

BASE GENÉTICA DE LOS CULTIVARES DE ARROZ DE RIEGO LIBERADOS EN VENEZUELA

GENETIC BASE OF THE VARIETIES IRRIGATED OF RICE RELEASED IN VENEZUELA

Marco Acevedo*, **Edgar Torres****, **Orlando Moreno*****, **Rosa Alvarez*****, **Orlando Torres******,
William Castrillo*, **Gelis Torrealba***, **Edicta Reyes*****, **Magelys Salazar****** y **María Navas******

* Investigadores. INIA. CIAE-Guárico. Km 27, carretera Calabozo. San Fernando de Apure, sector Bancos de San Pedro.

Apdo. 14. Calabozo, estado Guárico, Venezuela. E-mail: macevedo@inia.gov.ve.

** Investigador. Fondo Latinoamericano y del Caribe de arroz de riego. E-mail: edgar_torres@hotmail.com

*** Investigadores. INIA. CIAE-Portuguesa. omoreno@inia.gov.ve **** Investigadores. INIA. CIAE-Barinas. otorres@inia.gov.ve

RESUMEN

La genealogía de 19 variedades de arroz, *Oryza sativa* L., de riego liberadas en Venezuela durante el período 1978-2006, fueron analizadas con los objetivos de determinar el número de ancestrales presentes, así como estimar su contribución genética relativa. Los resultados mostraron que la mayoría (56%) de los ancestrales fueron originados en la Asia, mientras que los de origen americano y africanos aportaron 10% cada uno. El análisis del pedigrí mostró que 59 ancestrales contribuyeron con el 99,99% de la base genética (BG) y sólo 5 ancestrales están presentes en todas las variedades estudiadas con una contribución genética acumulada (CGA) de 51,89%. Cuando se analiza la BG del arroz en Venezuela sólo 16 líneas ancestrales poseen una CGA de 80,47%. Si se consideran los materiales que aportan más del 2% de los genes, este número se reduce a 12 ancestrales y su CGA es de 74,48%. Los resultados obtenidos permiten inferir que la BG del arroz en Venezuela es más estrecha que la del arroz en América Latina y similar a la del arroz de riego en Brasil. Cuando se consideran únicamente los cultivares más sembrados para el año 2005, la tendencia es similar a la presentada. Incrementar la BG del cultivo arroz en Venezuela sería recomendable para el mejoramiento genético, ya que permitiría lograr en corto o mediano plazo mayores ganancias por selección, además de evitar posible vulnerabilidad genética. Esta información es de gran importancia, pues permite orientar adecuadamente los futuros cruzamientos dentro de los programas de mejoramiento del cultivo en Venezuela.

Palabras Clave: Cultivares; arroz de riego; *Oryza sativa* L.; genealogía; base genética.

SUMMARY

The genealogy of 19 varieties of irrigated rice, *Oryza sativa* L., liberated in Venezuela during the years 1978-2006, were analyzed with the objective to determine the number of ancestors present, also to estimate its relative genetic contribution. The results indicated that the majority (56%) of the ancestors were originated in Asia, while the ones of American and African origin provided 10% each one. The pedigree analysis showed that 59 ancestors contributed with 99,99% of the genetic base and only 5 ancestors are present in all the varieties studied, with a genetic accumulated contribution (CGA) of 51,89%. When the genetic base of rice in Venezuela is analyzed, only 16 ancestors lines possesses a CGA of 80,47%. If the material that contributed with more than 2% of the genes are considered, this number is reduced to 12 ancestors and its CGA is of 74,48%. The results allow to infer that the genetic base of rice in Venezuela is more stretch than that of Latin America and similar to that of irrigate rice in Brazil. It is recommended to increase the genetic base of the Venezuelan varieties, which will allow, in the short and middle time, to win in selection, in addition to avoid possible genetic vulnerability. This information is of great importance because it allows to address future crossing in the breeding program of rice in Venezuela.

Key Words: Cultivars; irrigation of rice; *Oryza sativa* L.; genealogy; genetic base.

