



Diversidad genotípica de cultivares cubanos de arroz obtenidos por el INCA en el período 1984-2020

Genotypic diversity of Cuban rice cultivars obtained by INCA in the 1984-2020 period

 Noraida de J. Pérez-León^{1*},  Jossué Arteché Díaz²,  María C. González-Cepero¹,
 Elizabeth Cristo-Valdés¹,  Alba Álvarez González²

¹Instituto Nacional de Ciencias Agrícolas (INCA), carretera San José-Tapaste, km 3½, Gaveta Postal 1, San José de las Lajas, Mayabeque, Cuba. CP 32 700

²Centro de Estudios Aplicados al Desarrollo de la Energía Nuclear (CEADEN), calle 30 No. 502 entre 5ta y 7ma Avenida, Apartado Postal 6122, Playa, La Habana, Cuba. CP 11 300

RESUMEN: La diversidad genética puede verse como una fuente de opciones para cultivar alimentos diversos y nutritivos con menos recursos, adaptados a ambientes más hostiles y haciendo a los cultivos menos susceptibles a plagas; en este sentido, se llevó a cabo el presente trabajo que tuvo como objetivo determinar la diversidad genética, en base a su genealogía, de los 20 cultivares de arroz liberados por el Instituto Nacional de Ciencias Agrícolas de Cuba en el período 1984-2020. Mediante el programa CROPDIVER V. 20.01.19 fue elaborado el árbol genealógico combinado de todos los cultivares, fueron calculados sus coeficientes de parentesco, el porcentaje de participación y la contribución de cada ancestro en los cultivares obtenidos; además, se construyó el dendrograma utilizando el coeficiente de parentesco como estimado de similitud genética. Los resultados mostraron que el árbol genealógico de los 20 cultivares obtenidos lo forman 28 ancestros y 65 cultivares o líneas mejoradas, el mayor nivel de contribución recae sobre cuatro ancestros y 12 aportan los genes presentes en el citoplasma, por vía materna. Aunque, en su conjunto, el germoplasma obtenido es consanguíneo, el agrupamiento realizado diferenció tres grupos de cultivares que permiten establecer las similitudes genéticas entre ellos y hacer recomendaciones para su utilización en la producción arrocería cubana.

Palabras clave: *Oryza sativa*, consanguinidad, coeficiente de parentesco.

ABSTRACT: Genetic diversity can be seen as a source of options to grow diverse and nutritious foods with fewer resources, adapted to more hostile environments and making crops less susceptible to pests. In this sense, the present work was carried out with the objective of determining the genetic diversity, based on their genealogy, of the 20 rice cultivars released by the National Institute of Agricultural Sciences of Cuba in the 1984-2020 period. Through the CROPDIVER V. 01.20.19 program, the combined genealogical tree of all cultivars was elaborated, their parentage coefficients, the percentage of participation and the contribution of each ancestor in the cultivars obtained were calculated, in addition the dendrogram was constructed using parentage coefficient as genetic similarity estimate. The results showed that the genealogical tree, of the 20 cultivars obtained, is made up of 28 Ancestors and 65 cultivars or improved lines, the highest level of contribution falls on four ancestors and 12 contribute the genes present in the cytoplasm, through the maternal way. Although, as a whole, the obtained germplasm is consanguineous, the grouping carried out differentiated three groups of cultivars that allow establishing genetic similarities between them and making recommendations for their use in Cuban rice production.

Key words: *Oryza sativa*, consanguinity, parentage coefficient.

*Autor para correspondencia: nory@inca.edu.cu

Recibido: 21/10/2022

Aceptado: 05/02/2023

Conflicto de intereses: Los autores declaran no tener conflicto de intereses.

Contribución de los autores: **Conceptualización-** Noraida de Jesús Pérez León. **Investigación-** Noraida de Jesús Pérez León, María Caridad González Cepero y Elizabeth Cristo-Valdés. **Procesamiento de los datos-** Jossué Arteché Díaz. **Escritura del borrador inicial-** Noraida de Jesús Pérez León. **Escritura y edición final-** Noraida de Jesús Pérez León, María Caridad González Cepero, Elizabeth Cristo-Valdés, Jossué Arteché Díaz y Alba Álvarez González.

