a priori que se asigna a los parámetros.

2.7.3 Correlaciones genéticas

Las correlaciones miden el grado de asociación entre dos variables o características, su valor sin unidades se mide en el intervalo de -1,0 a 1,0; es así como una correlación de 1,0 indica el grado máximo de asociación directa entre las variables y si el coeficiente de correlación es 0 no existe asociación entre las dos variables. En ocasiones un mismo grupo de genes influye sobre dos caracteres simultáneamente, a este efecto se debe el que varios caracteres estén correlacionados genéticamente, sin embargo, cualquier valor ambiental puede producir también correlaciones entre caracteres.

Las correlaciones genéticas en mejoramiento son útiles para estimar el efecto que tiene la selección con base en un carácter sobre otros cuyos genes están asociados, permitiendo realizar selección indirecta (Falconer, 1986). Sin embargo, para realizar la selección indirecta se debe cumplir que la correlación genética aditiva (r_{GA}) tenga una magnitud importante y que la heredabilidad del carácter secundario sea mayor que la del primario (Hallauer, 1981).

En otras palabras, el conocimiento de la asociación entre caracteres se constituye en una herramienta de gran importancia para los trabajos de mejoramiento especialmente cuando la selección de una de ellos presenta dificultades debido a la baja heredabilidad o se tienen problemas para la medición o identificación (Cruz, 2004).

La causa principal de las correlaciones genéticas es la pleiotropía, asociación de genes a uno o varios caracteres o rasgos, ligamiento genético son causas transitorias, especialmente en poblaciones derivadas de cruzamientos entre linajes divergentes (Falconer, 1986). En algunos casos la selección con base en la respuesta correlacionada puede generar progresos rápidos comparados con la selección directa. Entre tanto si un carácter se correlaciona negativamente con unos y positivamente con otros, se debe realizar la selección con especial cuidado de no provocar cambios indeseables en el fenotipo (Cruz, 2004).

2.7.4 Mejor predictor lineal insesgado (BLUP)

El mejor predictor lineal insesgado por sus siglas en ingles BLUP es una metodología estadística que ha sido utilizada extensivamente en mejoramiento animal (Xie, 1996), la cual constituye la predicción natural de efectos aleatorios del modelo mixto lineal general, minimizando el error cuadrático medio de la predicción dentro del conjunto de los predictores insesgados (Harville, 1990); (Robinson, 1991).

La predicción de efectos aleatorios implica determinar, para cada nivel del factor de efecto aleatorio, una predicción de su ubicación dentro de la distribución normal de la que proviene. El efecto aleatorio asociado al i -ésimo sujeto indica cómo éste se desvía del valor esperado. El BLUP produce un corrimiento de las predicciones hacia la media general de las observaciones que depende de la relación entre las componentes de varianza involucradas. En general, las predicciones son menos dispersas que las estimaciones.

En consecuencia el BLUP provee una adecuada vía de clasificación y selección de animales o plantas dadas varias mediciones en rasgos de su propio rendimiento y la información de sus progenies (Xie, 1996).

2.7.5 Análisis de Biplot:

Según Camargo (2011), el modelo GGE Biplot es una herramienta que ha incrementado su popularidad entre fitomejoradores y otros investigadores agrícolas la cual permite examinar mediante la interacción del genotipo por el ambiente, la capacidad de discriminar los ambientes prueba y seleccionar genotipos superiores; el biplot se trata de un diagrama de dispersión que muestra gráficamente una base de datos de dos vías: tanto las entradas (por ejemplo, variedades) y los probadores (por ejemplo ambientes), <http://www.ggebiplot.com/>. En el mejoramiento y los datos de la genética, los probadores también pueden ser características, marcadores genéticos, etc. Matemáticamente un biplot puede ser considerado una representación grafica de la multiplicación entre matrices (Yan, 2006).

Las aplicaciones prácticas del biplot fueron descritas primero por Gabriel (1971) quien afirma que cualquier tabla de dos vías puede ser graficada y analizada usando un biplot en dos dimensiones en cuanto estas puedan ser suficientemente aproximadas por una matriz jerarquizada. Dada una tabla de genotipo por ambiente de dos vías P de m genotipos y n ambientes, el análisis de biplot

comienza con la descomposición en tres matrices G, L y E vía la descomposición de sus valores singulares. Esos datos sometidos a la descomposición de valores singulares, su descomposición resulta en tres matrices: la matriz de valor singular, la matriz de entrada de vector propio y el probador matriz de auto vectores.

En los gráficos biplot la interpretación se basa en conceptos geométricos sencillos considerando que la similitud entre individuos es una función inversa de la distancia entre los mismos, sobre la representación biplot en determinados tipos, las longitudes y los ángulos de los vectores que representan a las variables se interpretan en términos de variabilidad y covariabilidad respectivamente y las relaciones entre individuos y variables se interpretan en términos de producto escalar, es decir, en términos de las proyecciones de los puntos "individuo" sobre los vectores "variable".

3. MATERIALES Y MÉTODOS

3.1 Localidades

Se dispuso de dos localidades contrastantes en dos diferentes zonas arroceras de Colombia, el Caribe húmedo y el La Zona Valle del Cauca durante dos semestres, que representarán los ambientes arroceros de Colombia:

PALMIRA – CIAT (Centro Internacional de Agricultura Tropical) coordenadas 3°30' 5,49" latitud Norte y 76° 21' 47,19" longitud Oeste.

MONTERÍA – centro de investigación La Victoria - FEDEARROZ-FNA. coordenadas geográficas 8° 48' 34,85" latitud Norte y 75° 51' 13,45" longitud Oeste. Utilizado como sitio caliente hot spot para la expresión de centro blanco.

3.2 Material Genético

En este estudio se utilizaron 162 Líneas recombinantes endogámicas RIL (Recombinant Inbred Lines) en la generación F7 derivadas del cruzamiento simple entre dos variedades colombianas: Fedearroz 60 y Fedearroz 473. Las líneas endogámicas fueron obtenidas a través del método de descendencia de semilla única (s.s.d.). De cada planta F2 proveniente del cruzamiento se sembró al azar una semilla para avanzar a la siguiente generación, repitiendo el proceso en F3 y hasta F5. A partir de la generación F6 se cosecharon plantas individuales sembradas en surcos individuales separadamente (Vallejo et. al., 2002).

Los genotipos utilizados como progenitores son variedades utilizadas por los agricultores en las diferentes zonas arroceras de Colombia y poseen caracteres fenotípicos contrastantes para algunos componentes de rendimiento como: número de panículas por unidad de área, longitud de panícula, fertilidad y peso de grano, así como, características de calidad molinera, apariencia y culinaria como son índice de pilada, porcentaje de grano partido, centro blanco, grano yesado y contenido de amilosa (Perez, 2005).

3.3 Diseño experimental

En cada ambiente (localidad x semestre) se utilizó el diseño experimental en Alfa Látice con 162 líneas endogámicas y los parentales Fedearroz 60 y Fedearroz 473.

Se utilizaron tres repeticiones: cada una de ellas conformó 12 bloques con 14 genotipos y las unidades experimentales con tamaño de parcela de 6,0 m². Cada parcela conformada por ocho surcos de 2,5 m, separados 0,3 m. La densidad de siembra con 2 g/m de semilla, es decir, 80 kg/ha en siembra directa. Para el caso de rendimiento el área efectiva tenida en cuenta evadiendo el efecto de borde para evitar la competición o contaminación entre parcelas vecinas (Zimmermann, 2004) fue de 3,6 m².

3.4 Manejo agronómico de los ensayos

El manejo agronómico se llevó a cabo según la ocurrencia de eventos en cada localidad donde se realizó la prueba, tales como implementación de riego, fertilización de acuerdo con los requerimientos y con base en análisis de suelo, control de malezas de acuerdo con la aparición de especies arvences.

La preparación del suelo Montería se hizo con el sistema convencional en seco (dos pases de rastra y dos pases de rastrillo pulidor). Mediante el sistema en húmedo (fangueo) en Palmira. La fertilización se realizó en forma manual y de acuerdo con el análisis químico y las recomendaciones en manejo del cultivo en cada localidad.

El control químico de las malezas se realizó con una aplicación en pre emergencia de la mezcla oxadiazón (3 l/ha) y butachlor (3 l/ha) en la localidad de Montería. En Palmira fue en post emergencia, tres días después del trasplante con propanil (3 l/ha), butachlor (3 l/ha) y Benzotiadizina (1,5 l/ha). En las dos localidades se realizaron dos aplicaciones adicionales en posemergencia: una para control de ciperáceas y hoja ancha con bentazon (2 l/ha) y 2, 4-D amina (0.3 l/ha) y otra para gramíneas con cyhalofop n-butyl ester (1.5 l/ha).

3.5 Variables de respuesta

Las variables fueron medidas de igual manera para las diferentes localidades y ambientes en donde se desarrollaran los ensayos de campo, tomando como referencia la escala de evaluación estándar para arroz (IRRI, 2002), incluyendo datos como:

Rendimiento (kg/ha), medida en cosecha con humedad de grano ajustada al 14%.

Evaluación de calidad molinera involucra varios componentes a tener en cuenta como parámetros de este aspecto:

Índice de pilada (IP) o porcentaje de excelso en cosecha oportuna con respecto a 100 gr de paddy seco.

Índice de pilada (IP) o porcentaje de excelso en Cosecha Retrasada con respecto a 100 gr de paddy seco.

Porcentaje de centro blanco medido en la muestra de grano excelso obtenido a partir de cosecha oportuna.

Porcentaje de grano yesado medido en la muestra de grano excelso obtenido a partir de cosecha oportuna..

Contenido aparente de amilosa medido en la muestra de grano excelso obtenido a partir de cosecha oportuna.

3.6 Procedimiento para obtención de datos de las variables evaluadas

3.6.1 Rendimiento

El rendimiento de grano de cada unidad experimental se calculó luego de cosechar el área útil o efectiva de la parcela registrando como peso de campo en kilogramos (con dos decimales) y se determinó el porcentaje de humedad para uniformizar al 14 % mediante la siguiente fórmula:

$$\frac{\text{kg/ha} = \text{peso campo (kg)} \times (100 - \text{porcentaje humedad}) \times 5.81}{5.81 = (10000\text{m}^2/20\text{m}^2) \times (1/(100-14))}$$

3.6.2 Evaluación de calidad molinera

Índice de Pilada en Cosecha Oportuna

El índice de pilada es la relación porcentual entre la cantidad total de granos enteros y tres cuartos de arroz descascarado y pulido, obtenido luego de separar los granos partidos (fracciones menores a tres cuartos de un grano entero) de la muestra de rendimiento de molino o masa blanca.

En cosecha oportuna (humedad del grano 22-24%) se tomó una muestra (empacada en bolsa de papel) de 600 gramos de cada una de las parcelas, se realizó extracción de impurezas o venteado, secando en estufa a temperatura constante de 32 °C hasta 14 % de humedad.

El índice de pilada (IP) o porcentaje de grano excelso (ICONTEC, 2001a) se obtuvo a partir de una porción de 100 g de arroz con cáscara seco al 14% de humedad el cual se descascaró y pulió en un molino de laboratorio calibrado de acuerdo con las especificaciones del mismo para el tamaño y la forma común del grano entero con cáscara o paddy seco. Posteriormente se pesó el arroz blanco producto de pulir la muestra que incluye el grano entero y partido, para determinar el porcentaje de rendimiento de pilada o rendimiento de molino. Luego el grano que compone el rendimiento de molino se separó en granos enteros y en granos partidos, empleando un tambor alveolar incluido en el molino de prueba Suzuki modelo MT, cuyo tamaño es menor de 0,75 de la longitud promedio total del grano, para separar el grano partido del grano entero. El IP correspondió al porcentaje de granos de arroz blanco entero y superiores a tres cuartos o 0,75 de la longitud total del grano descascarado y pulido expresado en porcentaje, mediante la siguiente ecuación:

$$\%IP = \frac{\text{masa total (granos enteros), en gramos}}{\text{masa de arroz con cáscara seco y limpio, en gramos}} \times 100$$

Centro blanco

El grano con centro blanco es aquel grano de arroz elaborado entero o partido, de apariencia cristalina, que presenta en su parte ventral una mancha blanca o almidonosa, inherente de la variedad, la cual no influye para su clasificación (ICONTEC, 2001b). Para su evaluación se utilizó la metodología propuesta por (CIAT, 1989) la cual inicia con una muestra de tres a cinco gramos sobre una superficie oscura los cuales se evaluaron mediante escala, luego se consiguió el valor promedio de los granos evaluados que representaron el grado de centro blanco de la muestra.

Porcentaje de grano yesado

El grano yesado es aquel que presenta un aspecto opaco, con apariencia de yeso o tiza en más del 50% del grano.

Para determinar el porcentaje de granos que presentara yeso se tomó una muestra de 25 g del blanco total. Posteriormente se separaron los granos translúcidos de los granos con opacidad y se obtuvo el peso de los últimos, este valor se multiplicó por cuatro, para así determinar la proporción porcentual de la variable.

Contenido de amilosa

Es la cantidad de amilosa en porcentaje, contenida en el grano blanco pulido, se determinó en el CIAT-FLAR, a través de la lectura en un equipo NIR que mide el espectro del infrarojo cercano y permite a través de la estandarización del mismo la lectura del contenido de almidones tipo amilosa en harina de grano de arroz.

Longitud y ancho del grano

Se tomó una muestra promedio de diez granos enteros, en los cuales se midió la longitud y el ancho de los mismos utilizando un calibrador digital.

Índice de Pilada en cosecha retrasada

Es el porcentaje de grano blanco entero más $\frac{3}{4}$ o índice de pilada, de aquellas muestras que son cosechadas varios días después del momento oportuno o son sometidas a procesos de simulación del retraso de cosecha en el laboratorio. Se determinó en el laboratorio de calidad molinera del programa de arroz CIAT – FLAR. A través de un proceso adaptado y estandarizado en tina de retraso que simula el comportamiento de grano cosechado entre 10 – 20 días después del momento de cosecha oportuna el cual se considera cuando el grano presenta humedad entre el 22 – 24 %.

El proceso en la tina de remojo o retraso consistió en sumergir las muestras en agua potable por dos horas, al cabo de las cuales se drenó y continuó un proceso de 20 horas con el accionar del ventilador de la tina. Finalmente un proceso de incremento de temperatura accionando por una hora la fuente de calor del equipo de simulación.

Luego de este proceso se permitió un periodo de diez días de reposo en condiciones de sombra y temperatura ambiente para que la muestra fuera sometida al proceso de descascarado, pulido y clasificado determinando así, el índice de pilada en condiciones de cosecha retrasada.

3.7 Análisis Estadístico - Genético

Luego de verificar los supuestos necesarios para el análisis de varianza como normalidad e independencia del error y homogeneidad de varianza entre los tratamientos. Se realizó análisis de varianza por localidad considerando el modelo de Alfa Látice como lo muestra (Piepho, 2008).

Cuyo modelo corresponde a (ecuación (2.1)):

$$Y_{ijk} = \mu + r_i + b_{j(i)} + g_k + e_{ijk} \quad (2.1)$$

En el cual:

Y_{ijk} : rendimiento del genótipo k en el bloque j de la repetición i

u: es la media general

r_i : efecto de la repetición i ; con $i = 1, 2, \dots, r$

$b_j(i)$: efecto del bloque j anidado dentro de la repetición i ; donde

g_k : es el efecto del genotipo k

e_{ijk} : es el error experimental a la observación ijk

Para este modelo las esperanzas de los cuadrados medios se muestran en la cuadro 1.

Cuadro 1. Esperanzas de los cuadrados medios para el modelo de Alfa Látice en una localidad considerando el efecto de los genotipos y bloques dentro de las repeticiones como efectos aleatorios.

FDV	GI	QM	EQM
Rep	$r-1$	CM ₁	$\sigma_e^2 + g\sigma_{(B/R)}^2 + \frac{\sum_{i=1}^r r_i^2}{r-1}$
Bloques/Rep	$(b-1)r$	CM ₂	$\sigma_e^2 + g\sigma_{(B/R)}^2$
Genotipos	$(g-1)$	CM ₃	$\sigma_e^2 + rb\sigma_{(G)}^2$
Error	$r(b-1)(g-1)$	CM ₄	σ_e^2

Para la estimación de los componentes de varianza se utilizó el procedimiento PROC VARCOMP del programa SAS® (SAS institute, 1926) con la opción REML. Para probar la significancia de efectos fijos del modelo con la utilización del PROC MIXED del programa SAS. En este mismo procedimiento, se utilizó la

opción random gen/ solutions para obtener el BLUP de cada línea recombinante endogámica, que es una medida de su valor genético. Se consideró incluir en el cálculo de estos valores la matriz de varianza covarianza incluyendo el coeficiente de parentesco como es sugerido por (Piepho, 2008).

De acuerdo con lo expuesto por (Lopes de Sousa Junior, 1989), la variabilidad genética en las generaciones segregantes de las especies autóгамas sigue un modelo preciso en el cual la variabilidad genética es función del coeficiente de endogamia de acuerdo al siguiente modelo (ecuación (2.2)).

$$\sigma_G^2 = (1+F)\sigma_A^2 + (1-F)\sigma_D^2 + 4FD_1 + FD_2 + F(1-F)\tilde{H} \quad (2.2)$$

Como la población de RIL fue desarrollada a partir de un cruzamiento entre dos líneas puras, en esta situación las frecuencias de los alelos segregantes para un locus es $p=q=0,5$ y la expresión se reduce a (ecuación(2.3)).

$$\sigma_G^2 = (1+F)\sigma_A^2 + (1-F^2)\sigma_D^2 \quad (2.3)$$

Para el caso de la autofecundación el coeficiente de endogamia se calculó utilizando la siguiente fórmula (ecuación (2.4))

$$F_t = \frac{1}{2} * (1 + F_{t-1}) \quad (2.4)$$

Lo cual indica que la endogamia en la generación F_7 es de 0,98 por lo que los efectos de la varianza de la dominancia son muy bajos; por tanto es posible asumir que la varianza genética en esta generación es (ecuación (2.5)):

$$\sigma_G^2 = 2\sigma_A^2 \quad (2.5)$$

La heredabilidad en sentido estrecho se calculó mediante (ecuación (2.6)):

$$h^2 = \frac{\sigma_A^2}{\left(\sigma_A^2 + \sigma_e^2 / rb\right)} \quad (2.6)$$

Para obtener las correlaciones entre caracteres se realizó un análisis de covarianza y se estimaron las correlaciones fenotípicas, ambientales y genotípicas y se estimó la correlación genética aditiva (Waldron, 2003), de acuerdo con la siguiente ecuación (2.7)

$$r_{A(xy)} = \frac{\sigma_{A(xy)}}{\sqrt{\left(\sigma_{A(x)}^2 * \sigma_{A(y)}^2\right)}} \quad (2.7)$$

En la cual:

$\sigma_{A(xy)}$ = La covarianza genética aditiva para los caracteres x e y

$\sigma_{A(x)}^2, \sigma_{A(y)}^2$ = Son las desviaciones genéticas aditivas estándar para los caracteres x e y.

Estos componentes fueron calculados con las esperanzas de cuadrados del análisis de covarianza y de la estructura familiar utilizada en este caso.

Para el análisis conjunto se verificó la homogeneidad de las varianzas entre las localidades utilizando la prueba de Bartlett. Luego se realizó el análisis conjunto según el diseño bloques incompletos Alfa-Látice repetidos en varios ambientes. Los ambientes son considerados efectos fijos. Para el análisis de los datos se extendieron los programas en el PROC MIXED para su uso a través de ambientes. Se estimó la varianza aditiva, la varianza de la interacción y los BLUP de las RIL. Luego se calculó la varianza aditiva, la heredabilidad y las correlaciones a través de ambientes.

Se utilizó el análisis de GGE Biplot para la interacción del genotipo con el ambiente para aquellas variables en las cuales la interacción fue significativa.

4.0 RESULTADOS

4.1 Análisis de la varianza

La prueba de homogeneidad de varianzas de Bartlett verificó los supuestos de distribución normal.

El análisis de varianza combinado para todos los ambientes, considerando los cuatro ciclos de evaluación que incluyen dos localidades Montería y Palmira durante dos semestres para las diferentes variables abordadas mostró efectos diferentes altamente significativos debidos a los ambientes, repeticiones en ambientes, genotipos y la interacción de genotipo y ambiente. Es decir, que la oferta ambiental en las localidades donde se realizó la evaluación es disímil para el desarrollo del cultivo de arroz, donde la expresión fenotípica de los caracteres en estudio resultó diferente para cada uno de estos. Así mismo, para las variables índice de pilada en cosecha oportuna y cosecha retrasada se encontraron diferencias significativas entre los genotipos en evaluación ya que la expresión de estos caracteres puede estar influenciada por las condiciones de ambiente en los que se evaluó una población de RIL en un diseño de Alfa Látice, Cuadro 2.

4.2 Distribución de medias ajustadas de las variables en evaluación

La distribución de medias ajustadas fue normal para la población de líneas RIL para las variables rendimiento, Índice de pilada, Índice de pilada en cosecha retrasada, proporción de centro blanco, grano yesado, longitud y ancho de grano y contenido de amilosa, lo que sugiere que estas variables presentan herencia de tipo cuantitativo, es decir, el resultado fenotípico de estos caracteres es el resultado de la interacción de varios loci entre sí y afectados por el ambiente. Hubo segregación transgresiva para las variables en evaluación y los sesgos o asimetría negativos o positivos en cada caso indican que el progenitor Fedearroz 60 presenta factores genéticos que influyen de manera positiva dominante a la expresión de los caracteres en estudio.

La segregación transgresiva lo cual demuestra que existen factores positivos en el padre de menor promedio que complementan los factores en el mejor de los padres y por otro lado existen factores negativos en el mejor de los padres que complementan los factores negativos del peor padre y causan la aparición de individuos con muy bajo comportamiento en cuanto a rendimiento de grano. La presencia de individuos que sobrepasan los límites de los progenitores, lo cual según Cubero (2003), faculta al mejorador para obtener individuos con expresiones más convenientes o deseables del carácter e inexistentes con anterioridad.

El sesgo o asimetría con respecto a la media (-0,05) muestra que el rendimiento de los genotipos de la población se distribuyen de manera típica de los caracteres cuantitativos, es decir, que para su expresión es necesaria la acción de múltiples genes y esta ligera desviación negativa determina que un mayor número de individuos exhiben rendimientos inferiores al promedio de la población, sin embargo, es posible que esto corresponda a efectos del ambiente en evaluación.

4.2.1 Rendimiento

Los padres Fedearroz 60 y Fedearroz 473 mostraron promedios diferentes para la variable rendimiento de grano en los semestres y localidades evaluadas; 6131 kg/ha y 4085 kg/ha respectivamente, Figura 1.

Cuadro 2. Análisis de varianza para rendimiento de grano al 14 %, Índice de pilada, Índice de pilada en retraso de cosecha, proporción de centro blanco, grano yesado, longitud y ancho de grano y contenido de amilosa en una población de RIL del Cruce de Fedearroz 60 x Fedearroz 473.