RECIBIDO: noviembre 14, 2006

APROBADO: marzo 05, 2007

INTRODUCCIÓN

En programas de mejoramiento genético de especies autóгамas, es usual la utilización de la variabilidad genética disponible en las variedades locales o introducidas. Cuando esta variabilidad no existe, el fitomejorador debe formar nuevas poblaciones en las cuales realizar selección. Estas deben poseer promedio elevado y varianza alta para la característica deseada. Para lograr el primer objetivo, generalmente los fitomejoradores recurren a cruzamientos de tipo élite por élite entre líneas que de alguna forma comparten parte de sus genes.

Estos cruzamientos entre líneas emparentadas y el uso repetido de ciertos progenitores, conducen al aumento del parentesco y la endogamia, lo cual reduce la base genética (BG). Además, la falta de cruzamientos dentro de la población debido a la autofecundación en estas especies, restringe la recombinación. De esta forma, ocurre un aumento de la similaridad entre los cultivares utilizados limitando la diversidad genética e incrementando la vulnerabilidad para estreses bióticos.

Estudios previos han demostrado que la BG del arroz, *Oryza sativa* L., en Latino América es reducida. Cuevas *et al.* (1992), estudiaron la BG del arroz para Latina América y el Caribe en el período 1971-1989. Este estudio muestra que de manera general en Latino América 36% de los genes de las variedades utilizadas comercialmente provienen de los ancestrales de la variedad “IR 8” y que al menos 14 ancestrales contribuyen con aproximadamente con 70% de los genes, incrementando el parentesco entre las cultivares. Guimarães *et al.* (1995) estudiaron la diversidad genética del germoplasma de arroz de secano producido en el Centro Internacional de Agricultura Tropical, (CIAT) y señalan que este presenta una tendencia similar al del arroz bajo riego.

Además indican que la alta intensidad de selección para tolerancia a enfermedades y características agronómicas, contribuyen para la reducción de la BG. Recomiendan que para ampliar la BG del programa se debe favorecer la selección en condiciones locales y el uso del mejoramiento poblacional. Rangel *et al.* (1996) señalaron que en Brasil en la década de los 80, la ganancia genética por selección fue baja debido a la estrecha BG encontrada entre los materiales utilizados.

Los autores concluyen que 10 líneas ancestrales contribuyen con el 68% del conjunto génico de las variedades. Además, constataron que los cultivares más sembrados contenían siete introducciones responsables por el 70% de los genes. En consecuencia, reconocen que existe la necesidad de aumentar la BG del arroz de riego para romper con el techo de productividad y así evitar riesgo de vulnerabilidad genética.

Resultados similares fueron encontrados en otras regiones. Dilday (1990) en un estudio sobre la BG de los cultivares de arroz utilizados en los Estados Unidos de América encontró que las variedades de la región sur son originadas de 22 ancestrales y los cultivares de la región occidental son oriundas de 23. También encontró que las variedades de grano largo “Lebonnet” y “Lemont” tienen más del 72% de sus genes en común, mientras que las variedades de grano medio “Calrose” y “Caloro” poseen 9% de sus genes en común, esto muestra la estrecha base genética de los materiales de arroz de riego en EEUU. Lin (1991) evaluó la BG de las variedades de arroz Japónica en Taiwán, encontrando que las 99 variedades liberadas durante el período 1940-1987 fueron originadas de 65 ancestrales.

Entre estos, 44 introducciones procedieron de Japón y contribuyeron con más del 85% de los genes y sólo 11 de Taiwán. Dos introducciones “Sinriki” y “Kameji” tuvieron una contribución de genes en promedio alta con valores entre 21,3% y 16,7%, respectivamente. Estos resultados demuestran la estrecha BG en las variedades de arroz Japónica en Taiwán.

El conocimiento de la BG de un cultivo es fundamental para diseñar estrategias de mejoramiento tendientes a aumentar las ganancias por selección y reducir la vulnerabilidad genética. Sin embargo, en Venezuela no se conocen estudios sobre la BG de los cultivares de arroz. En consecuencia, los objetivos del trabajo son determinar el número de ancestrales presentes al menos una vez en el pedigrí de las variedades de arroz de riego liberadas en Venezuela en el período 1978-2006 y estimar las contribuciones genética relativa (CGR) de los ancestrales en dichas variedades.