Este artículo se encuentra bajo los términos de la licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial (CC BY-NC 4.0). <https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/>



INTRODUCCIÓN

Hace alrededor de 10 mil años, diferentes culturas de América, Asia y África inventaron, de forma independiente entre sí, la agricultura; con ello dieron paso a asentamientos humanos sedentarios, estratificados y capaces de sostener poblaciones cada vez mayores, sin embargo, aunque la agricultura lleva milenios practicándose y aporta algunos de los principales cultivos del mundo, hoy se enfrenta a un reto mayúsculo: cómo alimentar con una dieta de calidad a una creciente población humana en un contexto de cambio climático, pérdida de biodiversidad, recursos naturales finitos, migraciones humanas y los efectos negativos de la agricultura industrializada y, más aún, cómo hacerlo sin perder el legado biocultural de los pueblos y sin degradar aún más los ecosistemas naturales remanentes de la Tierra (1).

El arroz es uno de los más versátiles dentro de los cultivos básicos de las zonas tropicales y subtropicales, se considera una de las principales fuentes de alimentación en el mundo y sustento para más de la mitad de la población global (2,3). Es uno de los granos domesticados más antiguos y está estrechamente asociado con los estilos de vida y la cultura (4,5).

Ante la necesidad de alcanzar la autosuficiencia alimentaria para prescindir de la dependencia de los mercados foráneos, tan variables y cada vez más inseguros, Cuba apuesta por incrementar la producción nacional de granos y en el Programa de Mejoramiento Genético del Arroz se busca, mediante diversas estrategias, el incremento constante del rendimiento del cultivo, sin embargo, existen limitaciones relacionadas con la estrecha base genética existente que se cree ha alcanzado un supuesto techo (6).

La diversidad genética puede verse como una fuente de opciones para cultivar alimentos diversos y nutritivos con menos recursos, adaptados a ambientes más hostiles y haciendo a los cultivos menos susceptibles a plagas (1). Por esto, el conocimiento de la diversidad genética entre cultivares para una región es importante para planificar las estrategias de mejoramiento y reducir la vulnerabilidad genética (7-9).

Por todo lo anterior fue concebido este trabajo que tuvo como objetivo determinar la diversidad genética, según el análisis del pedigrí con base en el coeficiente de parentesco, de las variedades de arroz liberadas por el Grupo de mejoramiento del arroz, del Instituto Nacional de Ciencias Agrícolas de Cuba en el período 1984-2020.

MATERIALES Y MÉTODOS

Para el desarrollo del trabajo fueron utilizados 20 cultivares de arroz (Tabla 1) (10), obtenidos mediante el Programa de mejoramiento desarrollado por investigadores del Instituto Nacional de Ciencias Agrícolas (INCA) de Cuba, en el período comprendido entre 1984-2020. La muestra contempla 11 cultivares obtenidos a través de hibridaciones, cuatro por cultivo *in vitro* de anteras, cuatro por cultivo *in vitro* de semillas y uno en el que se

combinaron dos técnicas de mejoramiento, ya que se cultivaron *in vitro* semillas irradiadas con protones (10).

Mediante el programa Cropdiver V. 20.01.19 (11) fue elaborado el árbol genealógico combinado de los 20 cultivares y calculados los coeficientes de parentesco, el porcentaje de participación y el porcentaje de contribución genética de cada ancestro.

El Cropdiver cuenta con una base de datos proveniente de los programas de mejora genética del cultivo de Cuba, en el que participan el Instituto de Investigaciones de Granos (IIG) y el Instituto Nacional de Ciencias Agrícolas (INCA), así como del Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT) de Colombia y el Sistema de Información Internacional de Arroz (IRIS, por sus siglas en inglés, www.iris.irri.org) (12). Para el presente trabajo, esta base de datos fue actualizada, con la información de los nuevos cultivares obtenidos por el INCA.

La relación genética entre los cultivares se estimó mediante los coeficientes de parentesco (r_{ij}), que fueron calculados según la fórmula (13):

$$r_{ij} = \frac{\sum \left(\frac{1}{2}\right)^{n_1 + n_2} x(1 + F_A)}{\sqrt{(1 + F_i)} \times \sqrt{(1 + F_j)}}$$

Donde:

r_{ij} - coeficiente de parentesco entre los individuos i y j

n_1 y n_2 - número de generaciones entre los ancestros y los individuos

F_i y F_j - coeficientes de consanguinidad de los individuos

F_A - coeficiente de consanguinidad del ancestro común (A)

La contribución de cada ancestro en los cultivares obtenidos fue estimada mediante el porcentaje de participación y el porcentaje de contribución genética, el primero de ellos se obtuvo mediante la suma del número de cultivares donde estuvo presente el ancestro dividido entre el total de cruces y se expresa en por ciento, mientras que la contribución genética se expresó como la suma de la contribución individual del coeficiente de parentesco de los ancestros con sus cultivares de descendencia.