F. V.	G.L.	Rendimiento	Indice Pilada	I.P: Retraso	Amilosa	Centro B/co	Yesado	Largo	Ancho
		CM	CM	CM	CM	CM	CM	CM	CM
Ambiente	3	1969,74**	14221**	29665**	1459.84**	56.32**	1001**	7.66*	0.64**
Rep (Amb)	8	0.96**	84.09**	299.48**	12.01**	1.04**	10.50**	0.90**	0.02**
Genotipo	167	2.88**	37.34*	329.58**	7.97**	0.37**	605.64**	0.86**	0.05**
Amb x Gen	501	1.40**	29.26**	87.33**	3.06**	0.14**	983.87**	0.13**	0.01**
Error	1335	0.18	11.65	11.27	1.50	0.02	110.43	0.02	0.002

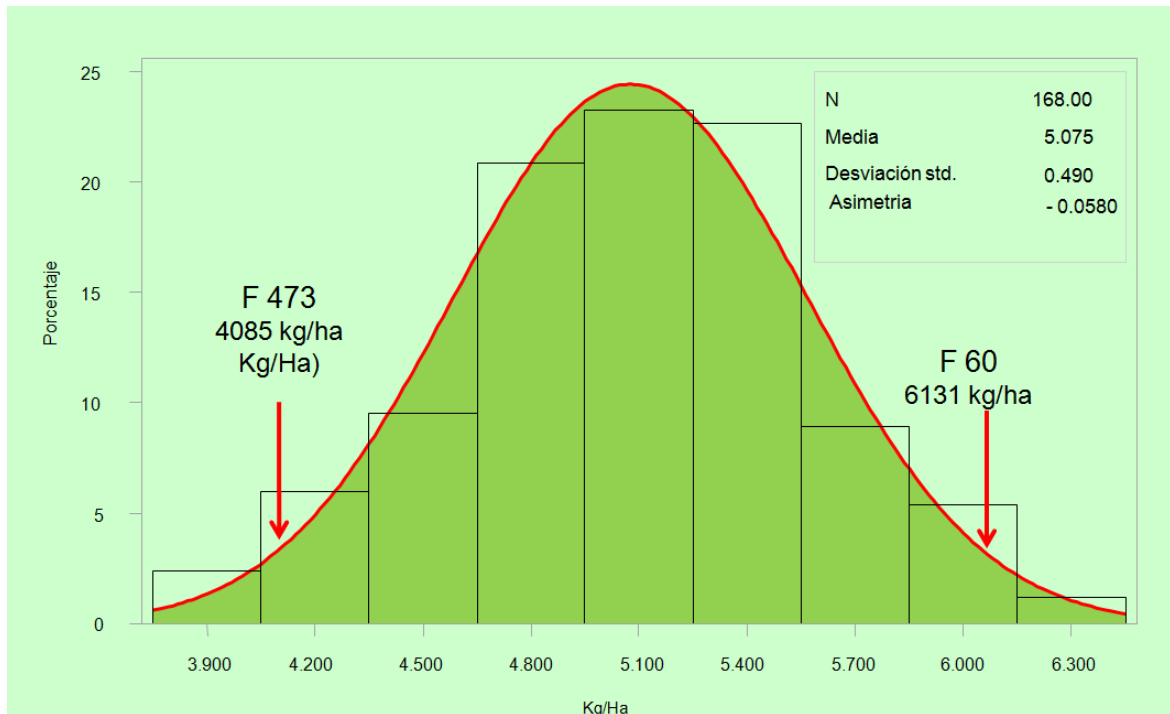


Figura 1. Distribución de medias ajustadas para rendimiento de grano de una población de líneas Recombinantes Endogámicas del cruzamiento entre las variedades Fedearroz 60 y Fedearroz 473.

4.2.2 Índice de Pilada en Cosecha Oportuna

La variable IP en cosecha oportuna es de 59% para Fedearroz 60 y de 56% para Fedearroz 473. Esto indica que en el proceso de molinería del arroz y de acuerdo con la exigencia por la industria la variedad Fedearroz 60 se encuentra en el grupo uno (mayor a 58% de I.P.) entre tanto que la variedad Fedearroz 473 es menos preferida por recuperar menos grano excelso (Figura 2).

La distribución presenta un sesgo o asimetría de -0,75 la cual muestra un mayor número de individuos en la población con índices de pilada bajos y a su vez una mayor participación de los genes del progenitor Fedearroz 60 en el buen comportamiento de los individuos sobresalientes en este carácter (Figura 2).

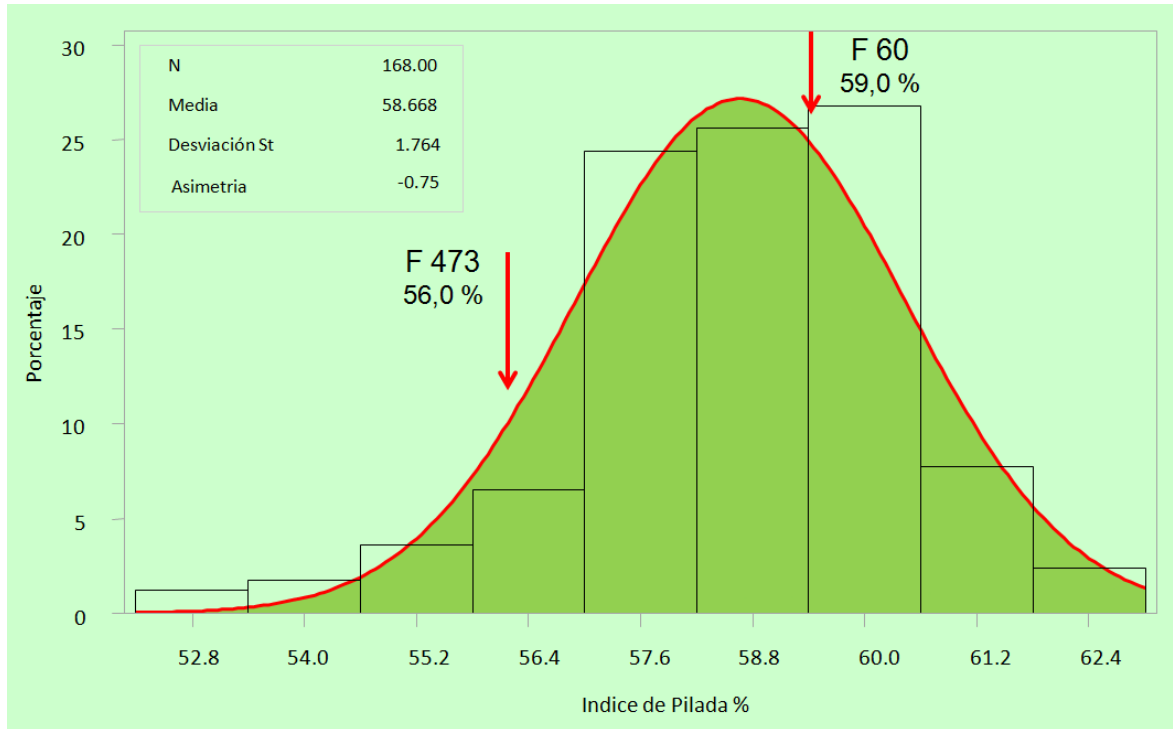


Figura 2. Distribución de medias ajustadas para Índice de pilada en cosecha oportuna de una población de líneas Recombinantes Endogámicas del cruzamiento entre las variedades Fedearroz 60 y Fedearroz 473.

4.2.3 Índice de Pilada en Cosecha Retrasada.

La distribución de las medias ajustadas a través de cuatro ambientes por los efectos de los genes y de los ambientes para la variable inidica que son diferentes en su respuesta al proceso de molinería en condiciones de cosecha tarde o retrasada (Figura 3).

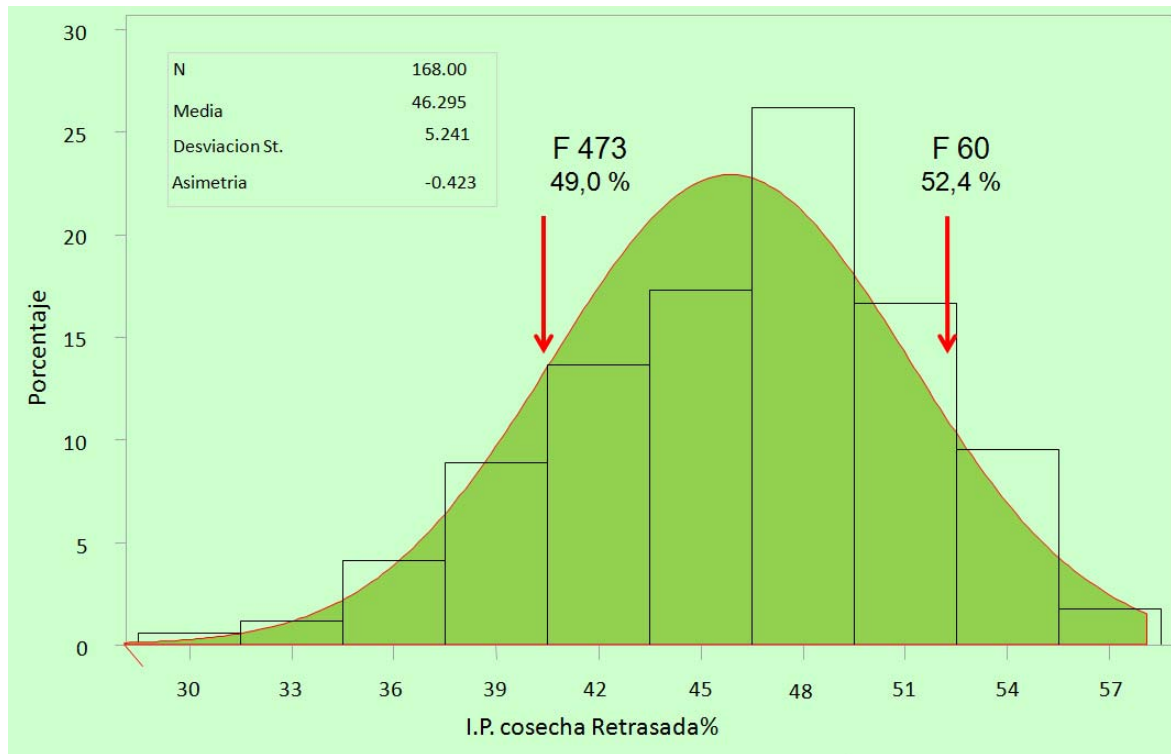


Figura 3. Distribución de medias ajustadas para Índice de pilada en cosecha retrasada de una población de líneas Recombinantes Endogámicas del cruzamiento entre las variedades Fedearroz 60 y Fedearroz 473.

4.2.4 Centro Blanco

La distribución de las medias ajustadas para la variable centro blanco es de tipo continuo cuantitativo, con una desviación de 0,98 lo que sugiere que valores bajos de esta variable, están relacionados con alelos que presentan efectos de dominancia presentes en el progenitor Fedearroz 60.

Este carácter presenta además la posibilidad de ser mejorado a través de selección ya que en esta población se manifiestan individuos transgresivos (Figura 4).

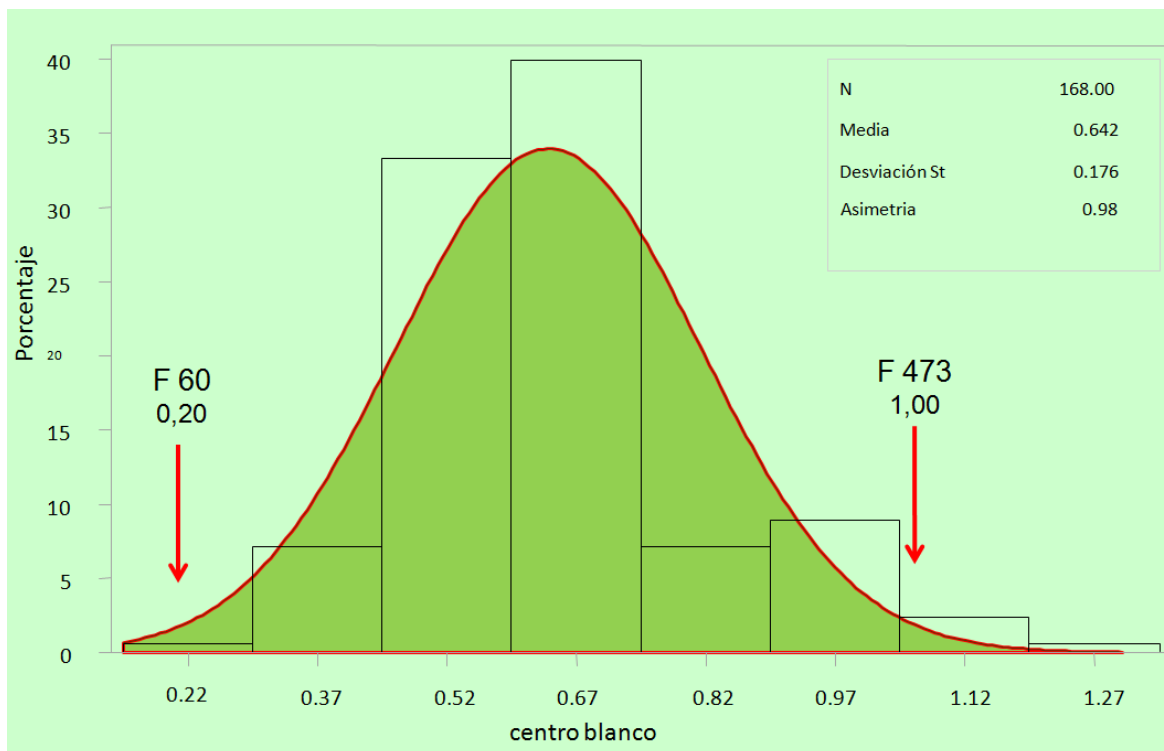


Figura 4. Distribución de medias ajustadas para centro blanco en escala de una población de líneas Recombinantes Endogámicas del cruzamiento entre las variedades Fedearroz 60 y Fedearroz 473.

4.2.5 Grano Yesado

La distribución de grano yesado para una población de RIL sugiere algunos efectos que se sobreponen por parte de alelos presentes en el progenitor Fedearroz 60 el cual presenta mejor promedio que la variedad Fedearroz 473 en la expresión positiva del carácter, es decir, valores bajos.

Los valores promedio en para los individuos evaluados en la población de RIL demuestran interacciones probablemente con el ambiente, por lo cual es importante en el proceso de selección para este carácter considerar ambientes caracterizados donde la expresión del grano yesado sea influenciada hacia la expresión del carácter (Figura 5).

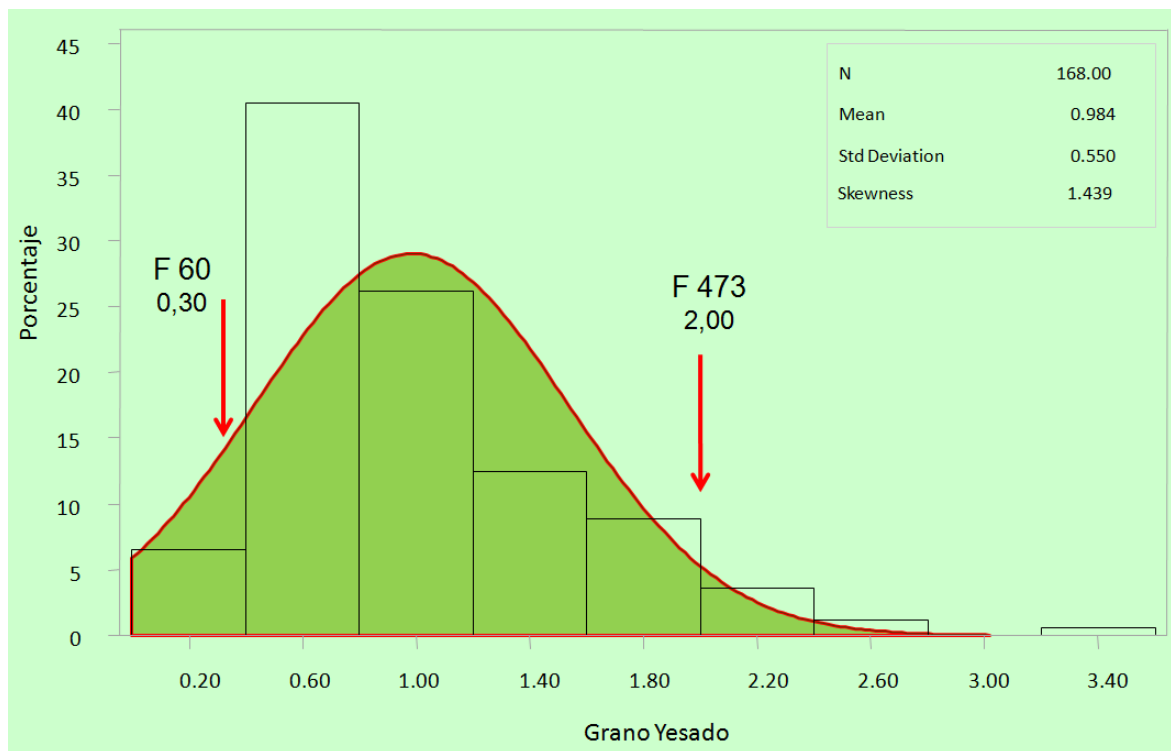


Figura 5. Distribución de medias ajustadas para grano yesado en porcentaje de una población de líneas Recombinantes Endogámicas del cruzamiento entre las variedades Fedearroz 60 y Fedearroz 473.

4.2.6 Contenido de Amilosa

El sesgo que presenta la distribución de las medias ajustadas -3,78, además, presenta promedios transgresivos siendo pues un carácter que se puede mejorar a través de hibridación y selección, debido principalmente a la presencia de individuos con contenidos de amilosa superiores al mejor de los padres que para el caso es Fedearroz 60, lo que sugiere algún tipo de interacción complementaria ente alelos presentes en ambos progenitores (Figura 6).

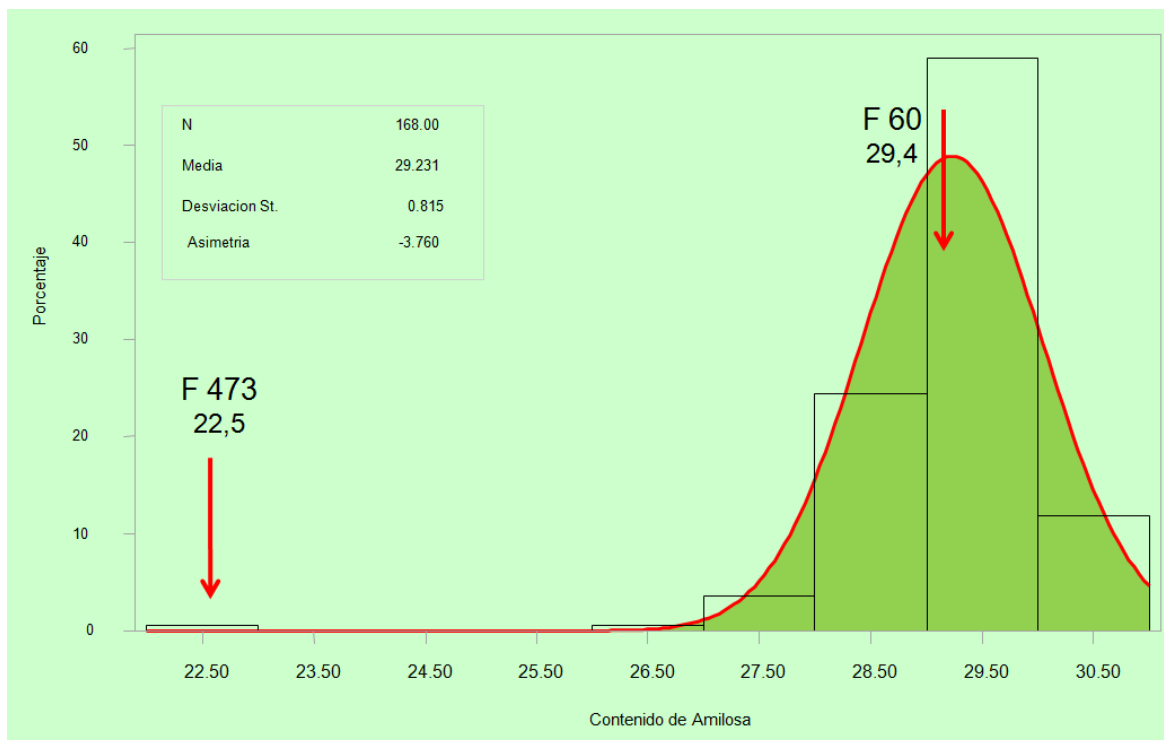


Figura 6. Distribución de medias ajustadas para contenido de amilosa en porcentaje de una población de Líneas Recombiantes Endogámicas del cruzamiento entre las variedades Fedearroz 60 y Fedearroz 473.

4.2.7 Longitud de grano pulido

La normalidad en la distribución de las medias ajustadas confirma lo expresado por Jennings (1979), es decir, existen progenies superiores al padre con grano extra-largo Fedearroz 60 e inferiores al progenitor Fedearroz 473 con la menor longitud de grano. Lo anterior permite realizar mejoramiento del carácter mediante el cruzamiento de padres contrastantes para la longitud del grano de arroz (Figura7).

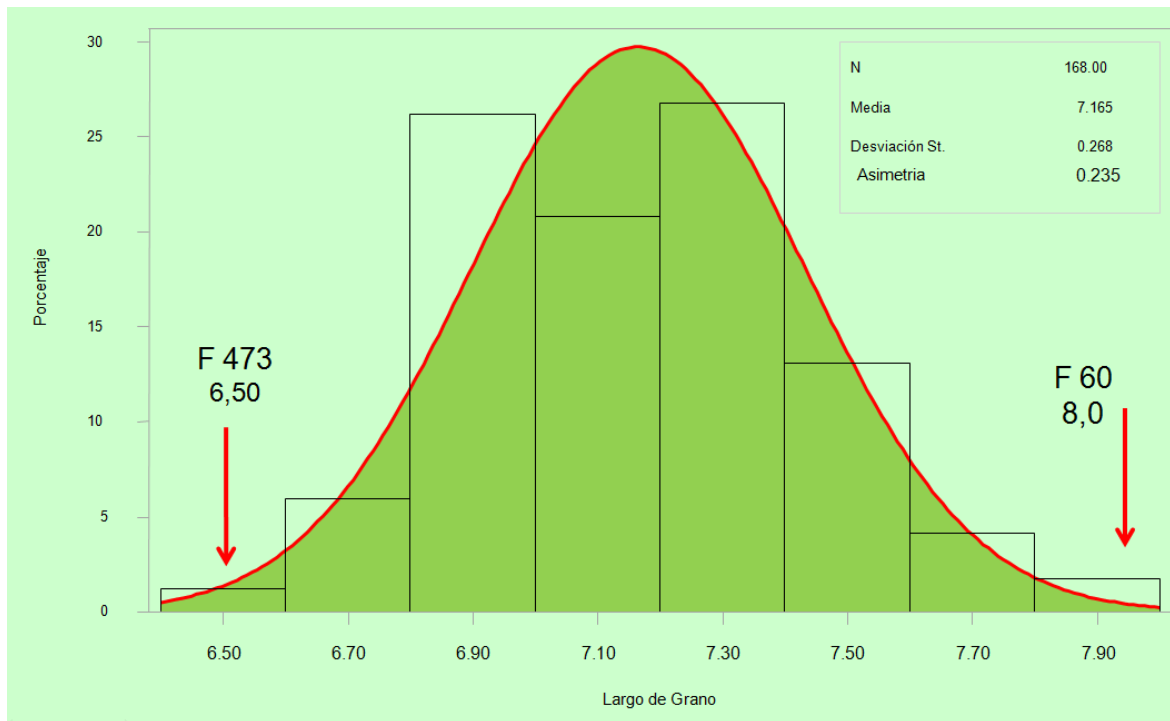


Figura 7. Distribución de medias ajustadas para largo de grano pulido en mm de una población de líneas Recombinantes Endogámicas del cruzamiento entre las variedades Fedearroz 60 y Fedearroz 473.