MATERIALES Y MÉTODOS

En el estudio fueron analizadas las genealogías correspondientes a 19 cultivares (Cuadro 1), aprobados o en proceso de aprobación por el Servicio Nacional de Semillas (SENASA) para uso como cultivares comerciales, durante el período comprendido desde 1978 hasta el 2006. Estos materiales fueron liberados por instituciones públicas o privadas que realizan investigaciones en mejoramiento genético de arroz y ocupan u ocuparon alguna área importante de producción en el país.

CUADRO 1. Variedades de arroz de riego liberadas en Venezuela período 1978-2006.

Número	Variedad	Año de Liberación	Institución
1	Araure 1	1978	FONAIAP♣
2	Ciarllacen 1	1979	FONAIAP
3	Araure 2	1982	FONAIAP
4	Araure 3	1984	FONAIAP
5	Araure 4	1984	FONAIAP
6	Cimarrón	1988	FONAIAP
7	Palmar	1988	FONAIAP
8	Fonaiap 1	1993	FONAIAP
9	Fonaiap 2	1993	FONAIAP
10	Fonaiap 2000	2000	FONAIAP
11	Fundarroz PN-1	2000	INIA-Fundarroz
12	Zeta 15	2000	Fusagri
13	D`Primera	2001	Fundación Danac
14	D`Sativa	2002	Fundación Danac
15	Fedearroz 50	2002	Aproscello
16	Venezuela 21	2003	INIA-Fundarroz
17	Fedearroz 2000	2004	Aproscello♦
18	D`Oryza	2005	Fundación Danac
19	Centauro	2006	INIA-Fundarroz

Fuente: Torrealba *et al.* (2004). Variedades de arroz en Venezuela.

♣ Fondo Nacional de Investigaciones Agrícola (Fonaiap) a partir del año 2000 cambia para Instituto Nacional de Investigaciones Agrícola (INIA). ♦ Variedad de arroz sin solicitud de elegibilidad ante SENASEM.

La información utilizada en este estudio fue obtenida por consulta en el sistema de base de datos del Sistema Internacional de Información de Cultivos, acrónimo en inglés, "ICIS". En arroz la implementación es conocida como Sistema Internacional de Información de Arroz denominada "IRIS" (www.irri.cgiar.org/IRIS). Este sistema de datos esta siendo desarrollado por varios centros de investigación del grupo consultivo para la investigación agrícola "CGIAR". Consiste en una base de datos computarizada de libre acceso a través de Internet que permite un mejor manejo y utilización para el mejoramiento genético de la información relacionada con la genealogía, nomenclatura, evaluación y caracterización de germoplasma de arroz. La información fue complementada con la publicación sobre registros de cruzamientos realizados por el programa de arroz del Instituto Colombiano Agropecuario (ICA) y el CIAT durante el período 1957-1986, (CIAT 1987).

Para cada cultivar fueron identificados los ancestrales presentes en la genealogía, el país de origen y la contribución genética, utilizando en comando. MGM en el modulo BROWSE del IRIS. La contribución genética, comando (CONT) indica la probabilidad de que un alelo tomado al azar en un genotipo sea derivado de determinado ancestral. En cuanto que un ancestral corresponde al cultivar terminal, también conocido como "landrace" con progenitores no conocidos y que no está emparentado con otros ancestrales, es decir el coeficiente de endogamia es cero ($F=0$).

La contribución genética (CG), corresponde a la proporción teórica de genes que vienen de un ancestral después del análisis de su pedigrí, ya que se asume que cuando un cruce es hecho 50% de los genes vienen de cada uno de los progenitores, Delannay *et al.* (1983). La CGR de un ancestral corresponde al promedio de las CG en todos los cultivares estudiados, este fue determinado sumando la CG de un ancestral dividido entre en número de veces que se repite en los 19 variedades.