4.2.8 Ancho de grano pulido

La distribución de ancho de grano demuestra ser una característica de herencia cuantitativa a partir de la distribución continua similar a lo mencionado por (Mc.Kenzie, 1983) y (Bai, 2010) amplia segregación transgresiva y un sesgo hacia el progenitor de grano ancho Fedearroz 473 el cual ejerce un efecto de dominancia de alelos presentes en el progenitor Fedearroz 60 sobre carácter ancho de grano pulido.

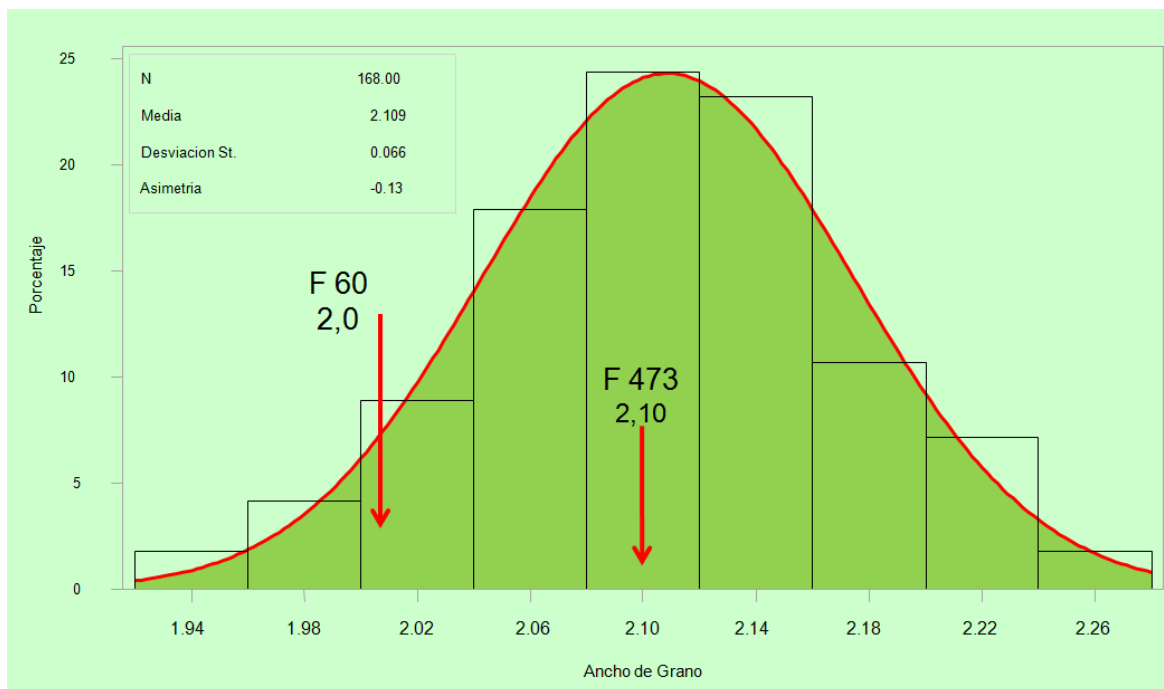


Figura 8. Distribución de medias ajustadas para ancho de grano en mm de una población de líneas Recombiantes Endogámicas del cruce entre las variedades Fedearroz 60 y Fedearroz 473.

4.3 Estimación de varianzas y heredabilidad en sentido estricto

Debido a que la endogamia en la generación F_7 es muy alta los efectos de la varianza de la dominancia son muy bajos; por tanto es posible asumir que la varianza genética en esta generación es dos veces la varianza aditiva y la heredabilidad en sentido estricto (h^2) la cual se refiere a la cantidad de varianza aditiva expresada como una proporción de la varianza fenotípica total (Bernardo, 2002), estos valores de variación para las variables en estudio se presentan en el cuadro 3.

De Vilela (2002), propone una clasificación de las magnitudes de heredabilidad en sentido estricto (h^2) de la siguiente manera: Baja= $0.01 \leq h^2 \leq 0.15$; Media o Moderada= $0.15 < h^2 < 0.50$ Alta= $h^2 > 0.50$. De acuerdo con la anterior clasificación los caracteres Rendimiento de grano, IP en cosecha retrasada y grano yesado, contenido de Amilosa, longitud y ancho de grano muestran valores moderados (Cuadro 3), lo cual permite considerar que es posible abordar la mejora de estos caracteres haciendo uso de selección y recombinación de los mejores fenotipos de una población. El IP en cosecha oportuna denota un valor de baja heredabilidad lo que indica que el valor fenotípico es un escaso indicador del

valor a mejorar, es decir, que se dificulta la ganancia de esta característica a través de la selección, pero puede ser posible la mejora de este carácter a través de una previa hibridación que posteriormente favorece la recombinación de genes favorables al caracter.

La variable IP en Cosecha retrasada, contrario al IP en cosecha oportuna, exhibe el mayor valor de heredabilidad dentro de las variables evaluadas de 0,36. Esto indica que aún es posible obtener avances significativos en el mejoramiento por selección y derivar mejores genotipos a partir del cruzamiento entre dos padres contrastantes para el carácter como lo son las variedades Fedearroz 60 y Fedearroz 473.

Cuadro 3. Varianza genética, Varianza aditiva y Heredabilidad en sentido para las variables evaluadas en una población de Líneas Recombinantes Endogámica del cruzamiento entre Fedearroz 60 y Fedearroz 473 en dos localidades y dos semestres.

VARIABLE	Var Genetica	Var Gen Aditiva	Heredabilidad Estricto h²
Rendimiento	0,164	0,082	0,256
Indice de Pilada	0,898	0,449	0,108
Indice de Pilada en Cosecha Retrasada	0,269	0,135	0,368
Centro Blanco	0,025	0,013	0,302
Amilosa	0,546	0,273	0,308
Grano Yesado	0,185	0,092	0,229
Largo de Grano	0,080	0,040	0,419
Ancho de Grano	0,005	0,002	0,403

4.4 Correlaciones genéticas

La variable Rendimiento muestra correlación negativa y altamente significativa con las variables, IP en cosecha oportuna y ancho de grano. Lo anterior sugiere que al seleccionar para la mejora del componente rendimiento de grano el cual en los programas de mejoramiento es el carácter con mayor valor es posible tener un detrimento de caracteres como el IP en cosecha oportuna y es posible encontrar genotipos que presenten forma de grano con tendencia a presentar valores bajos en el ancho del mismo, por otro lado la variable Rendimiento de grano presentó correlación positiva y significativa con la variable largo de grano, lo que permite observar que genotipos con valores altos de longitud de grano pueden presentar un mejor rendimiento que aquellos que presenten granos cortos, es decir, que se puede mejorar el carácter Rendimiento de grano a través de la selección de genotipos con que presentes tipo de grano largo y extralargo para una población producto del cruzamiento entre Fedearroz 60 y Fedearroz 473 (Cuadro 4) lo anterior fue corroborado por los estudios de Shanthala (2005).

Para el IP en cosecha oportuna existió correlación positiva altamente significativa con la variable IP en cosecha retrasada, lo que sugiere que la selección de aquellos genotipos que presenten una alta recuperación de grano excelso o IP en cosecha oportuna, pueden presentar valores altos en IP cosechados tardíamente, es decir, que la selección para recuperación de grano excelso en el proceso de molinería podría realizarse a través de la valoración de los genotipos por su comportamiento en cosecha oportuna, sin embargo, en la práctica puede aplicarse a líneas segregantes y verificar en generaciones avanzadas ya que la correlación presenta un valor de 58% aunque altamente significativa existe una posibilidad del 42% de que los resultados no se comporten relacionados. De otro lado, la variable Índice de pilada en cosecha oportuna correlaciona negativamente con centro blanco, largo de grano y con el contenido de amilosa a nivel estadísticamente significativo, similar a lo encontrado por (Shanthala, 2005).

El IP en retraso de cosecha, correlaciona en forma inversa a nivel altamente significativo con centro blanco y el contenido de amilosa y el largo de grano. El grano yesado presenta correlación positiva y altamente significativa con el centro blanco y negativa significativa con la longitud de grano.

El centro blanco presenta correlación negativa con el ancho de grano y positivamente con el ancho de grano a nivel estadísticamente significativo. El contenido de amilosa presenta correlación positiva con la longitud y ancho del grano y la longitud del grano correlaciona negativa y significativamente con el ancho del mismo.

44 Estimación de Parametros Geneticos para rendimiento y Calidad en Arroz

Cuadro 4. Correlaciones genéticas entre 8 variables de rendimiento y calidad de grano para una población de Líneas Recombiantes Endogámicas del cruzamiento entre Fedearroz 60 y Fedearroz 473 en dos localidades y dos semestres.

	IND. DE PILADA EN COSECHA OPORTUNA	INDICE DE PILADA EN RETRASO	GRANO YESADO	CENTRO BLANCO	CONTENIDO DE AMILOSA	LARGO DE GRANO	ANCHO DE GRANO
RENDIMIENTO AL 14 %	-0,236**	-0,101 ^{ns}	0,148 ^{ns}	0,149 ^{ns}	-0,044 ^{ns}	0,169*	-0,284**
IND. DE PILADA EN COSECHA OPORTUNA		0,580**	0,043 ^{ns}	-0,309**	-0,169*	-0,746**	0,063 ^{ns}
INDICE DE PILADA EN RETRASO			-0,108	-0,544**	-0,184*	-0,156*	-0,087 ^{ns}
GRANO YESADO				0,332**	0,148 ^{ns}	-0,234*	0,095 ^{ns}
CENTRO BLANCO					-0,067 ^{ns}	-0,219*	0,230*
CONTENIDO DE AMILOSA						0,301**	0,177*
LARGO DE GRANO							-0,497**

* ** ns= Niveles de significancia 5% y 1% y no significativo respectivamente.

4.5 Mejor Predictor Lineal Insegado (BLUP)

El BLUP permite, según Bernardo (2002), explotar la información entre familiares, maximizando el uso de los datos disponibles al comparar genotipos. Es así como, el progenitor Fedearroz 473 mostró valores negativos en sus predictores lineales insegados para las variables rendimiento, IP en retraso, contenido de amilosa y longitud de grano, lo que lo posiciona con un bajo valor genético para esos caracteres, es decir que desde este punto de vista esta variedad presenta un bajo valor como progenitor; para la expresión de dichas características puedan resultar con respuestas negativas para los mismos; mientras que esta variedad manifestó valores positivos aunque cercanos a cero para las variables IP y ancho de grano, teniendo en cuenta que para el caso de ancho de grano el mercado colombiano

sugiere granos delgados y largos, lo cual pone a esta variedad en el límite indeseable para este carácter. Tabla 5.

Por otro lado, el progenitor Fedearroz 60, exhibió valores de BLUP positivos para Rendimiento y Largo de grano que muestran valores de 0,5 y 0,6 respectivamente, lo que presenta a esta variedad con un alto valor como progenitor para las variables en mención. La variable ancho de grano muestra valor negativo considerándose objetivo para este aspecto de grano ya que en menor valor en ancho es deseable, lo cual posiciona a este progenitor con un alto valor genético que puede afectar positivamente a sus progenies frente a estos aspectos de calidad y apariencia de grano (Cuadro 5).

El subconjunto de las líneas endogámicas evaluadas que presentaron los mejores valores genéticos para las variables en evaluación se resumen en el cuadro 5. Siendo estos seleccionados dentro de la población de RIL, los cuales presentaron un mérito genético alto y positivo lo que permite tenerlos en cuenta para ser evaluados posteriormente e introducidos en los programas de mejoramiento de arroz en Colombia, para características como rendimiento y calidad de grano.

46 Estimación de Parametros Geneticos para rendimiento y Calidad en Arroz

Cuadro 5. Valor de los mejores predictores lineales insecgados para rendimiento y características de grano en los progenitores y algunos individuos seleccionados en una población de RIL.

GENOTIPO	RENDIMIENTO	I. PILADA	COSECHA RETRASADA	AMILOSA	LARGO GRANO	ANCHO DE GRANO
L108	0,263	0,001	0,066	0,007	0,173	-0,022
L106	0,005	0,001	0,004	0,006	0,167	-0,028
L123	0,028	0,003	0,005	0,005	0,048	-0,028
L133	0,164	0,000	0,009	0,004	0,221	-0,028
L45	0,027	0,004	0,043	0,003	0,157	-0,055
L111	0,122	0,002	0,012	0,001	0,274	-0,079
L81	0,199	0,000	0,006	0,002	0,060	-0,081
L85	0,338	0,003	0,011	0,003	0,060	-0,084
L138	0,088	0,003	0,041	0,000	0,258	-0,108
F-60	0,540	0,001	0,046	0,001	0,646	-0,123
F-473	-0,398	0,001	-0,043	-0,049	-0,541	0,027

4.6 Análisis Biplot

4.6.1 Rendimiento

La variación total de la interacción del genotipo por ambiente es explicada en un 76,9 % en el gráfico Biplot de los vectores ambientales para la variable rendimiento de grano en la población de RIL (figura 9). Los ambientes Montería 10 A y 10 B, ofrecen condiciones similares ya que presentan un ángulo agudo entre sus vectores para la evaluación de rendimiento; estos a su vez son un ambiente parecido al de Palmira durante el semestre B y los tres ambientes Montería A y B y Palmira B, son significativamente diferentes al ambiente ocurrido durante el semestre A de la localidad de Palmira, para la evaluación de rendimiento. Lo cual demuestra que el potencial de rendimiento es posiblemente de fácil expresión en la Localidad de Palmira durante el semestre A, es decir que se realiza una mejor selección para potencial de rendimiento en la localidad de Palmira en el semestre A y no en el semestre B o en Montería durante cualquier época del año.

El ángulo entre los ambientes Palmira A y B, resultó mayor a 90° lo que implica que la interacción de los genotipos para la expresión de esta variable en las dos localidades y semestres fue relativamente grande (Yan, 2006). La distancia entre los ambientes permite considerar tres grupos para la evaluación de rendimiento, el ambiente de Montería sin importar el semestre constituye un grupo de baja expresión del carácter, Palmira en el semestre A constituye un segundo grupo con la mejor expresión para rendimiento y Palmira B con baja expresión del carácter, constituyen los grupos de ambientes con oferta diferente para la evaluación de genotipos de arroz, lo que sugiere que la misma información en rendimiento puede conseguirse en la localidad de Montería para cualquiera de los dos semestres teniendo en cuenta que los genotipos no expresan un alto potencial en esta localidad, es decir, una evaluación en el año en la localidad de Montería arrojaría la información suficiente para rendimiento de grano en arroz, mientras que la siembra en diferentes épocas en Palmira arrojaría resultados diferentes para esta variable.

Según Yan (2006) la longitud de los vectores de ambiente muestran en el análisis gráfico de la interacción genotipo ambiente qué tan informativo es el ambiente para la evaluación del comportamiento de los genotipos, es así como, la comparación entre genotipos resulta mucho más informativa en los ambientes de Palmira A, Montería A y B que en el ambiente de Palmira en el semestre B, en otras palabras, la evaluación de genotipos para rendimiento resulta de sencilla comparación en ambientes como Palmira en el semestre A del 2010 o en

Montería en los dos semestres del mismo año y no es así en el ambiente de Palmira durante el semestre B del año 2010.

La comparación entre genotipos por su interacción con el ambiente es uno de las ventajas del análisis gráfico de Biplot, es así como, los genotipos ubicados en el vértice del polígono son aquellos que mostraron los mayores y menores promedios en rendimiento de grano, las líneas concéntricas permiten la fácil comparación entre genotipos (Figura 10), por lo tanto el genotipo L68 presentó el mejor comportamiento en el ambiente de Palmira B y el progenitor Fedearroz 60 mostró el mejor comportamiento en rendimiento en la localidad de Montería para los dos semestres evaluados.

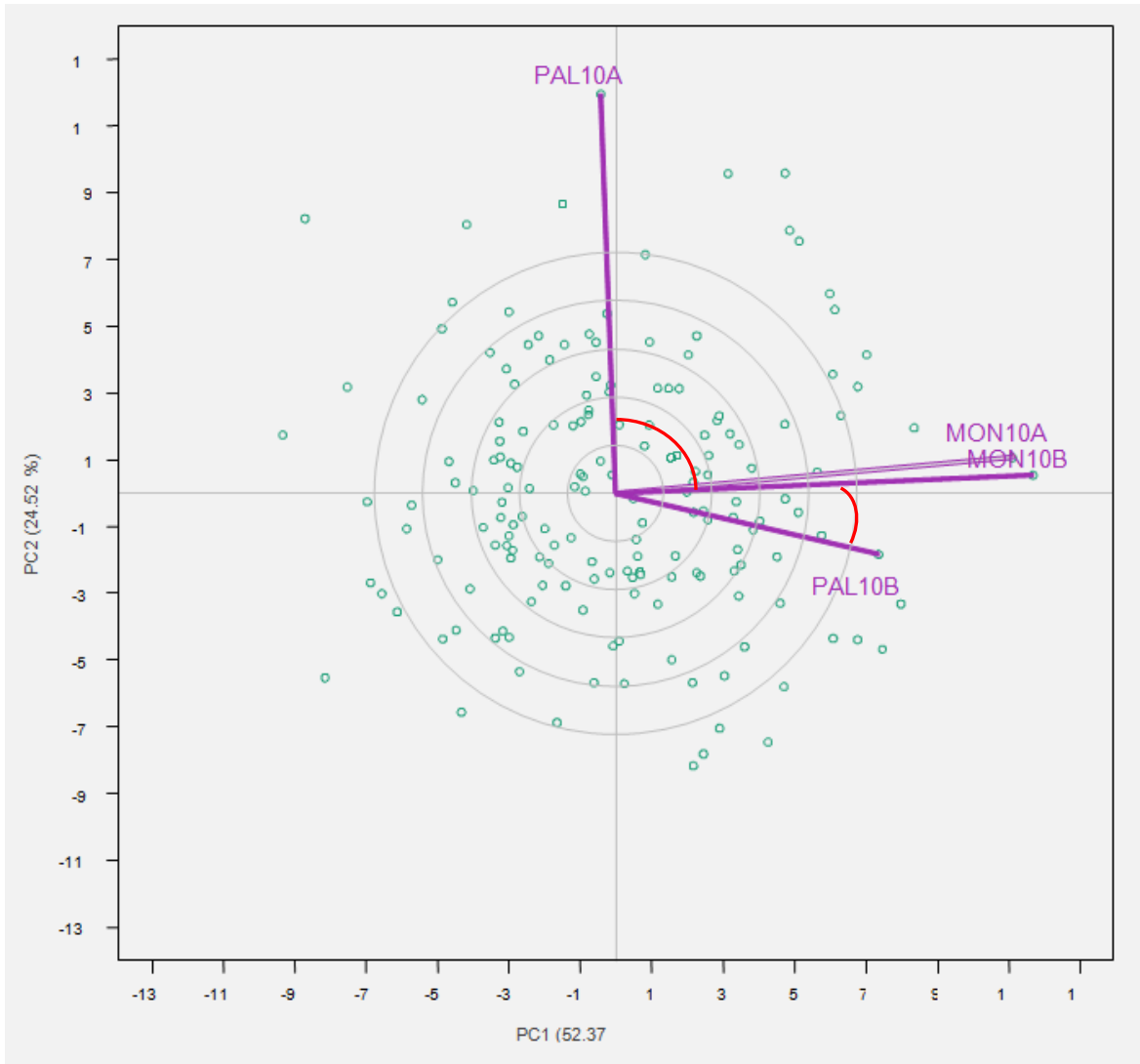


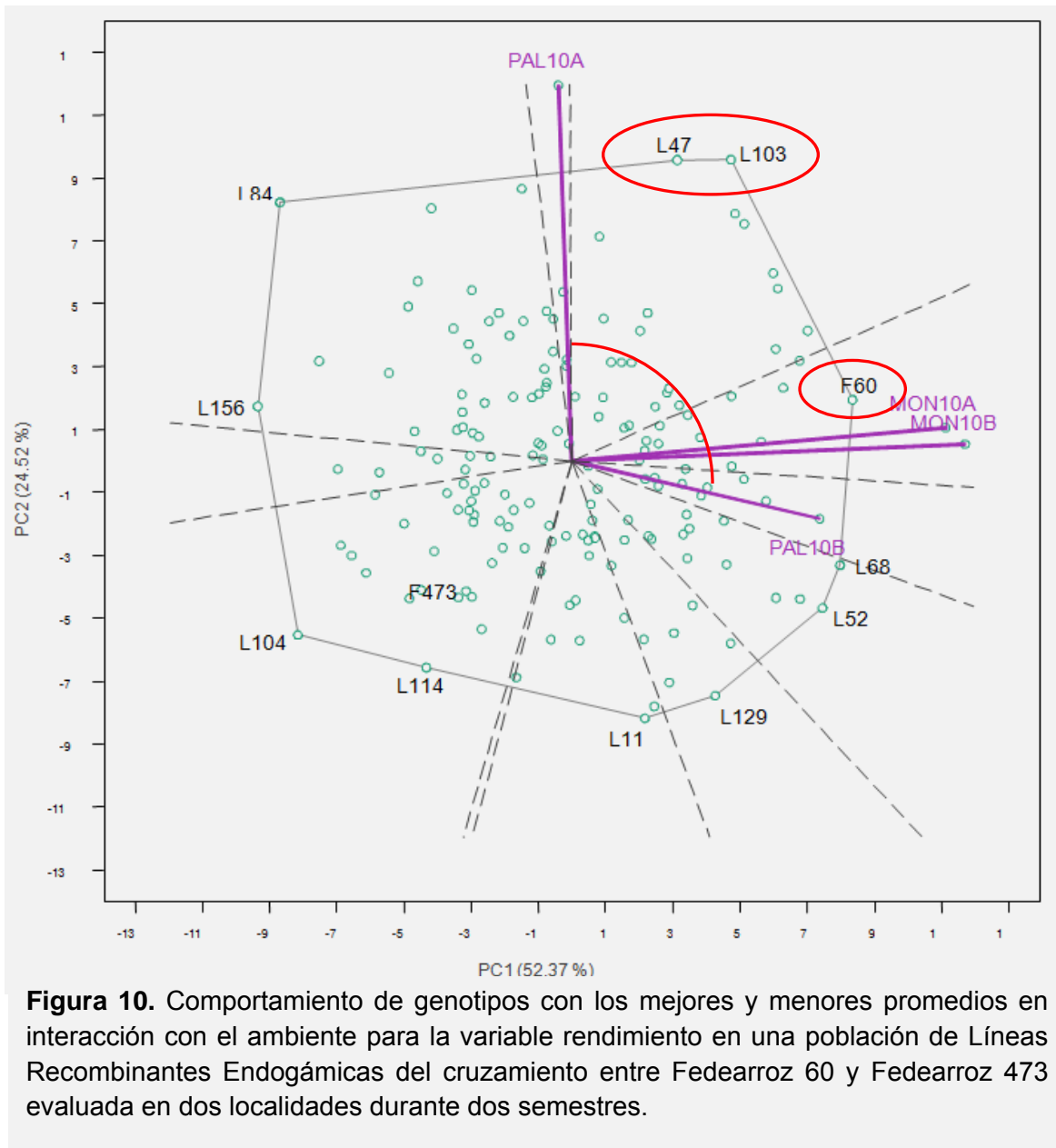
Figura 9. Vectores de ambiente en la interacción Genotipo x Ambiente para la variable rendimiento de grano en una población de Líneas Recombinantes Endogámicas del cruzamiento entre Fedearroz 60 y Fedearroz 473 evaluada en dos localidades durante dos semestres.

La línea L103 presentó los mejores promedios en rendimiento en los ambientes de Palmira A y los dos semestres en la localidad de Montería, seguida por el genotipo L47. La línea L52 presentó un comportamiento aceptable en la localidad Palmira B de evaluación y los genotipos L129, L11, L114 y L104 presentaron menores rendimientos en su orden para esta localidad. Con respecto al ambiente de Palmira A las líneas L84 y L156 presentaron los extremos de menor rendimiento en su orden para el mencionado ambiente de evaluación. Lo que permite observar tres mega ambientes relativos que corresponden a semestres A

y B en Palmira y otro la localidad de Montería sin importar el semestre de evaluación (Figura 10).

Según Yan (2006) en un único mega ambiente los genotipos pueden ser comparados por su comportamiento y la estabilidad a través de los ambientes. En la Figura 11. la línea con solo una cruz o flecha que apunta hacia el mejor rendimiento en los ambientes de evaluación. Es así como la línea L103 presentó el mejor rendimiento promedio seguido de las líneas L10, L26 y L157 y la línea L104, presentó en promedio el menor rendimiento.

La línea con doble flecha (doble cruz) señala una mayor variabilidad, es decir, una muy escasa estabilidad de los materiales en evaluación, es el caso del genotipo L84 que presentó un rendimiento aceptable en Palmira A, pero un muy bajo rendimiento en los demás ambientes de evaluación, mientras que la línea L29 presentó la mayor estabilidad, se encuentra sobre el eje en el sentido más cercano a los ambientes de evaluación, para la variable rendimiento (Figura 11).



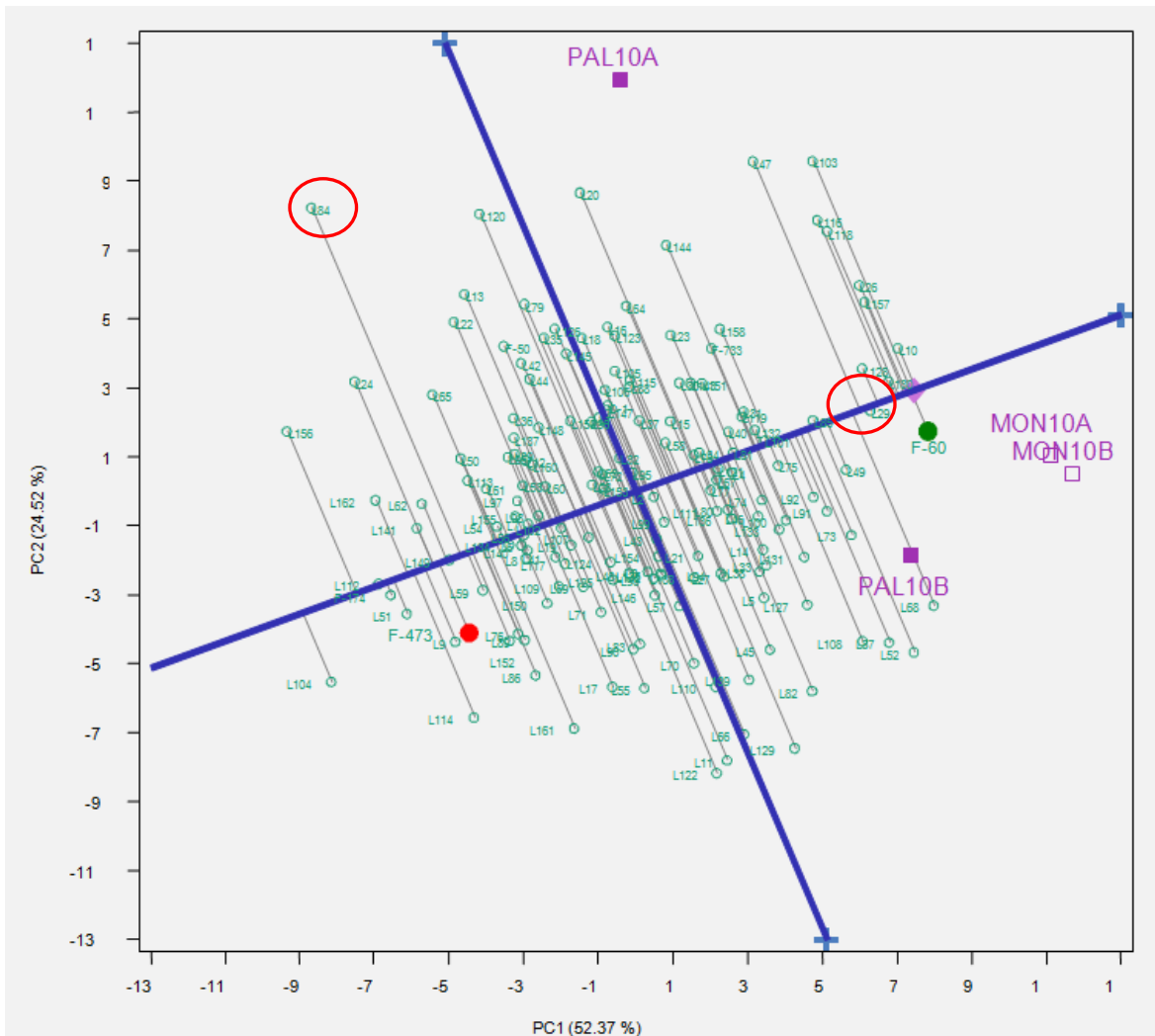


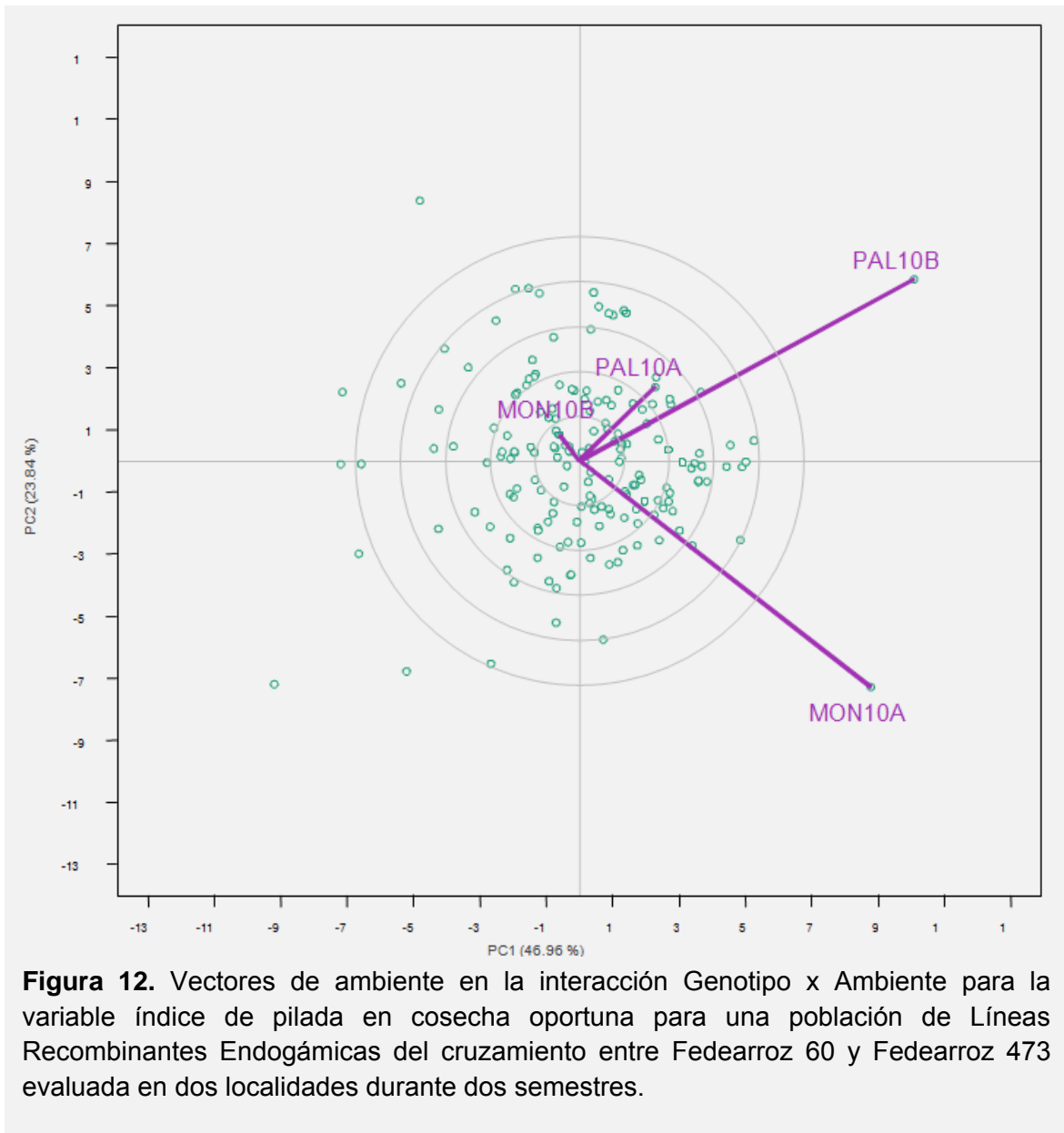
Figura 11. Proyección de los genotipos sobre el eje ambiental para la variable rendimiento en una población de Líneas Recombinantes Endogámicas del cruzamiento entre Fedearroz 60 y Fedearroz 473 evaluada en dos localidades durante dos semestres.

4.6.2 Índice de pilada en cosecha oportuna

Los vectores ambientales para la característica IP en cosecha oportuna, explican el 70,8% de la variación total en la interacción genotipo por ambiente (Figura 12).

De acuerdo con Yan (2006), los ángulos entre los vectores para cada uno de los ambientes donde se evaluó la variable índice de pilada (IP) muestran que la localidad de Palmira en los dos semestres correlaciona con los resultados de esta

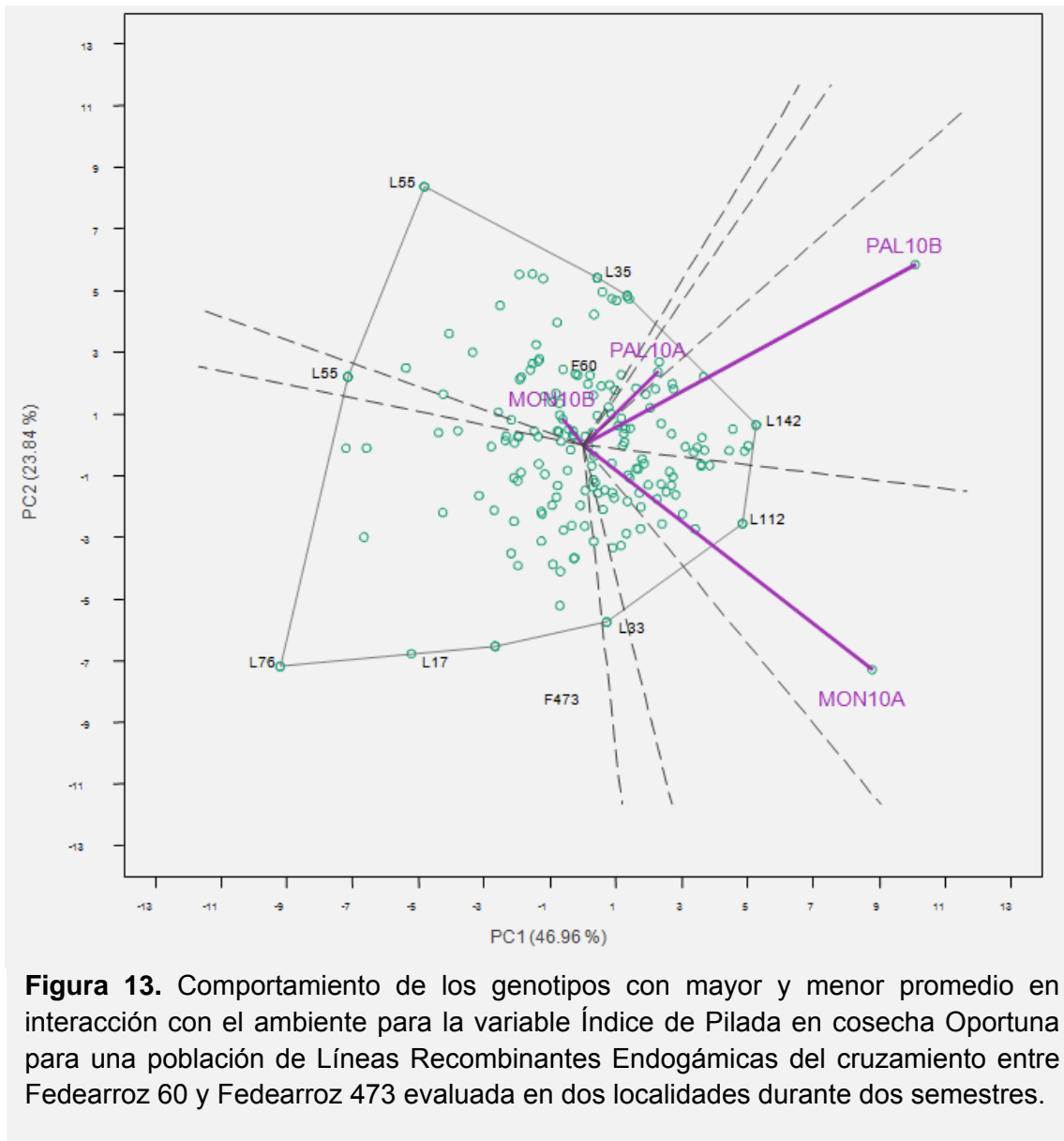
variable de calidad molinera del grano de arroz. Similar en su magnitud las localidades de Palmira B y Montería A los cuales muestran además una ligera relación en la respuesta obtenida en estos ambientes contrario a Montería B que presenta correlación negativa con la misma localidad A, lo que sugiere que para la variable IP en cosecha oportuna B en Montería B mostró los menores valores dentro de la población, es posible seleccionar aquellos genotipos que se comportan mejor en estas condiciones adversas.



Los genotipos L42 y L112, exhiben los mejores promedios en el carácter IP en cosecha oportuna, en especial en los ambientes de Palmira y Montería para los

semestres de evaluación B y A respectivamente (Figura 13). En ese mismo orden los genotipos con menores valores promedio para esta variable, se ubican a partir del genotipo L33, posteriormente L35 mejor que la Línea L55 y la línea que mostró los menores valores promedio de IP fue la línea L76, siendo inferior en este aspecto al progenitor Fedearroz 473 que se ubica en un lugar de bajo promedio dentro del grafico de Biplot. Esto sugiere que para ambientes que interactúan positivamente con el genotipo para la expresión de este carácter en la población es posible seleccionar individuos superiores.

La línea que presentó los mejores valores para IP en cosecha oportuna en los ambientes de evaluación fue la L142, la cual mostró calidad molinera adecuada en los ambientes de evaluación de Palmira B y Montería A., la línea L76 presentó los menores valores en IP (Figura 14). La línea que mostró una mayor estabilidad para la variable IP fue la L142 y los genotipos L55 y L76 mostraron la menor adaptación para esta variable en los ambientes de evaluación.



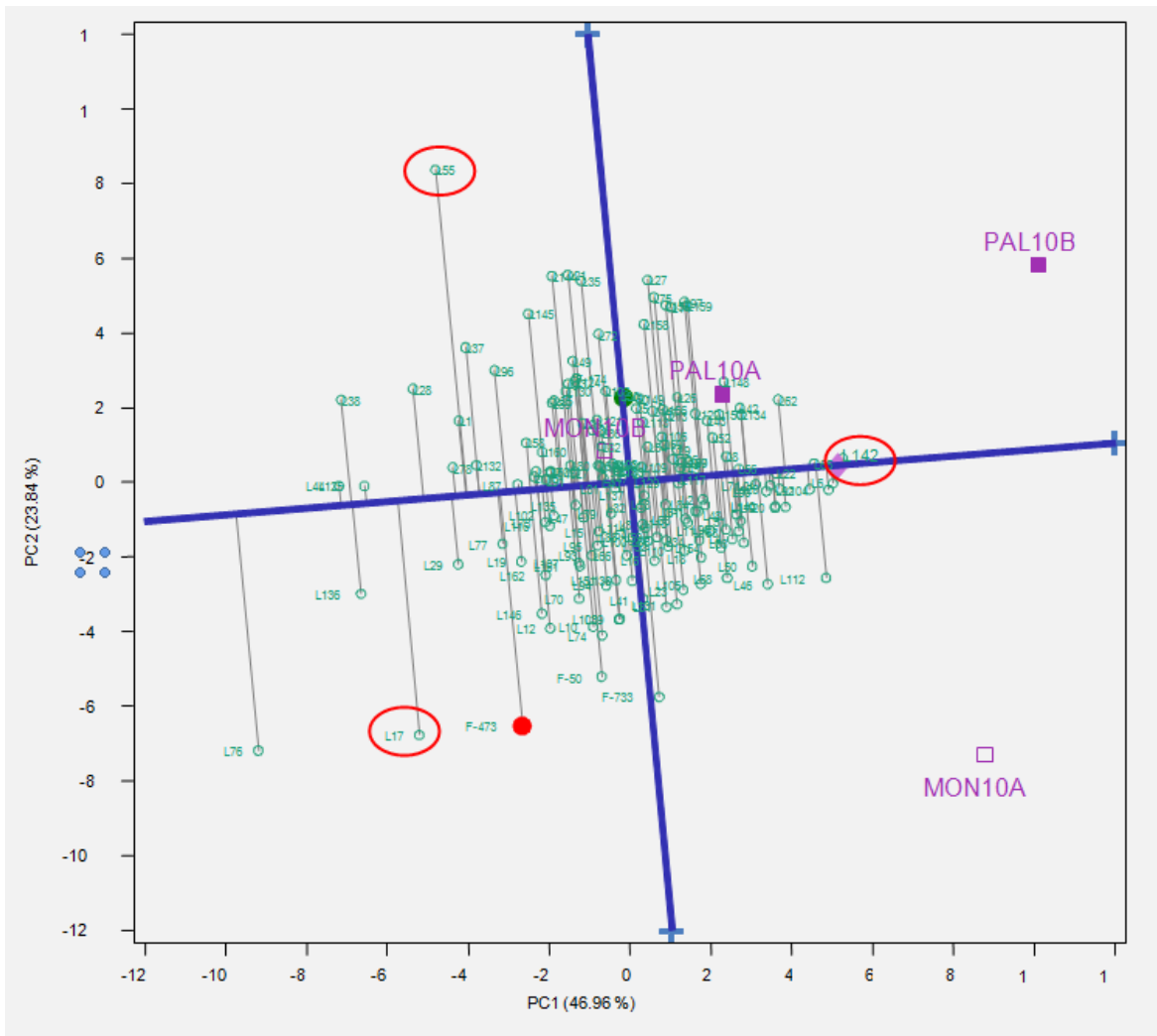


Figura 14. Proyección de los genotipos sobre el eje ambiental para la variable Índice de Pilada en cosecha oportuna para una población de Líneas Recombinantes Endogámicas del cruce entre Fedearroz 60 y Fedearroz 473 evaluada en dos localidades durante dos semestres.

4.6.3 Índice de pilada en cosecha retrasada

En el gráfico de Biplot, los vectores ambientales para la característica IP en retraso de cosecha, explican el 77,81% de la variación total en la interacción genotipo por ambiente. El IP en retraso de cosecha (IPR), para los ambientes en el año 2010 Montería A y B y Palmira B que se muestran muy cercanos y el ambiente Palmira A, que aunque muestra alguna diferencia, permite concluir de igual manera una correlación positiva, es decir la expresión de este carácter se

presenta similar sin importar la Localidad ni el semestre de evaluación ya que los vectores para cada ambiente se encuentran en ángulos inferiores a los 90°. Por lo tanto, la expresión de este carácter depende poco del ambiente más si del componente genético de la línea en evaluación (Figura 15).

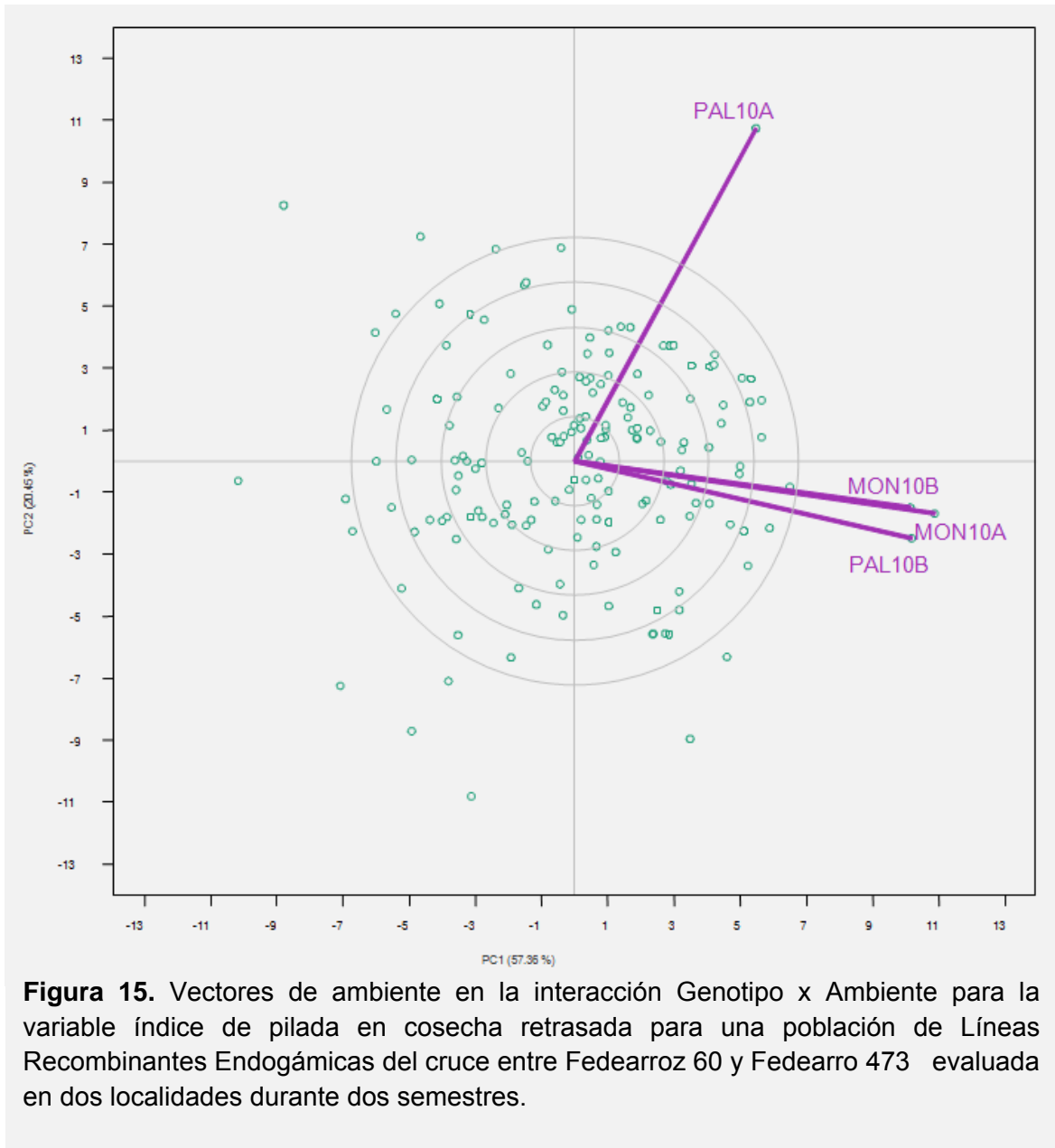


Figura 15. Vectores de ambiente en la interacción Genotipo x Ambiente para la variable índice de pilada en cosecha retrasada para una población de Líneas Recombinantes Endogámicas del cruce entre Fedearroz 60 y Fedearroz 473 evaluada en dos localidades durante dos semestres.