Los ancestrales fueron ordenados de forma decrecientes en cuanto a su CGR y la suma sucesiva de dicha contribuciones generó la contribución genética acumulada (CGA). La frecuencia en el pedigrí (FP) o frecuencia de presencia relativa (FPR), viene dado

por el número de veces que un determinado ancestral participó en el conjunto génico de los cultivares estudiados, cuando el FP es igual a 19, (FPR 100%), indica que dicho ancestral contribuye con genes para todos los cultivares.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El análisis del pedigrí de las 19 variedades de arroz estudiadas, mostró que 59 ancestrales contribuyen con la BG del arroz de riego en Venezuela (Cuadro 2). La mayoría de estos 33 fueron originados en Asia (ver Figura). Entre los materiales asiáticos, el mayor número procede de la India con 9 ancestrales, seguido de Taiwán con 6, Filipinas con 5, Tailandia y Japón con 3, Indonesia y Vietnam con 2 y finalmente, China, Sri Lanka y Malasia dieron origen a un ancestral, respectivamente.

CUADRO 2. Ancestrales, origen y frecuencia de presencia en los pedigrís (FP) de 19 variedades de arroz, liberadas entre 1978-2006.

Número	Ancestral	Origen	FP [†]
a) Origen Asiático			
1	DEE GEO WOO GEN	Taiwán	19
2	LATISAIL	India	19
3	CINA	China	19
4	MARONG PAROC	Filipina	19
5	PA CHIAM	Taiwán	19
6	TSAI YUAN CHUNG	Taiwán	15
7	MONG CHIM VANG A	Vietnam	15
8	TADUKAN	Filipina	14
9	TAKAO IKU 18	Taiwán	14
10	IGT	Taiwán	14
11	C 74	Filipinas	13
12	KHAO DAWK MALI	Tailandia	13
13	TETEP	Vietnam	13
14	BENONG	Indonesia	12
15	KITCHILI SAMBA	India	11
16	UNKNOWN (INDIA)	India	11
17	SINAWPAGH	Filipinas	11
18	UNKNOWN (JAPANESE)	Japón	11
19	O NIVARA	India	11

... continúa

... continuación Cuadro 1.

Número	Ancestral	Origen	FP [†]
20	THEKKAN	India	10
21	ERAVAPANDI	India	10
22	VELLAIKAR	India	9
23	TR	Malasia	8
24	BAYANG	Indonesia	7
25	CARREON	Filipinas	6
26	GAM PAI	Tailandia	5
27	KIRYOUYOSHI	Japón	5
28	OLOAN CHU	Taiwán	5
29	KAMEJI	Japón	5
30	NAM SAGUI	Tailandia	4
31	PANKHARI 203	India	4
32	D 52-37	India	3
33	H 105 Sri	Lanka	2

b) Origen Americano

34	HILL SEL	USA	16
35	PALMIRA 105	Costa Rica	14
36	BATATAIS	Brasil	4
37	MACHIQUE	Guyana	3
38	D 85-42	Guyana	3
39	IGUAPE CATETO	Brasil	2

c) Origen Africano

40	DISSI HATIF	Senegal	7
41	MAKALIOKA	Madagascar	5
42	560	Liberia	4
43	VARIETY FROM ZAIRE	Zaire	4
44	OS 6	Zaire	2
45	MOROBBEREKAN	Guinea	1

d) Origen Desconocido

46	VENEZUELA 503	/	8
47	SML 80-5	/	8
48	SML 81 A	/	8
49	SML 1010	/	7
50	419 C-57	/	6
51	AIKOKO	/	5
52	SML 997	/	4
53	S 12-30	/	3
54	BG 6812	/	2
55	LITA 506	/	2
56	MALUNJA	/	2
57	DOURADO PRECOCE 689	/	2
58	LAC 23 (RED)	/	2
59	AI JIAO GEN	/	1

FP[†] Se refiere al número de veces que el ancestral está presente en los cultivares bajo estudio.