El genotipo L140 presentó los mejores promedios para el IPR en los ambientes de Montería A, B y Palmira B seguido por los genotipos L104 y L46, la línea L105

mostró alto IPR promedio en el ambiente de Palmira 10 A, en el año 2010. Los promedios más bajos los exhiben las líneas L77, L145, L20 y L73 en su orden (Figura 16).

La línea L140 presentó los mejores valores para IP en cosecha oportuna en los ambientes de evaluación y calidad molinera sometida a retraso de cosecha, siendo entonces un genotipo sobresaliente para las dos características. La línea L20 presentó los menores valores de IPR. La línea que mostró una mayor estabilidad para la variable IPR fue L142 y los genotipos L125 y L73 demostraron la menor adaptación para esta variable en los ambientes de evaluación (Figura 17).

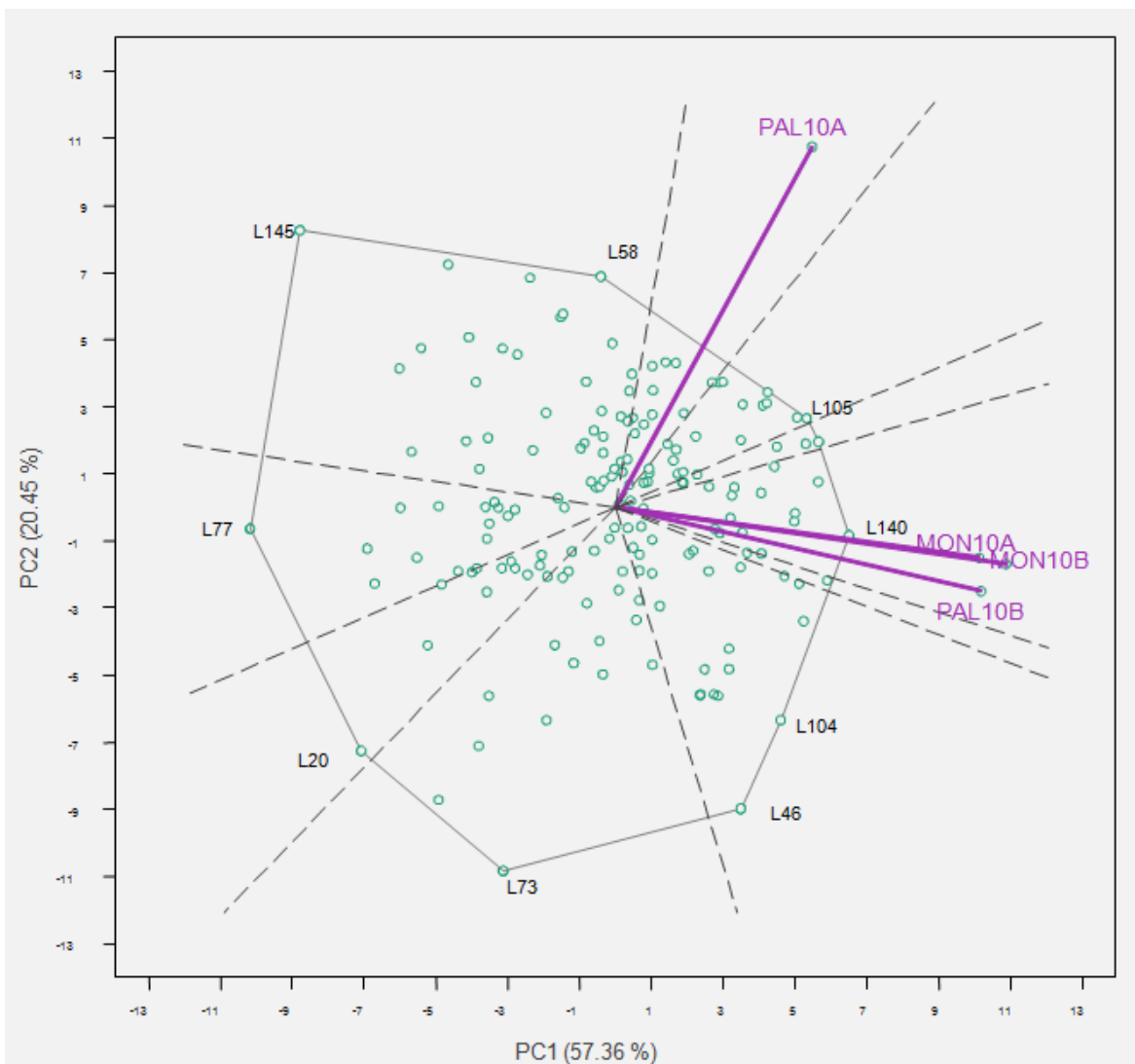


Figura 16. Comportamiento de los genotipos con mayor y menor promedio en interacción con el ambiente para la variable Índice de Pilada en cosecha retrasada para una población de líneas Recombinantes Endogámicas del cruzamiento entre Fedearroz 60 y Fedearroz 473 evaluada en dos localidades durante dos semestres.

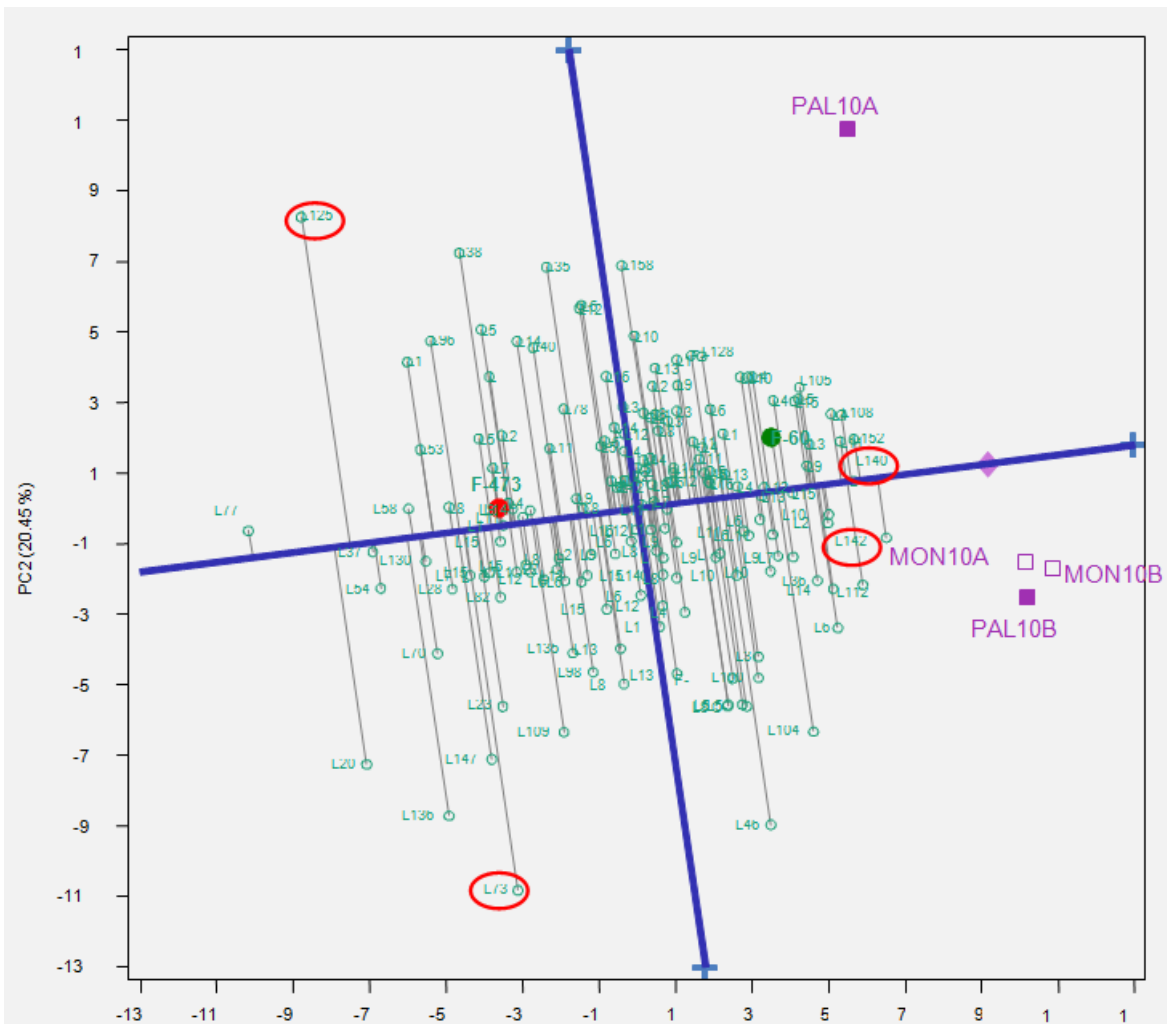


Figura 17. Proyección de los genotipos sobre el eje ambiental para la variable Índice de Pilada en Retraso de cosecha para una población de Líneas Recombinantes Endogámicas del cruzamiento entre Fedearroz 60 y Fedearroz 473 evaluada en dos localidades durante dos semestres.

4.6.4 Contenido de Amilosa

Los vectores ambientales para la variable contenido de Amilosa en el grano de arroz (CA), explican en el Biplot el 72,1% de la variación total de la interacción del genotipo por ambiente. Los ambientes en evaluación presentan condiciones similares (ángulo agudo entre sus vectores $<90^\circ$) para la evaluación de CA;

excepto entre los ambientes Montería B y Palmira A que presentan condiciones totalmente diferentes entre sí para la evaluación de este carácter lo cual presenta el CA como un carácter que se puede evaluar y encontrar diferencias entre genotipos en cualquiera de estas localidades durante los dos semestres del año, sin embargo en la localidad de Palmira B se observaron valores inferiores de contenido de amilosa.

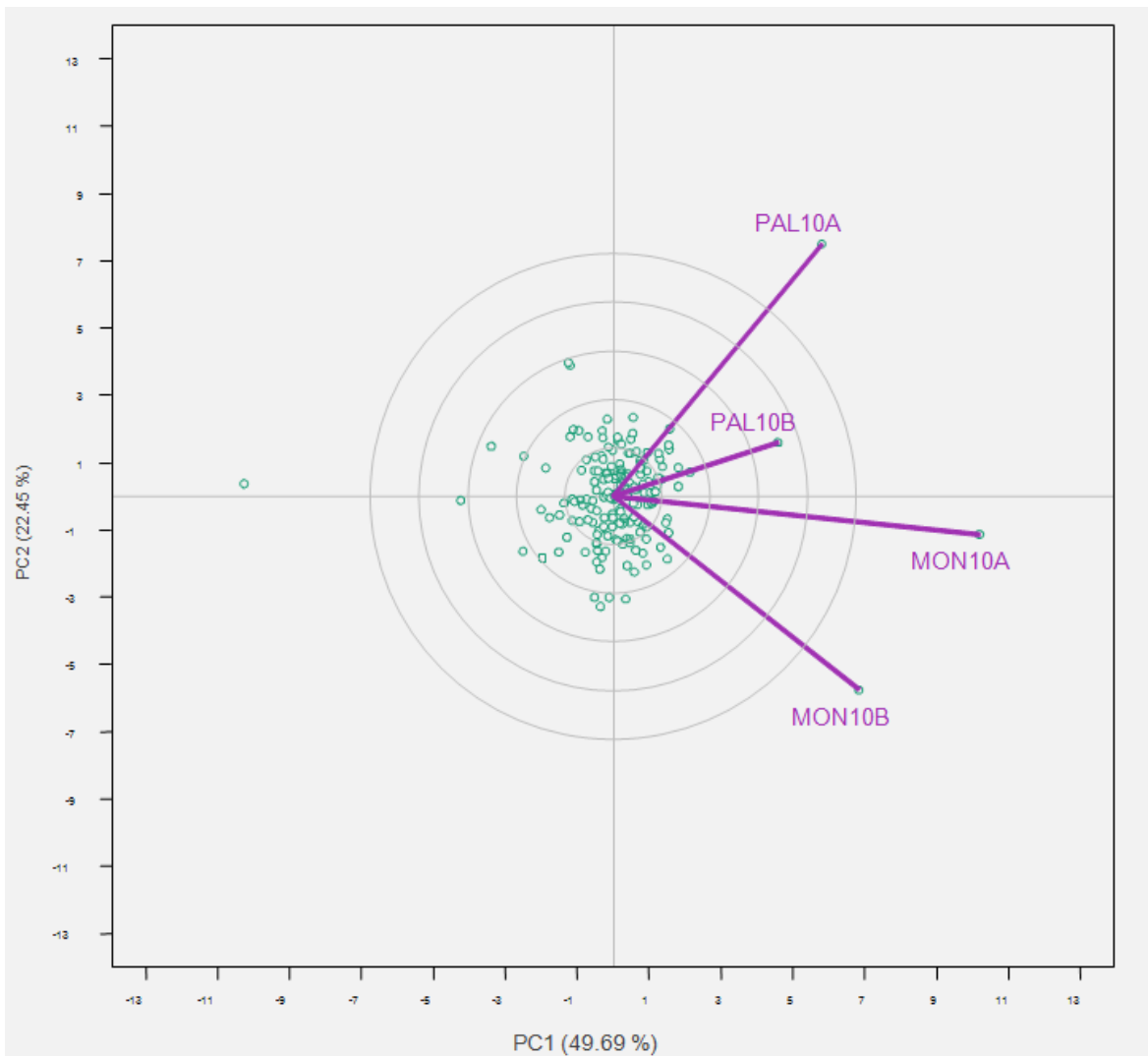


Figura 18. Vectores de ambiente en la interacción Genotipo x Ambiente para la variable Contenido de Amilosa (CA) para una población de Líneas Recombinantes Endogámicas del cruzamiento entre Fedearroz 60 y Fedearroz 473 evaluada en dos localidades durante dos semestres.

El genotipo L157 presentó el mejor comportamiento en el ambiente de Palmira B del año 2010 y para las demás localidades y semestres en estudio. La línea L84 presentó los mejores promedios en rendimiento en el ambiente de Montería B. El progenitor Fedearroz 473, presentó los menores CA en grano y con respecto a los ambientes en evaluación las líneas L149, L137, L27 y L103 presentaron los menores CA en su orden (Figura 19).

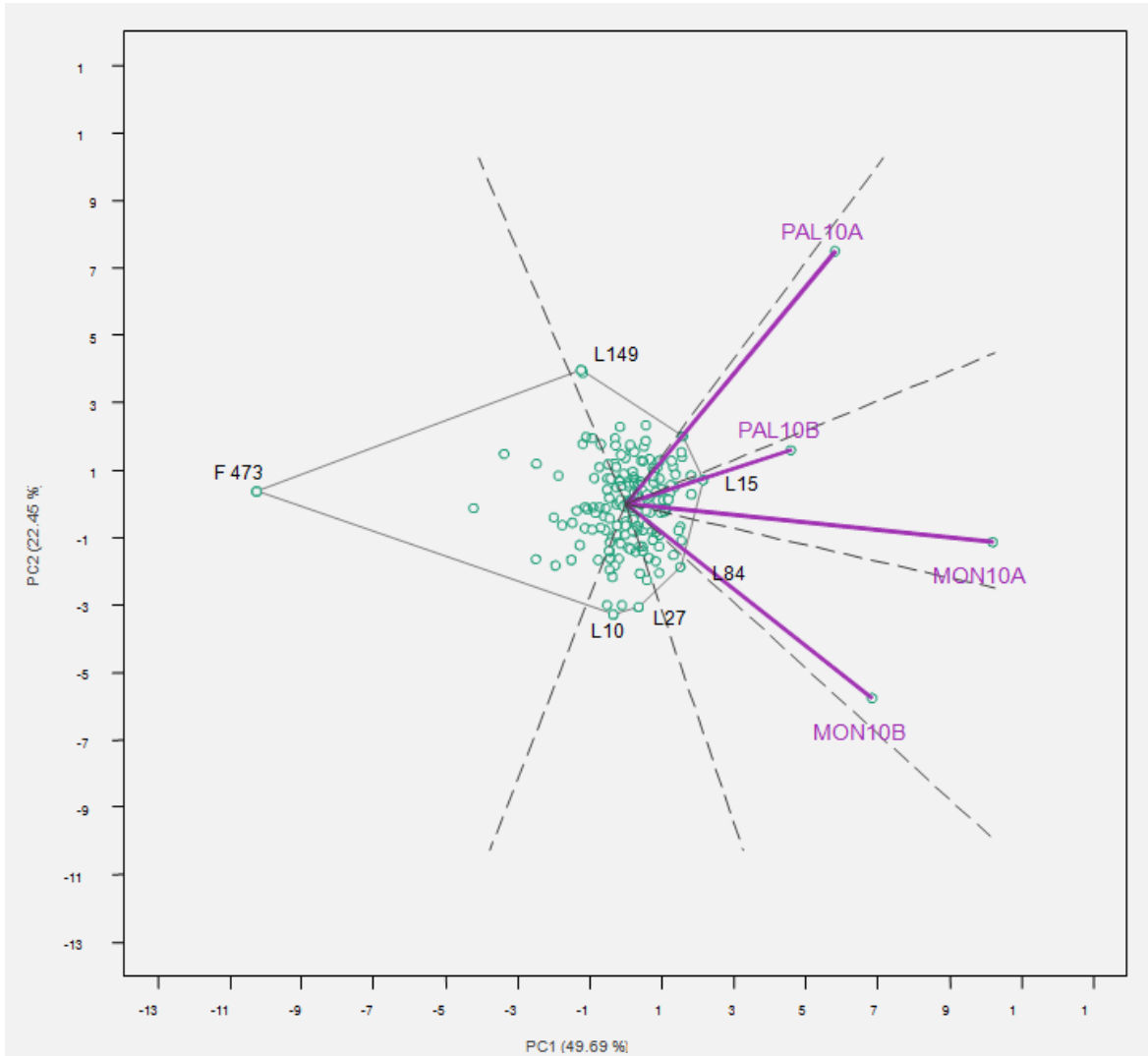


Figura 19. Comportamiento de los genotipos con mayor y menor promedio en interacción con el ambiente para la variable Contenido de Amilosa para una población de líneas Recombinantes Endogámicas del cruzamiento entre Fedearroz 60 y Fedearroz 473 evaluada en dos localidades durante dos semestres.

Las líneas L56 y L157 con los mayores CA para los ambientes de evaluación, y el progenitor Fedearroz 473 presentó menores CA en el grano descascarado y pulido. La línea que mostró una mayor estabilidad para la variable CA resultó la L24 con contenidos aceptables de amilosa y los genotipos L139 L147 y L27 mostraron la menor estabilidad para esta variable en los ambientes de evaluación (Figura 20).

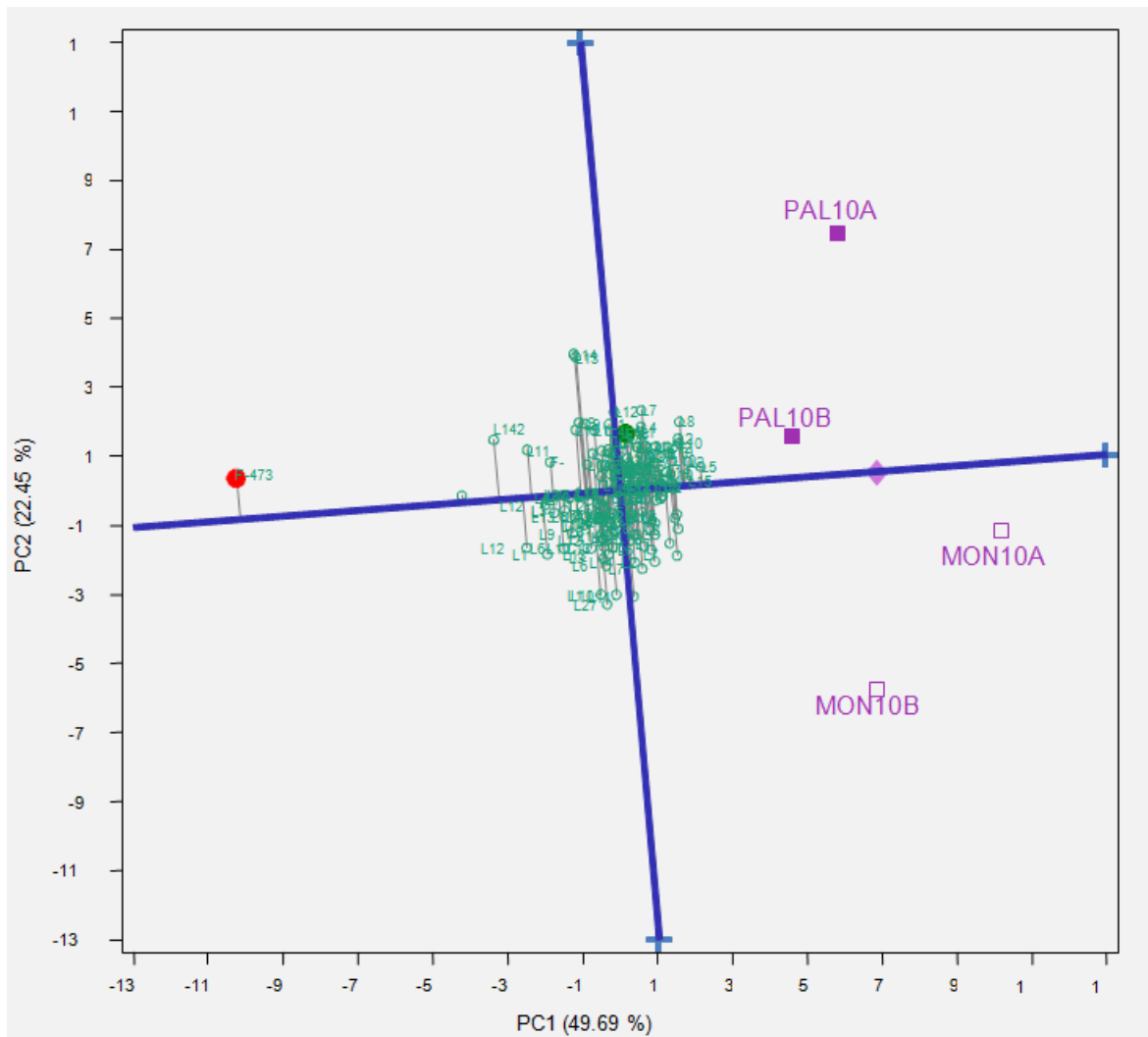


Figura 20. Proyección de los genotipos sobre el eje ambiental para la variable Contenido de Amilosa (CA) para una población de Líneas Recombinantes Endogámicas del cruzamiento entre Fedearroz 60 y Fedearroz 473 evaluada en dos localidades durante dos semestres.