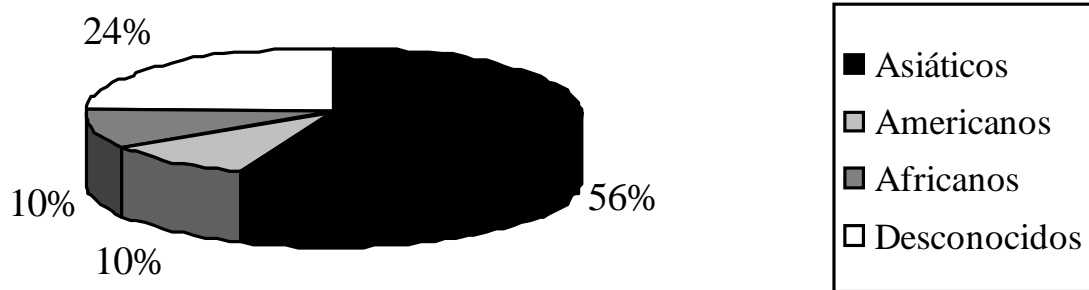


FIGURA. Origen de los ancestrales presentes en la base genética de las variedades de arroz de riego en Venezuela, período 1978-2006.

Entretanto, 6 ancestrales fueron originados en el continente americano; Guyana y Brasil dieron origen a 2 ancestrales, mientras que Costa Rica y Estados Unidos contribuyeron con uno. Además, otros 6 ancestrales tuvieron origen africano, el mayor aporte fue de Zaire con 2 y Senegal, Madagascar, Liberia y Nueva Guinea dieron origen a un ancestral, respectivamente.

Finalmente 14 ancestrales fueron de origen desconocido. Se puede observar que los ancestrales de origen asiático representan 56% del total, seguido por los de origen desconocido con 24%, mientras que los de origen americano y africanos aportaron 10% cada uno. La predominancia de germoplasma asiático y principalmente originado en la India probablemente es el resultado de la selección para condiciones de arroz de riego y las preferencias de consumo que se orientan hacia arroces de grano largo con amilosa alta. Así como la poca presencia de materiales de EEUU es debida a su poca adaptabilidad a estas condiciones y generalmente son más utilizados para incorporar genes para calidad de grano.

Entre los 59 ancestrales que aportan el 99,99% de los genes en las variedades de riego en Venezuela, 5 tienen una frecuencia de presencia (FP) igual a 19 o también una frecuencia de presencia relativa (FPR) de 100%, en otras palabras, sólo 5 ancestrales están presentes en todas las variedades estudiadas, estos son “*Dee Geo Woo Gen*”, “*Latil Sail*”, “*Cina*”, “*Maroc Paroc*” y “*Pa Chiam*”, como se muestra en el Cuadro 2. Hay que hacer notar que los tres primeros ancestrales son progenitores de la variedad IR8.

Estos resultados concuerdan con los presentados por Cuevas-Pérez *et al.* (1992) donde señalan que más de 1/3 de las variedades liberadas en América Latina utilizan a “*IR 8*” como progenitor o líneas descendientes de este para su desarrollo. Rangel *et al.* (1996) encontraron que en las variedades de arroz de riego en Brasil están presentes estos 3 ancestrales en una FPR promedio de 86%, demostrando la estrecha relación genética entre las variedades de arroz bajo riego.

La alta participación de estos cultivares es resaltada por Cuevas-Pérez *et al.* (1992), quienes mencionan que el cultivar “*IR8*” inició la era del tipo moderno de planta para arroz de riego, representada por baja altura de planta, alto macollamiento, tallos fuertes y hojas erectas.

Los datos presentados en el Cuadro 3 se refieren a la CGR y CGA de los diferentes ancestrales en los 19 cultivares estudiados. Es posible observar que la base genética del arroz en Venezuela esta representada por 16 líneas ancestrales diferentes que poseen una CGA de 80,47% del pool total de genes.