4.6.5 Centro blanco

Los ambientes Montería A y B y Palmira B en el año 2010 se muestran muy cercanos en los vectores de ambiente para la variable centro blanco (CB) lo que muestra que el comportamiento de los genotipos en estos ambientes similar. Sin embargo, la magnitud los vectores presenta al ambiente de Montería B como el que mayor información puede aportar para la comparación de genotipos por CB (figura 21). El ambiente Palmira A se muestra como un grupo de ambiente que también permite la comparación de genotipos por la variable centro blanco, aunque muestra alguna diferencia, permite concluir de igual manera una correlación positiva con los demás ambientes, es decir la expresión de este carácter se presenta similar sin importar la Localidad ni el semestre de evaluación ya que los vectores para cada ambiente se encuentran en ángulos inferiores a los 90° , Por lo tanto, son más importantes los efectos que dependen del componente genotípico para la expresión de este carácter (Figura 21). Sin embargo es importante tener en cuenta el comportamiento del progenitor Fedearroz 473 que puede influenciar este resultado y podría ser diferente en el caso de genotipos derivados del cruzamiento entre progenitores diferentes. En el gráfico de Biplot, los vectores ambientales para la característica CB explican el 75,6% de la variación total en la interacción genotipo por ambiente.

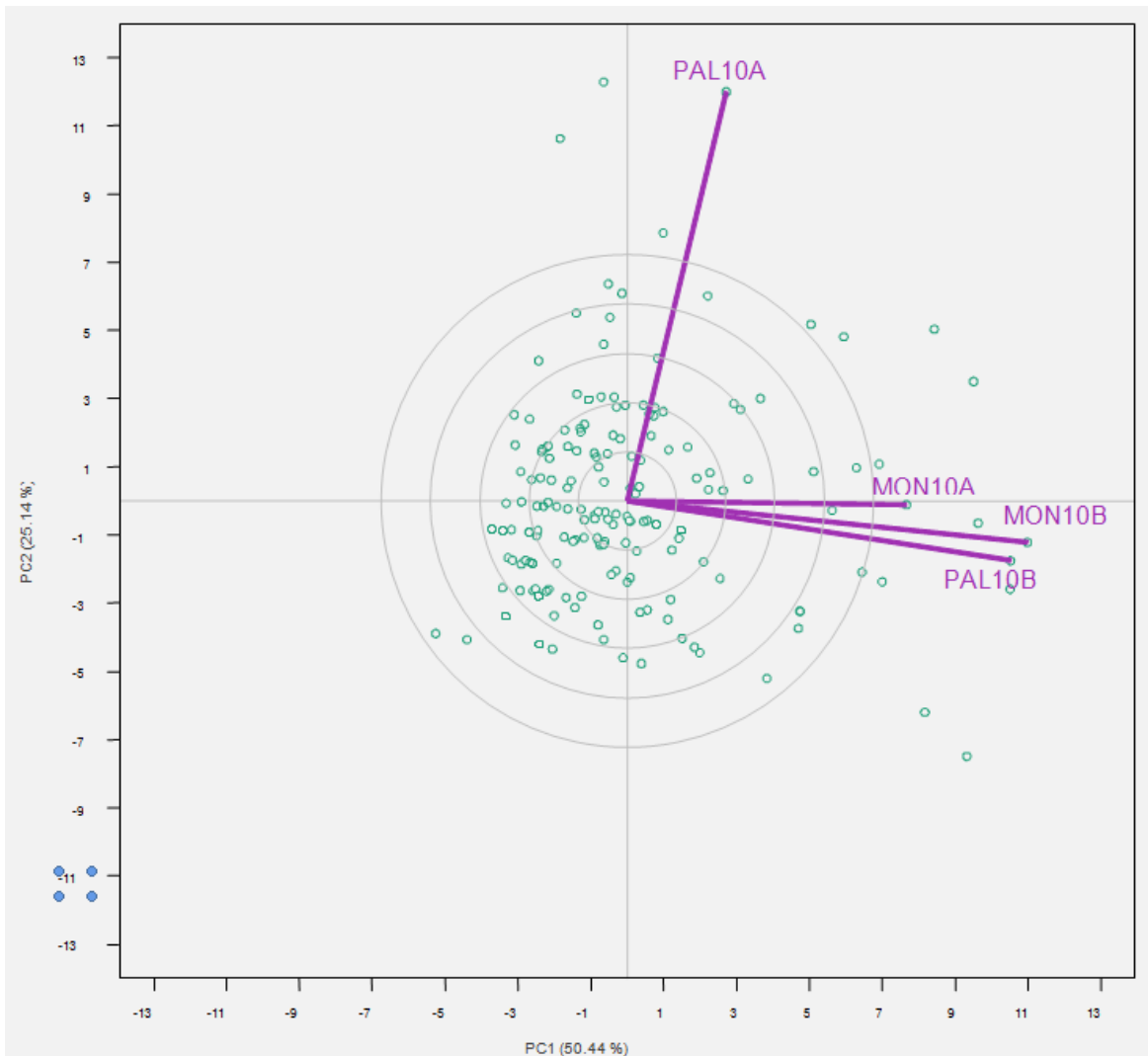
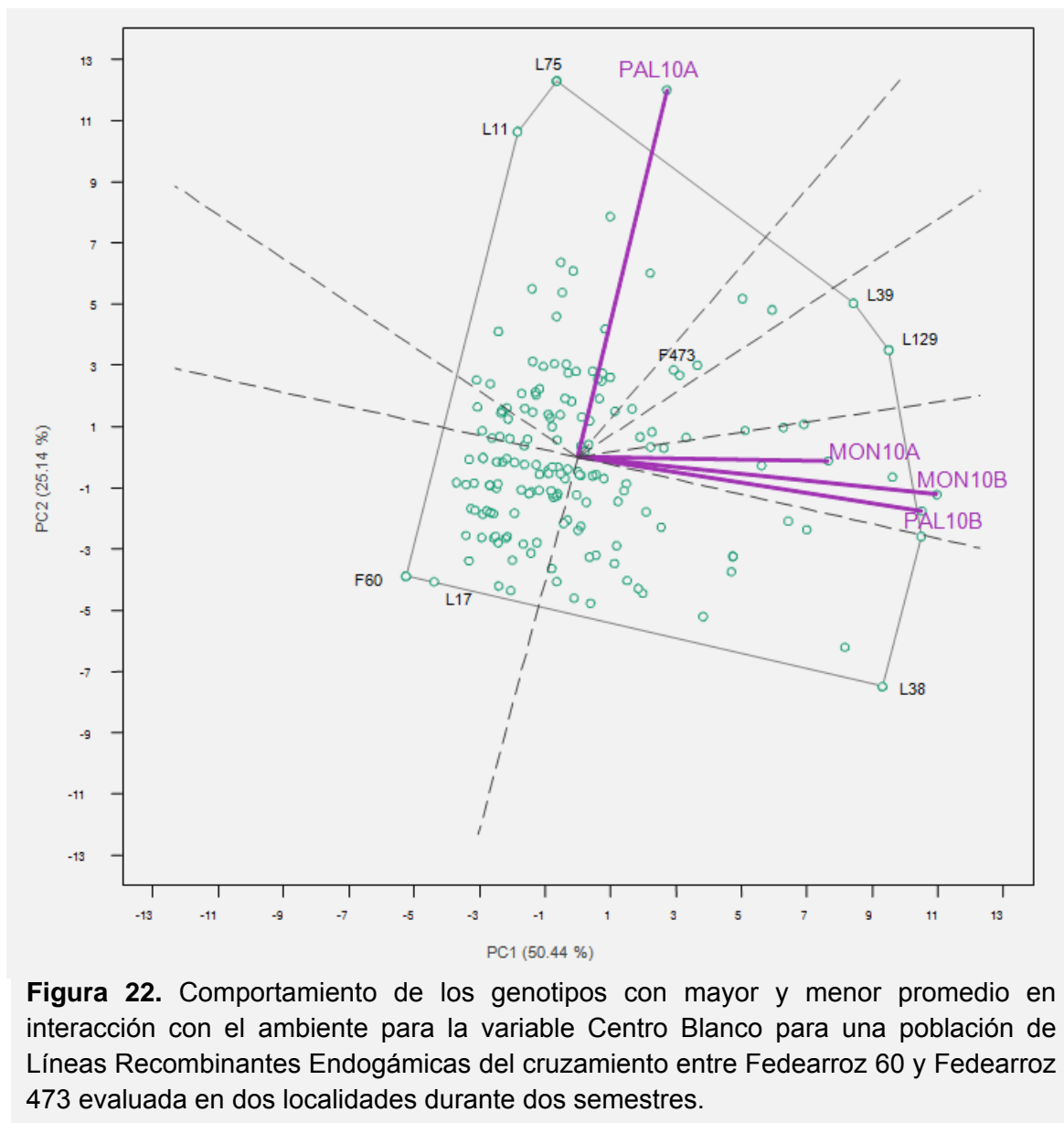
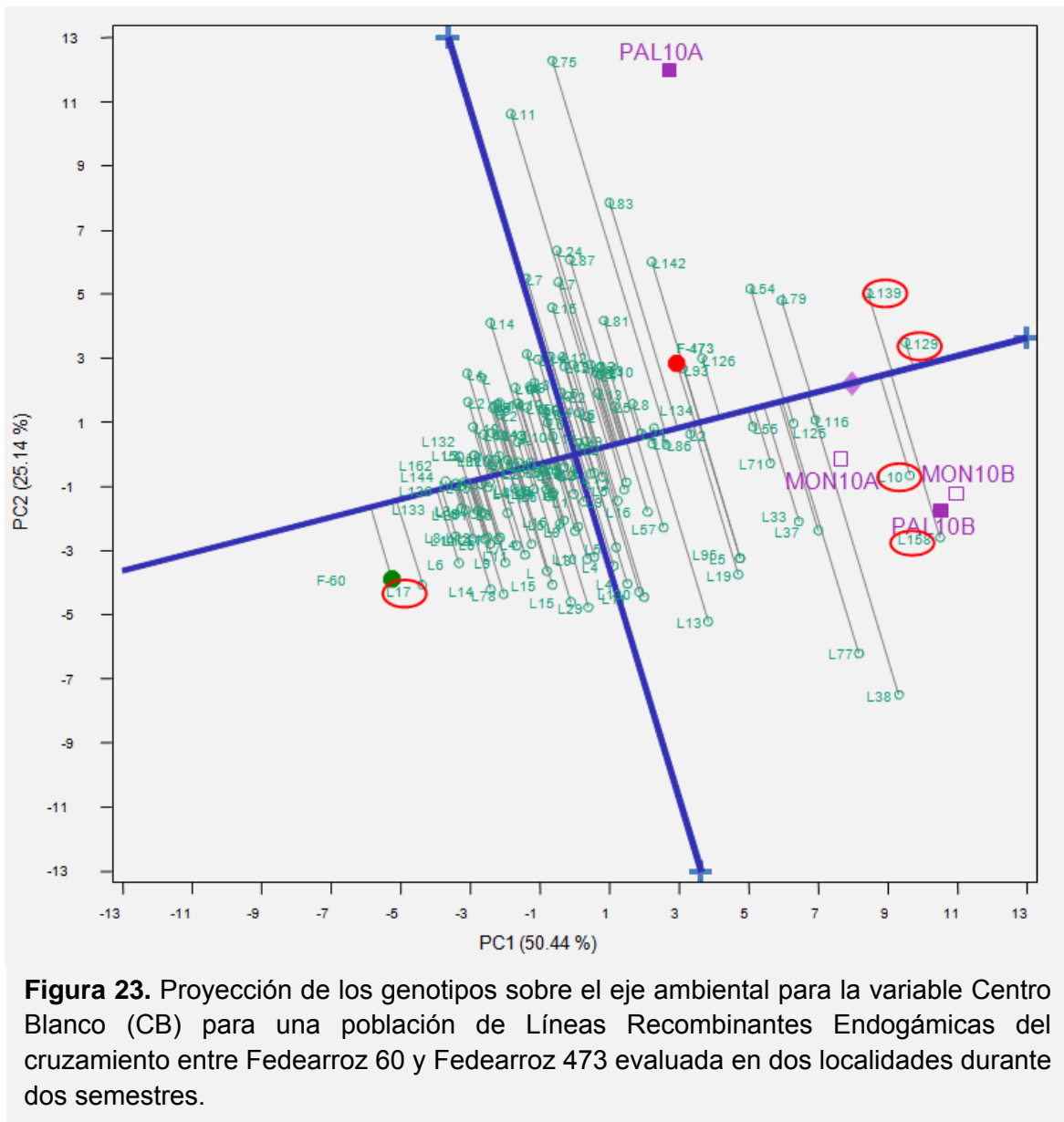


Figura 21. Vectores de ambiente en la interacción Genotipo x Ambiente para la variable Centro Blanco (CB) para una población de Líneas Recombiantes Endogámicas del cruzamiento entre Fedearroz 60 y Fedearroz 473 evaluada en dos localidades durante dos semestres.

En arroz son deseables aquellos genotipos que presenten los menores promedios, como lo presenta el progenitor Fedearroz 60 seguido de los genotipos L17, L11y L75 (Figura 22). Los genotipos L29 y L39 son indeseables ya que manifestaron contenidos de CB altos en todos los ambientes de evaluación considerando localidad y semestre.



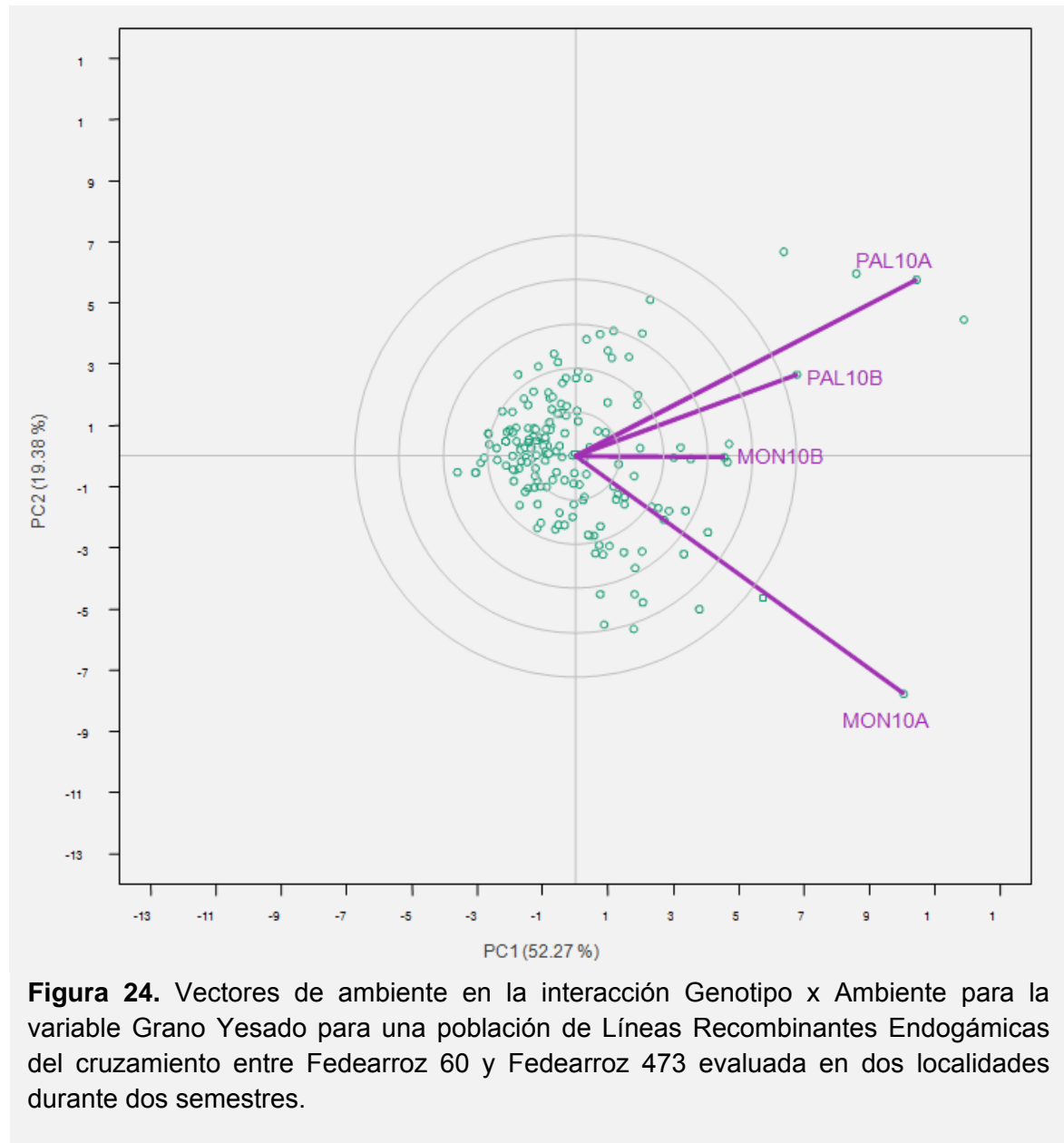
La mejor expresión en cuanto a la apariencia de grano basado en la cantidad de granos con CB la presentó el progenitor Fedearroz 60 seguido del genotipo L 17 seguido de las líneas 133 y 136. Las líneas que exhibieron la mayor cantidad de granos con CB fueron L129, L139, L158 y L10. Los genotipos más estables en la expresión de este carácter a través de los ambientes en evaluación fueron L16, L4 Y L9, y los que demostraron mayor inestabilidad para la expresión de esta característica en los ambientes de este estudio fueron L11, L13, L38, L75 Y L77 (Figura 23).



4.6.6 Grano Yesado

La cantidad de grano yesado, para los ambientes en evaluación se presentan muy cercanos, destacándose el semestre A de las localidades Palmira y Montería, que muestran los mayores valores para esta variable, lo cual es indeseable para seleccionar líneas por apariencia de grano. Los vectores en el Biplot permiten concluir una correlación positiva, es decir la expresión de este carácter se presenta similar sin importar la localidad ni el semestre de evaluación

para la población en estudio ya que los vectores para cada ambiente se encuentran en ángulos inferiores a los 90°, Por lo tanto, la expresión de este carácter depende poco del ambiente mas si del componente genético del la línea en evaluación (Figura 24). En el gráfico de Biplot, los vectores ambientales para la característica grano yesado, explican el 71,6% de la variación total en la interacción genotipo por ambiente.



La expresión de la cantidad de grano yesado es un carácter deseable cuando presenta valores cercanos a cero, aquellos genotipos que presentan los menores promedios son L149 y L66 en los ambientes de evaluación (Figura 25). Los genotipos L23, L33 y L5 son indeseables ya que manifestaron mayores cantidades dentro de la población de RIL para la variable yesado.

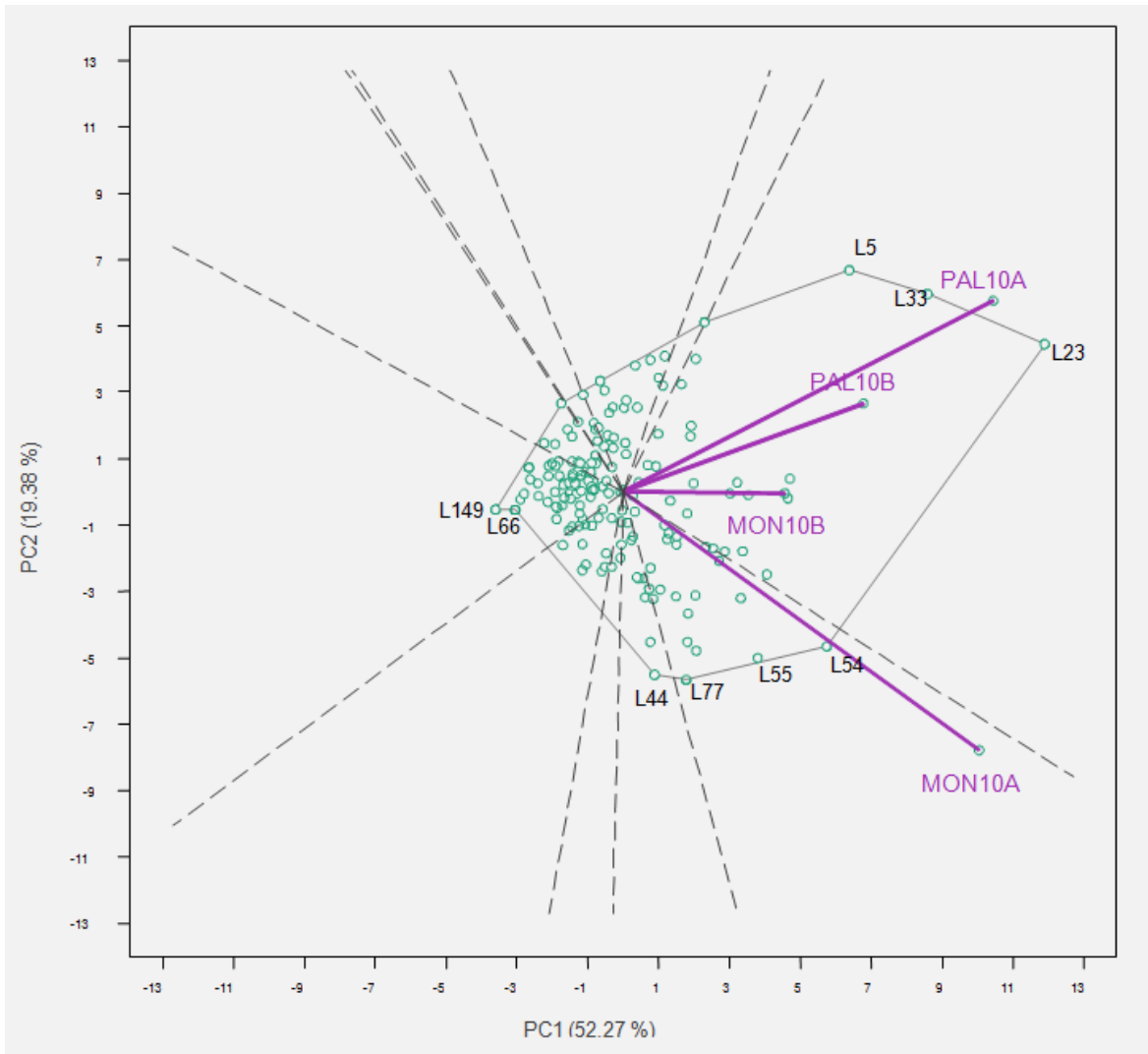


Figura 25. Comportamiento de los genotipos con mayor y menor promedio en interacción con el ambiente para la variable Gano yesado para una población de Líneas Recombinantes Endogámicas del cruzamiento entre Fedearroz 60 y Fedearroz 473 evaluada en dos localidades durante dos semestres.

La mejor expresión en cuanto a la apariencia de grano basado en la cantidad de granos yesados la muestran las líneas L149, L69 y L66 y el progenitor Fedearroz 60. Las líneas que exhibieron la mayor cantidad de granos yesados fueron L23, L33, L5 y L54.