Cuando son considerados únicamente aquellos materiales que aportan más del 2% de los genes, este número se reduce a 12 ancestrales y la CGA es de 74,48%. De estos, los 3 progenitores de “*IR 8*” aportan el 47,65% de los genes. Entretanto, los cinco ancestrales presentes en los 19 materiales (Cuadro 2 y 3) contribuyen con el 51,89% del conjunto génico.

CUADRO 3. Ancestrales, contribución genética relativa (CGR), contribución genética acumulada (CGA) y frecuencia de presencia en el pedigrí (FPR) de 19 Variedades de arroz, liberadas entre 1978-2006.

Ancestrales	CGR	CGA	FPR
DEE GEO WOO GEN	16,05	16,05	100,00
LATISAIL	16,05	32,10	100,00
CINA	15,54	47,65	100,00
TADUKAN	4,66	52,32	73,68
TAKAO IKU 18	4,34	56,67	73,68
KHAO DAWK MALI	3,22	59,89	68,42
MONG CHIM VANG A	2,66	62,55	78,95
I GEO TZE	2,66	65,21	73,68
TETEP	2,70	67,92	68,42
MARONG PAROC	2,34	70,26	100,00
PALMIRA 105	2,16	72,43	73,68
C 74	2,04	74,48	68,42
PA CHIAM	1,88	76,37	100,00
BATATAIS	1,80	78,18	21,05
BG 6812	0,82	79,01	10,53
BENONG	1,46	80,47	63,16
DISSI HATIF	1,41	81,89	36,84
MAKALIOKA	1,27	83,16	26,32
SML 1010	1,80	84,97	36,84
NAM SAGUI	0,90	85,88	21,05
KITCHILI SAMBA	0,83	86,71	57,89
TSAI YUAN CHUNG	0,82	87,53	78,95
TR	0,72	88,26	42,11
GAM PAI	0,78	89,04	26,32
SML 997	0,57	89,62	21,05
AI JIAO GEN	0,65	90,28	5,26
THEKKAN	0,60	90,88	52,63
ERAVAPANDI	0,60	91,49	52,63
VENEZUELA 503	0,66	92,16	42,11

... continuación CUADRO 3.

Ancestrales	CGR	CGA	FPR
H 105	0,39	92,55	10,53
VELLAIKAR	0,48	93,04	47,37
KIRYOUYOSHI	0,47	93,52	26,32
UNKNOWN (INDIA)	0,34	93,86	57,89
PANKHARI 203	0,30	94,17	21,05
CARREON	0,30	94,48	31,58
MALUNJA	0,17	94,66	10,53
OLOAN CHU	0,31	94,98	26,32
KAMEJI	0,31	95,30	26,32
BAYANG	0,30	95,60	36,84
UNKNOWN (JAPANESE)	0,22	95,82	57,89
S 12-30	0,18	96,01	15,79
SML 80-5	0,99	97,00	42,11
SML 81 A	0,99	97,99	42,11
560	0,23	98,23	21,05
VARIETY FROM ZAIRE	0,23	98,47	21,05
O NIVARA	0,19	98,66	57,89
SINAWPAGH	0,17	98,84	57,89
IGUAPE CATETO	0,09	98,94	10,53
LITA 506	0,09	99,04	10,53
AIKOKO	0,15	99,20	26,32
419 C-57	0,13	99,33	31,58
DOURADO PRECOCE 689	0,13	99,46	10,53
MACHIQUE	0,09	99,55	15,79
D 52-37	0,09	99,65	15,79
D 85-42	0,09	99,74	15,79
MOROBBERKAN	0,08	99,82	5,26
HILL SEL	0,06	99,89	84,21
LAC 23 (RED)	0,05	99,94	10,53
OS 6	0,05	99,99	10,53

... continúa

Estos resultados permiten inferir que la BG del arroz en Venezuela es más estrecha que la BG del arroz en América Latina y similar a la del arroz de riego en Brasil. En América Latina, Cuevas Pérez *et al.* (1992) encontraron que 22 ancestrales contribuían con el 83% de los genes y 14 estaban presentes en todas las variedades liberadas. Entretanto, Rangel *et al.* (1996) agrupando solamente los ancestrales que contribuyeron con más del 2% de los genes, encontraron que apenas 10 ancestrales contribuyeron con 68% del conjunto génico. Carmona (1990) señala que la estrecha BG encontrada en los materiales liberados en Latino América se podría explicar por el hecho que los programas de mejoramiento genético regionales tienen como fuente de germoplasma introducciones del CIAT e IRRI.

El estrechamiento excesivo de la BG del arroz ha sido señalado por varios autores como responsable de la poca ganancia genética para rendimiento en granos observada en el arroz. La reducida diversidad genética obliga al fitomejorador a manejar un conjunto génico limitado y en consecuencia se reduce la probabilidad de nuevas combinaciones de alélos, Rangel *et al.* (2000).

Por otro lado, en Venezuela el aporte de los progenitores del “IR8” en promedio es 20% mayor cuando se compara con América Latina y Brasil 38,87% y 37,87%, respectivamente. El mayor aporte de estos ancestrales es posible que este relacionado al sistema de arroz de riego utilizado en el país, el cual exige una alta tolerancia al acame y como es sabido estos materiales son portadores de los genes de enanismo, además de resistencia al acame.

La selección para adaptación a las condiciones locales de cultivo aparentemente ha favorecido la contribución de ciertos ancestrales. Cuando la CGR de este estudio es comparada con el mismo parámetro señalado por Cuevas Pérez *et al.* (1992) se observa que además del incremento en la participación de los progenitores de “IR8”, algunos ancestrales como “Kaw Dawk Mali 105” y “Takao Iku 18” aumentaron su participación, mientras que “Tetep” y “Tadukan” fuentes para resistencia a piricularia, la redujeron.

Considerando únicamente los cultivares más sembrados durante el año 2005 en Venezuela, la tendencia en la BG es similar. Las principales

variedades de arroz cultivadas para ese año fueron: “Fedearroz 50”, “Fonaiap 1”, “Cimarrón”, “D. Sativa” y “Venezuela 21”. El 80% de la BG de estos materiales poseen un número de ancestrales que varían entre 23 y 5 correspondiendo el máximo a la variedad “Venezuela 21” y el mínimo a “Cimarrón”.

En general existe una tendencia de involucrar un mayor número de ancestrales en las variedades nuevas como “Venezuela 21” y “D. Sativa” que en los cultivares antiguos “Cimarrón” y “Fonaiap 1” donde el número fue de 5 y 7, respectivamente. El 80% de la BG de estos cultivares tienen en promedio más del 50% de los ancestrales “Lati Sail”, “Cina” y “Dee Geo Woo Gen”, con una mayor contribución en “Cimarrón” y “D’ Sativa” con 47%, seguido de “Fedearroz 50” con 41%, mientras que el menor aporte fue observado en “Fonaiap 1” y “Venezuela 21”.

En Venezuela no es posible afirmar que sólo la BG reducida este impidiendo el progreso genético para mayor productividad en el arroz de riego. Aún cuando no existen en el país estudios acerca del progreso genético para rendimiento, puede afirmarse que en el período 2004-2005, ocurrió un incremento del rendimiento en grano del orden de 2%, mientras la superficie sembrada disminuyó en 5%, según datos de producción de FAOSTAT (2006). Es posible atribuir este aumento a la liberación de nuevas variedades con alto rendimiento, resistentes y/o tolerantes a los principales factores bióticos, adopción de mejores prácticas de manejo agronómico y cultural, uso de semilla certificada entre otras.

Incrementar la BG del cultivo arroz en Venezuela sería recomendable para el mejoramiento genético ya que permitiría lograr en corto o mediano plazo mayores ganancias por selección, además de romper con el techo de rendimiento y evitar la vulnerabilidad genética.