Los genotipos más estables en la expresión de este carácter a través de los ambientes en evaluación fueron líneas L149, L69 y L66 y el progenitor Fedearroz 60. Los que demostraron mayor inestabilidad para la expresión de esta característica en los ambientes de este estudio fueron L54, L55, L77, Y L133 (Figura 26).

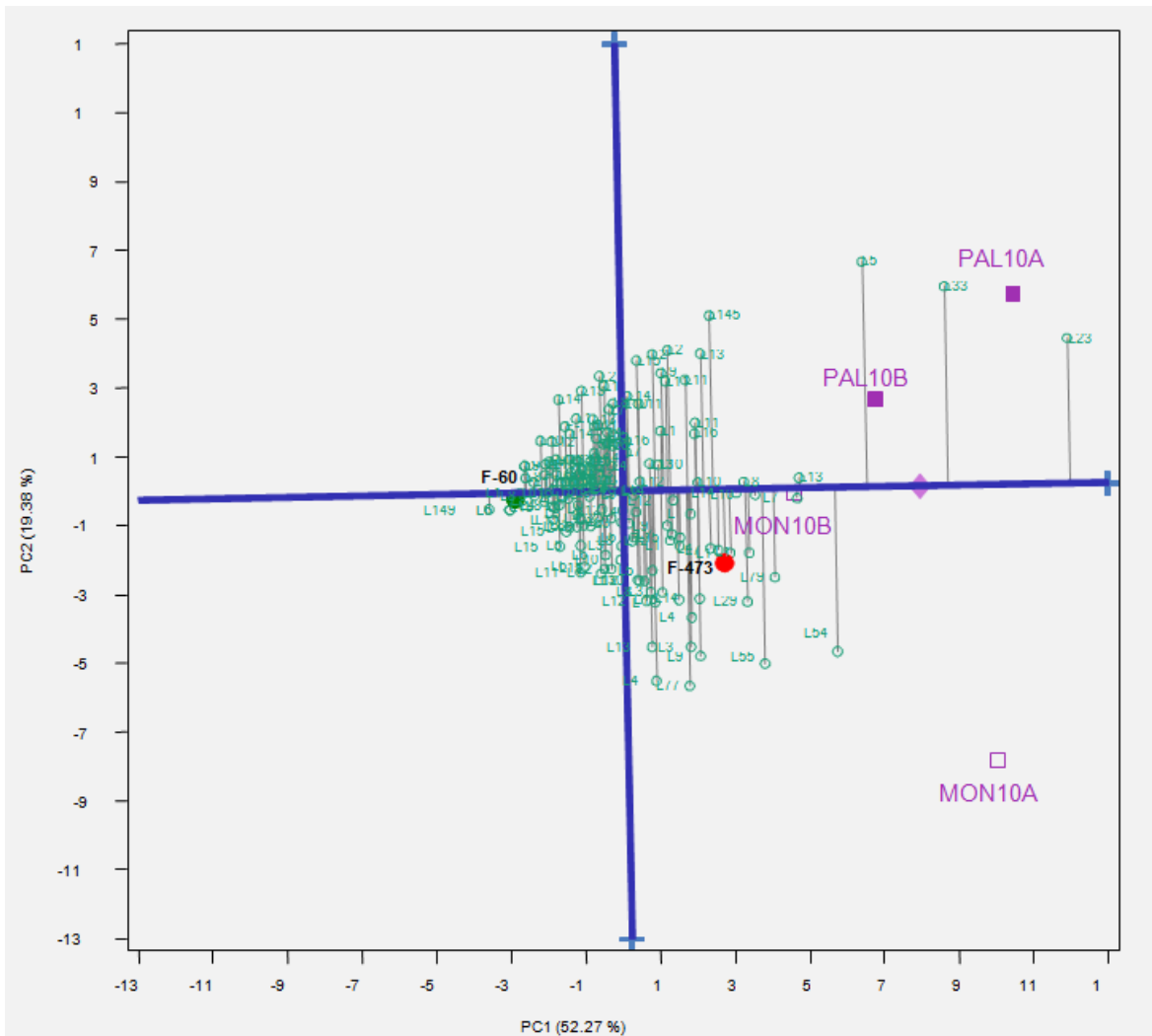


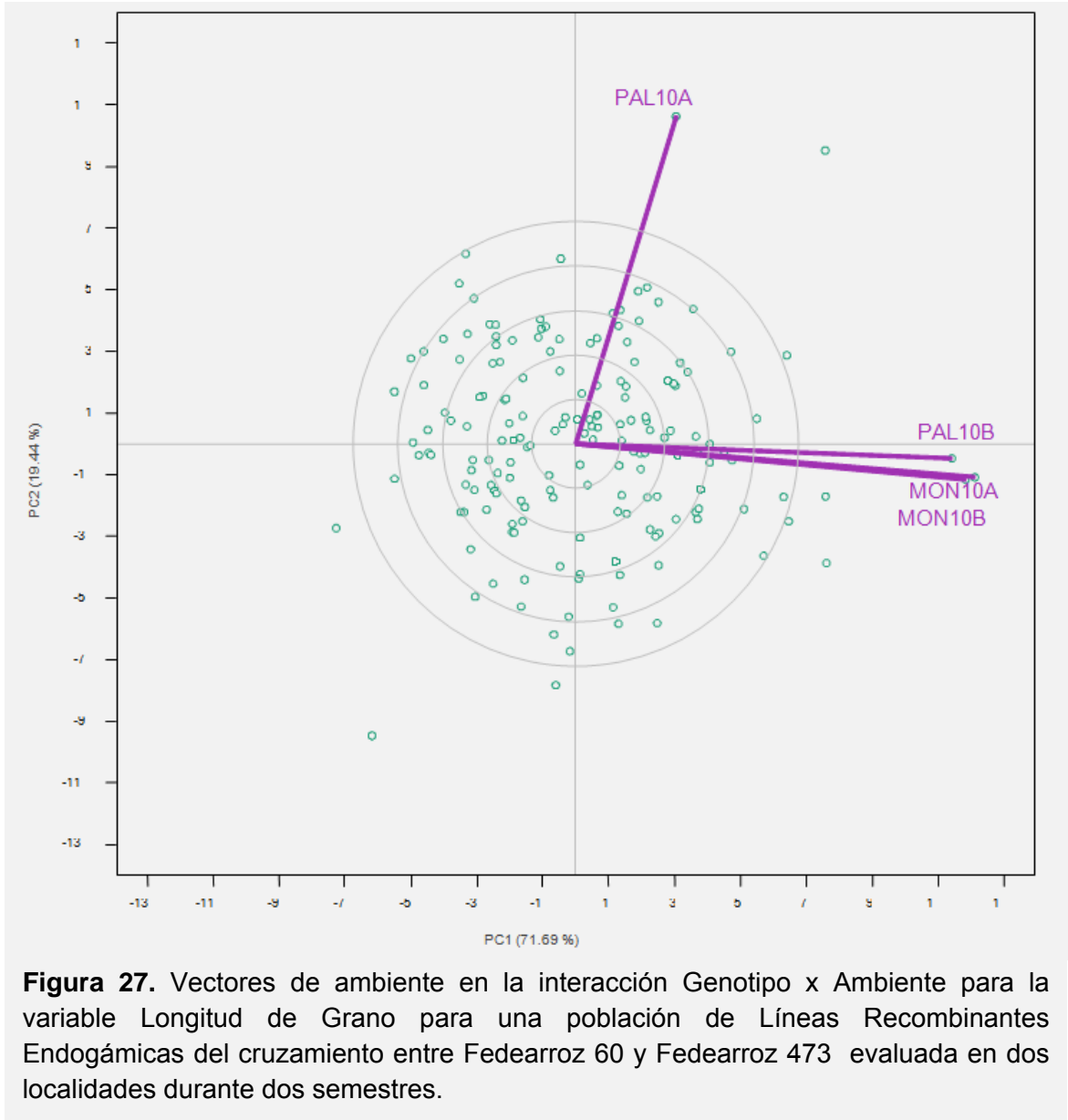
Figura 26. Proyección de los genotipos sobre el eje ambiental para la variable Grano Yesado para una población de Líneas Recombinantes Endogámicas del cruzamiento entre Fedearroz 60 y Fedearroz 473 evaluada en dos localidades durante dos semestres.

4.6.7 Longitud de Grano

La variable Longitud de grano en los ambientes de evaluación presenta cercanía en los vectores de ambiente, destacándose el semestre A de las localidades Palmira y Montería con los mayores valores, lo cual es indeseable para seleccionar líneas por apariencia de grano. Los vectores en el Biplot con ángulos inferiores a 90° entre sí, presentan la expresión de este carácter similar sin importar la Localidad ni el semestre de evaluación, Por lo tanto, la expresión de este carácter depende poco del ambiente siendo más importante el componente genético (Figura 27). Así mismo los vectores ambientales para la característica Longitud de Grano explican el 91,1% de la variación total en la interacción genotipo por ambiente.

El progenitor Fedearroz 60 presentó el mejor comportamiento en las localidades y semestres en estudio seguido de los genotipos L78 y L77 que presentaron la mayor longitud de grano dentro de la población en estudio. El progenitor Fedearroz 473 presentó los granos más cortos dentro de la población. Con respecto a los ambientes en evaluación las líneas L149, L2 y L75 presentaron la menor longitud de grano en la población evaluada (Figura 28).

La mejor expresión en cuanto a la longitud de grano la muestran el progenitor Fedearroz 60 y las líneas L78, L77 y L60. Las líneas que exhibieron granos cortos en los ambientes de evaluación incluyeron al progenitor Fedearroz 473 y a los genotipos L2, L112, L139 y L140. Los genotipos más estables en la expresión de este carácter a través de los ambientes en evaluación fueron líneas L112 y L28 aunque son líneas de grano corto. Los que demostraron mayor inestabilidad para la expresión de esta característica en los ambientes de este estudio fueron L75, L149, L77 incluyendo los dos progenitores Fedearroz 60 de grano largo y Fedearroz 473 de grano corto (Figura 29).



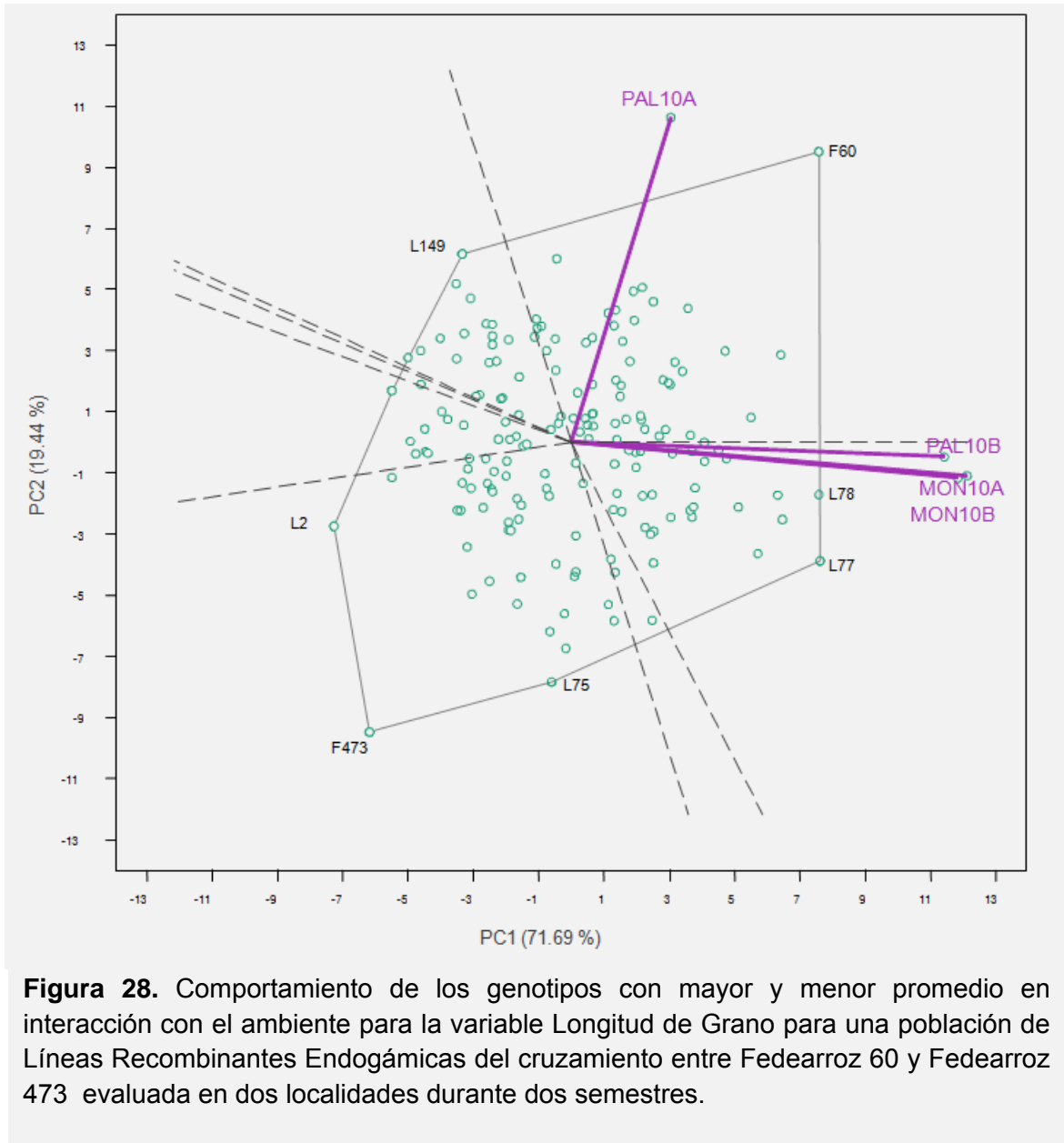
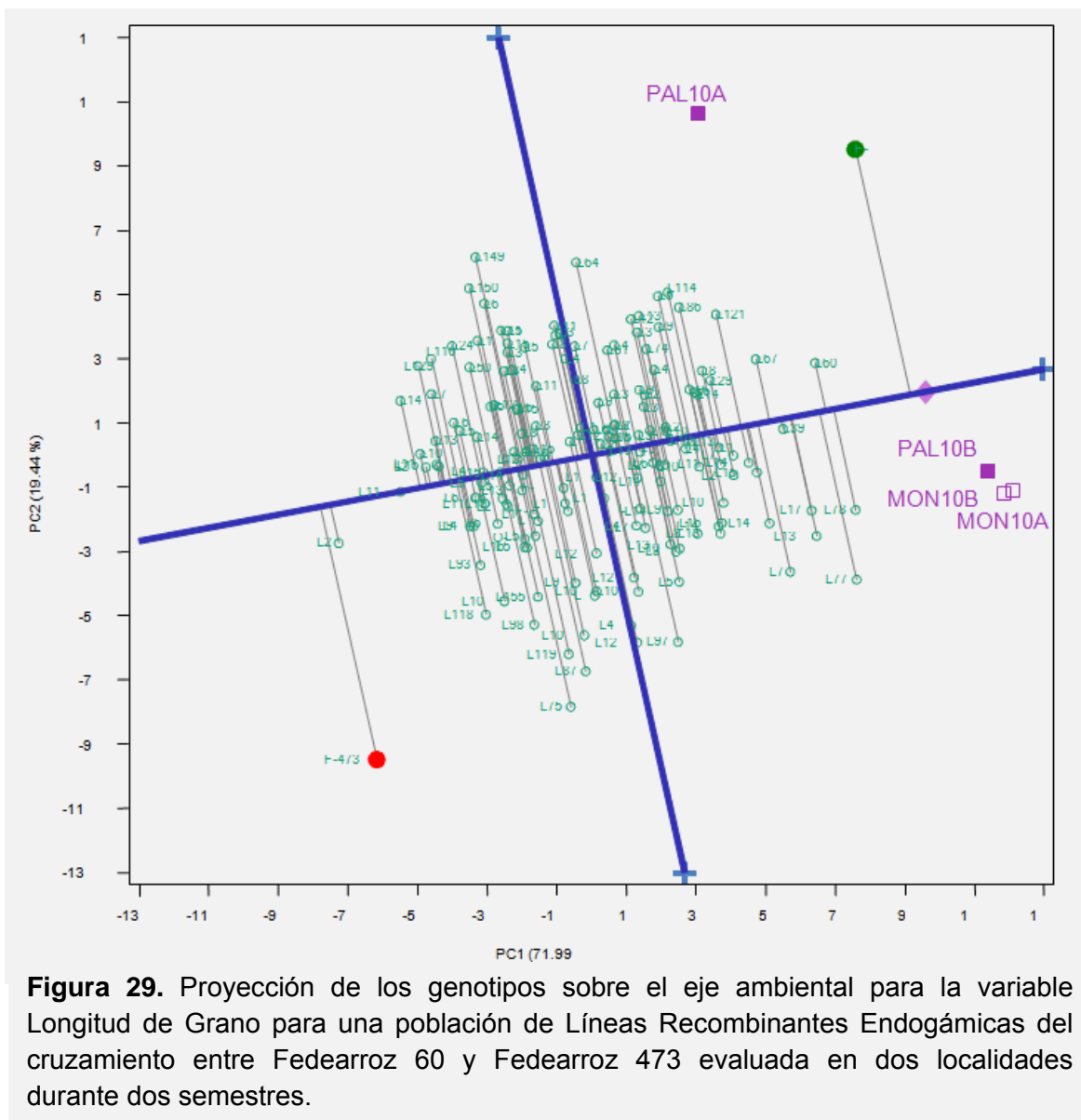


Figura 28. Comportamiento de los genotipos con mayor y menor promedio en interacción con el ambiente para la variable Longitud de Grano para una población de Líneas Recombinantes Endogámicas del cruzamiento entre Fedearroz 60 y Fedearroz 473 evaluada en dos localidades durante dos semestres.



4.6.8 Ancho de grano

En el gráfico de Biplot, los vectores ambientales para la característica Longitud de Grano, explican el 85,4% de la variación total en la interacción genotipo por ambiente.

El semestre A de las localidades Palmira y Montería muestran los mayores valores para la variable ancho de grano, lo cual es indeseable para seleccionar líneas por apariencia de grano. Los vectores en el Biplot permiten concluir una correlación positiva, es decir la expresión de este carácter se presenta similar sin

importar la Localidad ni el semestre de evaluación ya que los vectores para cada ambiente se encuentran en ángulos inferiores a los 90°, Por lo tanto, la expresión de este carácter depende poco del ambiente más si del componente genético. Los vectores ambientales para la característica Longitud de Grano, explican el 85,4% de la variación total en la interacción genotipo por ambiente (Figura 30).

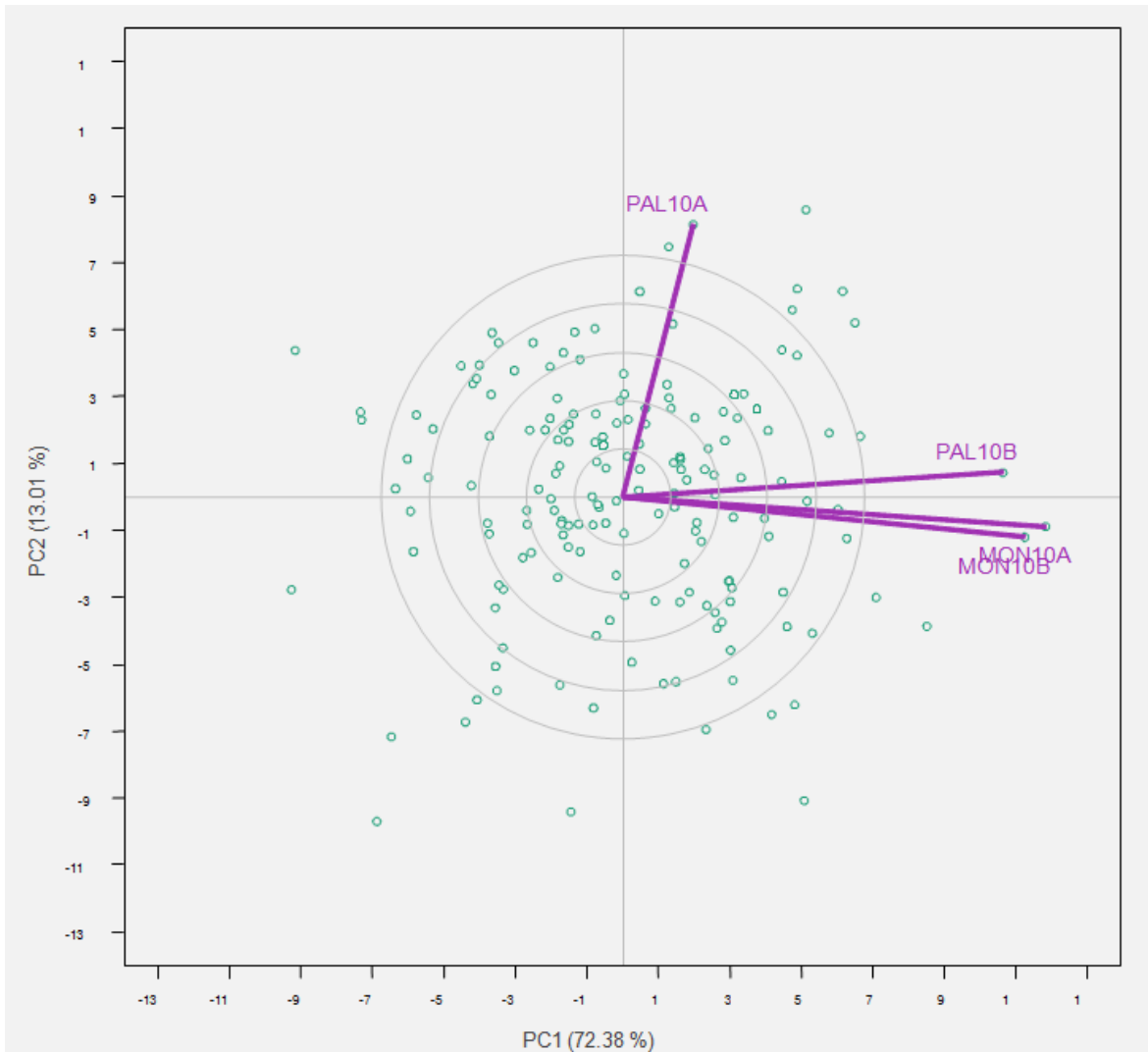


Figura 30. Vectores de ambiente en la interacción Genotipo x Ambiente para la variable Ancho de Grano para una población de Líneas Recombinantes Endogámicas del cruzamiento entre Fedearroz 60 y Fedearroz 473 evaluada en dos localidades durante dos semestres.

Los genotipos ubicados en el vértice del polígono son aquellos que mostraron los promedios en longitud de grano largo y corto. La Línea L146 presentó el grano más delgado dentro de la población, seguido por el progenitor Fedearroz 60 y la línea L145, los cuales conservan el carácter de grano largo en cualquier ambiente, con respecto a las localidades de Montería y Palmira en ambos ciclos productivos del año (Figura 31).

Los genotipos que presentaron tipo de grano ancho por encima de 2,2 mm corresponden a las líneas L125, L116, L55, L118 y L44 las cuales mostraron esa característica en los ambientes dedicados a la evaluación de la población. La mejor expresión en cuanto al ancho de grano la muestra el genotipo L146 con el grano más delgado seguido por el progenitor Fedearroz 60 y las líneas L145, L127, L138 y L132. Las líneas que exhibieron granos anchos en los ambientes de evaluación fueron L125, L126, L55 y L59. Las líneas con mayor estabilidad en la expresión de este carácter a través de los ambientes en evaluación resultaron las líneas L3, L100 y L162 con tipo de grano intermedio en la variable ancho de grano, cabe resaltar el genotipo L146 con el grano delgado y demarca una estabilidad considerable teniendo en cuenta la longitud del vector (Figura 32).

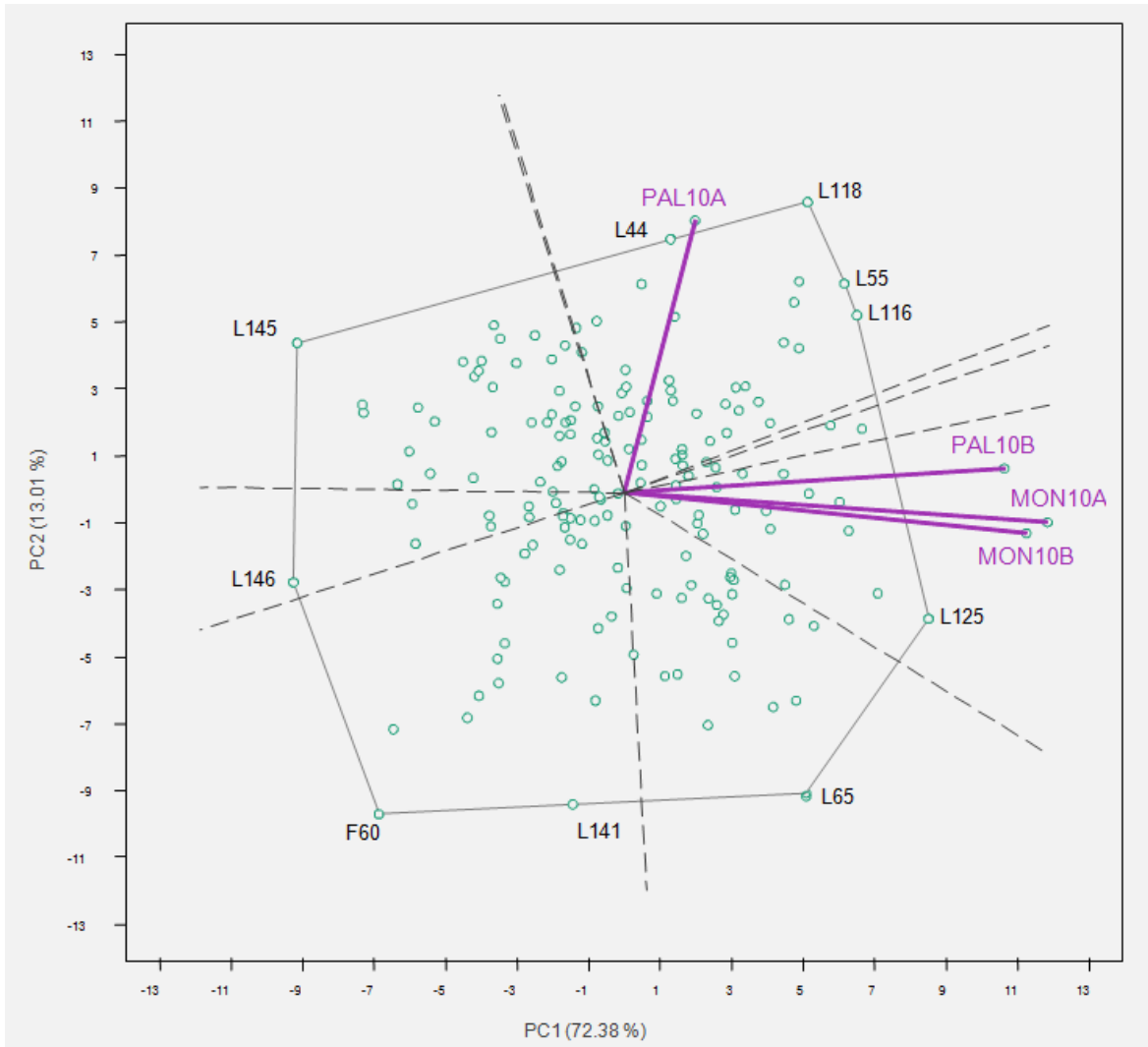


Figura 31. Comportamiento de los genotipos con mayor y menor promedio en interacción con el ambiente para la variable Ancho de Grano para una población de Líneas Recombinantes Endogámicas del cruzamiento entre Fedearroz 60 y Fedearroz 473 evaluada en dos localidades durante dos semestres.

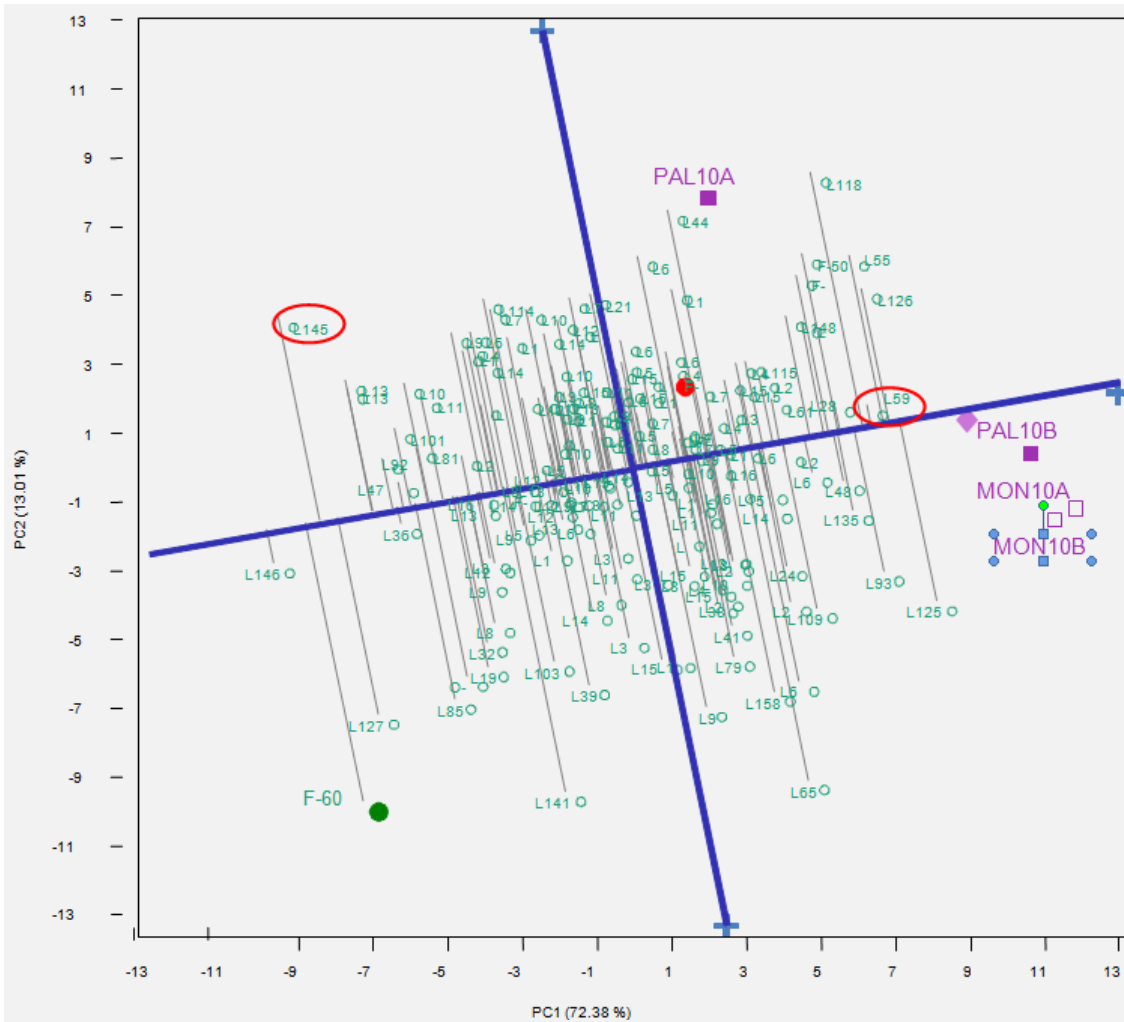


Figura 32. Proyección de los genotipos sobre el eje ambiental para la variable Ancho de Grano para una población de Líneas Recombinantes Endogámicas del cruzamiento entre Fedearroz 60 y Fedearroz 473 evaluada en dos localidades durante dos semestres.

5. Conclusiones

5.1 Conclusiones

Se encontraron individuos transgresivos superiores e inferiores al padre con mayor valor y al padre con menor valor en características como Rendimiento, índice de pilada en cosecha oportuna y retrasada, lo que plantea para estos caracteres la posibilidad de mejorarlos a través de hibridación y posterior selección en poblaciones segregantes.

La varianza genética de tipo aditivo estimada en la población de RIL derivadas del cruzamiento entre Fedearroz 60 y Fedearroz 473 para la variable Índice de Pilada en Retraso de Cosecha con un valor de 89,8%, demostró que la característica depende para su expresión principalmente de los genes y se ve poco afectado por la condición del ambiente, así mismo mostró una heredabilidad en sentido estrecho moderada (36%).

Las variables de tamaño del grano, plantean la posibilidad de ser mejoradas a través de selección por su alta heredabilidad, lo que permite la selección en generaciones tempranas.

Es posible realizar selección indirecta de carácter Índice de pilada en retraso a través de la selección de líneas que presenten un alto índice de pilada en cosecha oportuna, debido a que estas dos características correlacionan positivamente.

En poblaciones derivadas del cruzamiento de Fedearroz 60 y Fedearroz 473, es muy probable que al seleccionar individuos o líneas con alto rendimiento se esté seleccionando negativamente su comportamiento en el proceso de molinería, ya que estas dos variables correlacionan negativamente.

En la localidad de Montería es posible medir rendimiento de líneas recombinantes endogámicas derivadas de Fedearroz 60 x Fedearroz 473 con resultados similares en los dos ciclos de cultivo, la localidad de Palmira determina ofertas ambientales diferentes a través de los semestres para el mismo carácter.

La expresión del índice de pilada en arroz depende en gran proporción de la interacción positiva o negativa que pueda presentarse con la localidad o el semestre en el que se evalúa y selecciona dicha característica.

Bibliografía

- [1].ALWALA, S., ET.AL. "A comprehensive comparison between Eberhart and Russell joint regression and GGE biplot analyses to identify stable and high yielding maize hybrids." Field Crops Research (2010). **119**: 225 - 230.
- [2].BARIL, C. P., DENIS, J.B., WUSTMAN, R., VAN EEUWIJK, F. A. "Analysis genotype by environment interaction in Dutch potato variety trials using factorial regression." Euphytica,1995, 82: 149-155.
- [3]. BERNARDO, R. breedin for Quantitative Traits in Plants. Woodbury, Minnesota, 2002.
- [4]. BROMAN, K. "The genomes of recombinant inbred lines." Genetics, 2005, 169: 1133 - 1143.
- [5]. CIAT, Centro Internacional de Agricultura Tropical., Evalluacion de la Calidad Culinaria y Molinera del Arroz. Ed. Cali, Colombia 1989.
- [6]. CRUZ, C. D., REGAZZI A. J. Modelos Biometricos aplicados ao melhoramento genetico. Vicosa, Brasil, 2003,V2.
- [7]. CHILDS, N. "Rice situation and Outlook Yearbook." Economic Research Service, United States Department of Agriculture, 2006, from <http://usda.mannlib>.
- [8]. CORNELL.EDU/usda/current/RCS-yearbook/RCS-yearbook-12-20-2006.pdf.
- [9]. CHUNG, H., ET.AL. "Relationship between the structure, physicochemical properties and in vitro digestibility of rice starches with different amylose contents.", Food Hydrocolloids, 2011, 25: 968 - 975.
- [10].DE VILELA, D. M. R., ED. Genética Biometrica e Estadística no Melhoramento de Plantas Perennes. Embrapa Informacao Tecnológica, Brasilia, 2002.
- [11].DELA, C. N., KHUSH, G. S. "Grain Quality Evaluation Procedures In: Aromatic Rices.", Science Publishers, 2000, Inc.: 15 - 28.
- [12].DONG, Y., TSUZUKI, E., LIN D., KAMIUNTEN, H., TERAO H., MATSUO, M., CHENG S. "Molecular genetic mapping of quantitative trait loci for milling quality in rice (*Oryza sativa* L.)", Journal of cereal science, 2004, 40: 109 - 114.

- [13].FALCONER, D. S. Introduccion a la genetica cuantitativa, 1986, Compañía Editorial Continental S.A.
- [14].FAO (Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación, I. (2004). El arroz es Vida (en línea), <http://www.fao.org/newsroom/es/focus/2004/36887/index.html>.
- [15].FEDEARROZ-FNA., ED. Censo Nacional Arroceros 2007, Bogota, Colombia, 2008, Fedearroz.
- [16].FITZGERALD M. A., M. S. R., HALL R.D. "Not just a grain of rice: the quest for quality." Trends in plant Science, 2009, 14(3): 133 - 138.
- [17].GABRIEL, K. R. "The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis.", Biometrika, 1971, 58: 453 - 467.
- [18].GRAMENE.ORG <http://www.gramene.org/>, Cold Spring Harbor Laboratory and Cornell University, USA. (2000 - 2008).
- [19].GRAVOIS, K. A., K.A.K. MOLDENHAUER, P.C. RHOHMAN "Genetic and genotype x Environment effects for rough rice and head rice yields.", CROP SCIENCE ,1991, 31: 907 - 911.
- [20].GUO, Y. Q., "Inheritance of quality and grain characteristics in indica rice." Journal of Agricultural Research of China, 1985, 34(243 - 257).
- [21].HALLAUER, A. R., MIRANDA J.B. Quantitative Genetics in Maize Breeding. Ames, Iowa, 1988.
- [22].HARVILLE, D. A. "BLUP (Best Linear Unbiased Predictor) and beyond." Advances in stat. method for genetic improvement of livestock, Springer Verlag, 1990, P. 239 - 276.
- [23].HE, P., L. H. ZHU, Y. CHEN, W. M. WANG, J. Z. LI, Y.Q. MA, Q. QUIAN. "Genetic analysis of rice grain quality.", 1999.
- [24].ICONTEC. Norma Técnica Colombiana NTC 519 2001-09-26 Arroz con Cáscara. NTC 519 2001-09-26. ICONTEC. Bogota, 2001.
- [25].ICONTEC, Norma Técnica Colombiana NTC 671 2001-09-26 Arroz Elaborado Balnco Para Consumo. NTC 671 2001-09-26. ICONTEC. BogotA, 2001.
- [26].IRRI, I. R. R. I.. Standard Evaluation Sistem For Rice (SES). R. S. f. a. b. W. Rice knowledge bank. 2002.
- [27].ISHIMARU K., K. T., HIROTSU N., MADOKA Y. "Identification and physiological analyses of a locus for rice yield potential across the genetic background." Journal of Experimental Botany, 2005. 56(420): 2745 - 2753.

- [28].JULIANO, B. O., ED. Criteria and test for rice grain qualities. Chemistry and technology of Rice. St. Paul MN., American Association of Cereal Chemists, 1985.
- [29].JULIANO, B. O., Rice in Human Nutrition. FAO Nutrition Series. Rome, FAO Food And Agricultural Organization of the United Nations, 1993, N° 26.
- [30].JULIANO, B. O., VILLAREAL, C.P. Grain Quality Evaluation of World Rices. Manila, Philipinas, International Rice Research Institute IRRI, 1993.
- [31].KEPIRO, J. L. , "Molecular Markers for Milling Yield." *texas Rice* 6: 3-4, 2006.
- [32].LI G., X. L., GU W., YANG C., WANG S., LING Q., QIN X., DING , "Comparison of Yield Components an Plant Type Characteristic of High - Yield rice between Taoyuan, a 'Special eco - site' and Manjing, China." *Field Crops Research*, 2009, 1122: 214 - 221.
- [33].LIN, J., SHI, CHUNHAI., WU MINGGUO., WU, JIANGUO. "Analysis of genetic effects for cooking quality traits of japonica rice across enviroments." *Plant Science*, 2005, 168: 1501 - 1506.
- [34].LISLE, A. J., MARTIN, M., FITXGERALD, M. A. "Chalky and Translucent Rice Grains Differ in Starch Composition and Structure and Cooking Properties." *Cereal Chemistry*, 2000, 77(5): 627-632.
- [35].LIVORE, A. B. Calidad industrial y culinaria del arroz. ARROZ. Entre Rios - Uruguay, INTA – URUGUAY, 2001, 190 -194.
- [36].LOPES DE SOUSA JUNIOR, C., Componentes da Varianza Genetica e suas implicacoes no Melhoramento Vegetal. Piracicaba, Sao Paulo, 1989.
- [37].LOU, J., CHEN, L., YUE, G., LOU, Q., MEI, H., XIONG, L., LUO, L., "QTL mapping of grain quality traits in rice." *Journal of cereal science*, 2009, 50: 145 - 151.
- [38].MAO-MAO, L., ET.AL., "Identification of Quantitative Trait Loci for Grain Traits in Japonica Rice." *Agricultural Sciences in China*, 2010, 9(7): 929-936.
- [39].MATSUO, T., Origin and Differentiation of Cultivated Rice. Science of the Rice Plant. Tokio, Japan, Under Commission from the Japanese Ministry of Agriculture, 1997, Three Genetics: 1006.
- [40].MCCAULEY, G. N., WAY, M.O., "Drain and harvest timing affects on rice grain drying and whole-milled grain." *Field Crops Research*, 2002, 74: 163-172.
- [41].MO, H. D., "Quality improvement of rice grain in China." *Scientia Agricultura Sinica*, 1993, 26: 8 - 14.

- [42].MOHAPATRA, D., BAL, S., "Optimization of Polishing Conditions for Long Grain Basmati Rice in a Laboratory Abrasive Mill." *Food Bioprocess Technol*, 2010, 3(466 - 472).
- [43].OHSUMI, A., ET.AL. "Evaluation of yield performance in rice near-isogenic lines with increased spikelet number." *Field Crops Research*, 2011, 120: 68-75.
- [44].PEREZ C., S. E., *El cultivo de Arroz seco Manual o a Chuzo en el Caribe Humedo*, Fedearroz Fondo Nacional del Arroz, 2005, P. 246.
- [45].PEYMAN., D., "Genetic and Genotype x Environment Interaction Effects for appearance Quality of Rice." *Agricultural Sciences in China*, 2009, 8(8): 891 - 901.
- [46].PIEPHO, H. P., MOHRING, J., MELCHINGER, A. B., "BLUP for phenotypic selection in plant breeding." *Euphytica*, 2008, 161: 209-228.
- [47].POEHLMAN J. M., A. D., *Mejoramiento Genetico de las Cosechas. Mexico*, 2003.
- [48].RAMALHO, M. A., FERREIRA, D., DE OLIVEIRA C. A., *Experimentacao em Genetica e Melhoramento de Plantas. Lavras, UFLA*, 2000.
- [49].RAMBURAN, S., ZHOU, M., LABUSCHAGNE, M., "interpretation of genotype x environment interactions of sugarcane: Identifying significant environmental factors." *Field Crops Research*, 2011, P. 124: 392 - 399.
- [50].REYNOLDS, M. T. A. R. S., *Application of physiology in Wheat breeding. International Maize and Wheat Improvement Center (CIMMYT)*.In: Reynolds, M.; Ortiz-Monasterio, J. and McNab A(eds) 2001. *Application of physiology in Wheat breeding. International Maize and Wheat Improvement Center Mexico DF*, 2001, P. 240.
- [51].ROBINSON, G. K., "That BLUP is a Good Thing: The Estimation of Random Effects." *Statistical Science*, 1991, 6(1): 15 - 32.
- [52].SABOURI, H., RABIEI, B., FAZLALIPOUR, M., "Use of selection Indices Based on Multivariate Analysis for Grain Yield in Rice." *Rice Science*, 2008, P. 15(4): 303-310.
- [53].SEARLE, S. R., GEORGE C., MCCULLOC C.E., *Variance Components. New York*, 1992.
- [54].SEMAGN, K., BJORNSTAD, A., XU, Y., "The genetic dissection of quantitative traits in crops." *Electronic Journal of Biotechnology*, 2010, P. 13(5).
- [55].SHAO, G., et.al., "Mapping of qGL7-2, a grain length QTL on chromosome 7 of rice." *journal of Genetic and Genomics*, 2010, 37: 523-531.

- [56].SHI C.H., H. C. X., ZHU J., CHEN J.G. "Genetic effects and genotype x environment interaction effects analysis for apparent quality traits of indica rice." *Chinese J. Rice Sci.*, 1999, 13: 179 - 182.
- [57].SHI C.H., P. W., X.M. ZHANG, J.G. WU, "Developmental analysis on genetic behavior of brown rice recovery in indica rice across environments." *Plant Science*, 2002, 163: 555 - 561.
- [58].SHI C.H., Z. J. "Genetic analysis of endosperm, cytoplasmic and maternal effects for exterior quality traits in indica rice." *Chinese J. Biomath*, 1996, 11: 73 - 81.
- [59].SOON-WOOK K., e. a., "Identification of Quantitative Trait Loci Associated with Rice Eating Quality Traits Using a Population of Recombinant Inbred Lines Derived from a Cross between Two Temperate japonica Cultivars." *Molecules and cells*, 2011, P. 1-9.
- [60].VALLEJO F. A., et.al., *Mejoramiento Genético de Plantas*. Palmira, 2002.
- [61].VAN EEUWIJK, F. A., KEIZER, L.C.P., BAKKER, J.J. "Linear and bilinear models for the analysis of multi-environment trials.II. an application to data from the Dutch maize variety trials." *Euphytica*, 1995, p. 84: 9-22.
- [62].VARGAS, M., CROSSA, J., VAN EEUWIJK, F.A., RAMIREZ, E., SAYRE, K. "Using partial least squares regression, factorial regression and AMMI models for interpreting genotype x environment interaction." *Crop Sci.*, 1999, 39: 955-967.
- [63].WALDRON, B. L., *Calculating Additive Genetic Correlation Using ANOVA and the Sum Method of Estimating Covariance. Handbook of Formulas and Software for Plant Geneticists and Breeders*. K. M. S. New York, 2003.
- [64].XIE, C. X., S. "Best Linear Unbiased Prediction under Selection." *Journal of Genetic and breeding* 50: 287 – 294, 1996.
- [65].YAN, C., et.al. "Genetic Effect of PUL Allelic Variation on Rice Cooking and Eating Qualities." *Acta Agronomica SINICA* 36(5): 728-735, 2010.
- [66].YAN, W. E. T., N. A. "Biplot analysis of multi-environment trial data: Principles and applications." *CANADIAN JOURNAL OF PLANT SCIENCE*. 86: 623 – 645, 2006.
- [67].ZANG X.M., S. C. H., YE S.H., QI Y. B. "Developmental analysis of genetic behavior of brown rice width in indica japonica Hybrids." *Rice Science* 13: 99 – 105, 2006.
- [68].ZIMMERMANN, F. J. *Estadística Para Investigadores*. Bogota, Oficina de Publicaciones Universidad de la Sabana, 2004.

- [69].ZUANG, Y.-H. Y. G. L. Y.-Y. F. K.-Q. Z. Z.-W. Z. J.-Y. "Genetic relationship between grain yield and the contents of protein and fat in a recombinant inbred population of rice." *Journal of cereal science* 50: 121-125, 2009.