Existen varios métodos en mejoramiento genético que permiten ampliar la BG y podrían ser utilizados en arroz, estos son: (a) mejoramiento poblacional utilizando selección recurrente, principalmente para caracteres cuantitativos, ya que permite incorporar mayor cantidad de progenitores, incrementando la recombinación y aumentando la frecuencia de alélos favorables, siendo que inicialmente la selección

masal puede ser satisfactoria para caracteres de alta heredabilidad y posteriormente deben ser utilizados métodos más sofisticados que permitan explorar mejor la varianza genética, (b) utilización de germoplasma exótico en cruzamientos múltiples con materiales adaptados. Hallauer y Miranda Filho (1988) mencionan que germoplasma exótico es todo aquel material que no tiene utilidad inmediata sin selección en una determinada área. Como resultado de la falta de adaptación, la consecuencia inmediata del uso de germoplasma exótico es la disminución de la probabilidad de obtener líneas superiores, debido a la reducción del promedio de la población.

Por esta razón, tanto la proporción de exótico utilizado como la forma de incorporación deben tener el menor impacto en el progreso del programa. En este sentido, Nass *et al.* (2001) mencionan que la mayoría de los trabajos indican que una proporción de 25% de material exótico amplía la BG y permite el desarrollo de líneas más productivas. Así mismo, el método de retrocruzamiento es una alternativa eficiente para la transferencia de caracteres de herencia simple y en la adaptación de germoplasma exótico y (C) introducción de germoplasma provenientes de otros países como la China tropical, Surinam y otros países; por ser una fuente divergente del pool de genes existe en el arroz de riego en Venezuela.

BIBLIOGRAFÍA

- Carmona, P. 1990. Contribución del INGER en la ampliación de la base genética de arroz en el Estado de Rio Grande do Sul, Brasil. **In:** Red Internacional para la evaluación genética del Arroz. Informe del INGER América Latina. Cali Colombia.p. 153-158.
- Centro Internacional de Agricultura Tropical. 1987. Registro de cruzamientos realizados por los programas de arroz de ICA y del CIAT (1957-1986). Cali Colombia. p. 177.
- Cuevas Pérez, F., E. Guimarães, L. Berrio and D. González. 1992. Genetic base of irrigated rice in Latin America and the Caribbean, 1971 to 1989. *Crop Science* 23:944-949.
- Delannay, D., D. Rodgers and R. Palmer. 1983. Relative genetic contributions among ancestral lines to North American soybean cultivars. *Crop Science* 23:944-949.
- Dilday, R. 1990. Contribution of ancestral lines in the development of new cultivars of rice. *Crop Science* 30:905-911.
- FAO. 2006. Producción mundial de los cereales. www.faostat.fao.org.
- Guimarães, E., J. Borrero and Y. Ospina. 1995. Genetic diversity of upland rice germplasm distributed in Latin America. *Pesq. Agropec. Bras.* 31(3):187-194.
- Hallauer, A. R. And J. Miranda Filho. 1988. *Quantitative Genetics in Maize Breeding*. Ames: Iowa University Press, 1995. p. 468.
- Lin, M. 1991. Genetic base of Japonica rice varieties released in Taiwan. *Euphytica* 56:43-46.
- Nass, L., J. Miranda Filho, e M. Santos. 2001. Uso de germoplasma exótico no melhoramento. **In:** NASS, L.; VALOIS, A.; MELO, I.; VALADARES-INGLIS, M. Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas. Rondonopolis: Fundação M. T. p. 102-122.
- Rangel, P., E. Guimarães e P. Neves. 1996. Base genética das cultivares de arroz (*Oryza sativa* L.) irrigado do Brasil. *Pesq. Agropec. Bras.*, 31(5):349-357.
- Rangel, P., J. Pereira, O. Morais, E. Guimarães e T. Yokokura. 2000. Ganhos na produtividade de grãos pelo melhoramento genético do arroz irrigado no meio-norte do Brasil. *Pesq. Agropec. Brás.* 38(5):1 595-1 604.
- Sistema Internacional de Información de Arroz. denominada "IRIS". 2005 (www.irri.cgiar.org/IRIS)
- Torrealba, G., M. Acevedo, W. Castrillo, A. Ramos y L. Urdaneta. 2004. Variedades de arroz en Venezuela. *INIA Divulga* 2. mayo-agosto. p. 9-10.