Finalmente, se construyó el dendrograma, en el cual se utilizó el coeficiente de parentesco como estimado de similitud genética de todos los cultivares que conforman el árbol genealógico y los materiales fueron agrupados mediante el método de pares no corregido, utilizando promedios aritméticos (UPMGA) y el programa NTSYSpc.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El árbol genealógico combinado de los 20 cultivares de arroz (Figura 1) lo forman 28 ancestros y 65 cultivares o líneas mejoradas. Estos ancestros proporcionan el 94,6 % de su constitución genética, uno de ellos (2,2 %) de procedencia desconocida, el 5 % proviene del continente americano, de dos países, Estados Unidos y Brasil y, el resto, mayoritariamente del continente asiático, para un 82,8 % (Tabla 2).

El predominio de germoplasma asiático, probablemente, es el resultado de la selección para condiciones de arroz de riego y las preferencias de consumo que se orientan hacia

Tabla 1. Cultivares cubanos de arroz obtenidos por el INCA en el período 1984-2020

	Cultivares	Método de mejora	Progenitores
1	Amistad '82	Hibridaciones	IR 1529-430/VNIIR 3223
2	INCA LP-1	Hibridaciones	J-104/Amistad '82
3	INCA LP-2	Hibridaciones	IR 759-54-2-2/6066
4	INCA LP-3	Hibridaciones	Cica 8/CP ₁ C ₈
5	INCA LP-4	Hibridaciones	6066/IR 759-54-2-2
6	INCA LP-5	Hibridaciones	2077/CP ₁ C ₈
7	INCA LP-6	Hibridaciones	2077/CP ₁ C ₈
8	INCA LP-7	Cultivo <i>in vitro</i> de semillas	Amistad '82
9	INCA LP-8	Cultivo <i>in vitro</i> de semillas	Amistad '82
10	INCA LP-9	Cultivo <i>in vitro</i> de semillas	Amistad '82
11	INCA LP-10	Cultivo <i>in vitro</i> de semillas	Amistad '82
12	INCA LP-11	Hibridaciones	IR 1529-430/IR 759-54-2-2
13	Anays LP-14	Cultivo <i>in vitro</i> de anteras	Amistad '82/IR 759-54-2-2
14	Roana LP-15	Hibridaciones	8073//IR 759-54-2-2/J-104
15	Ginés LP-18	Cultivo <i>in vitro</i> de semillas irradiadas con protones	J-104
16	Guillemar LP-19	Hibridaciones	Amistad '82/INCA LP-7
17	José LP-20	Hibridaciones	Amistad '82/J-112
18	Eduar LP-21	Cultivo <i>in vitro</i> de anteras	INCA LP-10/C4 153
19	INCA LP-22	Cultivo <i>in vitro</i> de anteras	Amistad '82/2077
20	INCA LP-23	Cultivo <i>in vitro</i> de anteras	INCA LP-1/Tetep

arroz de grano largo con amilosa alta; además, en esas regiones se localizan los centros primarios y secundarios de diversidad del arroz (7).

El nivel de contribución mayor recae sobre cuatro ancestros (Cina, Dee Geo Woo Gen, Marong Paroc, y Lati Sali) con 43,2 % en total y valores similares entre ellos, seguidos de Pa chiam, VNIIR3223, Benong, Tsai Yuag Chong, I Geo Tze, Mang Chim Vang A, cuyos valores se encuentran entre 5,82 y 2,97 %.

Dieciséis ancestros se emplean sólo como progenitores masculinos (CI5309, Takao Iku 18, Badkalamkati, Sinawpagh, Blue Rose, Lati Sali, Khao Dawk Mali 105, C46-15, Tetep, I Geo Tze, Tadukan, Benong, Tsai Yuag Chong, VNIIR3223, C4153 y un ancestro desconocido), cinco sólo como progenitores femeninos (Mang Chim Vang A, Hill Selection, Carolina Gold, Nahung Mon S4 y Bayang), tres como progenitores femeninos.

y masculinos (Cina, Dee Geo Woo Gen, Pa chiam) y cuatro son material del que se seleccionaron líneas o cultivares (Marong Paroc, Kitchilli Samba, Guinosgar, Dourado Agulha).

Esto significa que, de 28 ancestros presentes en el árbol genealógico, 12 aportan los genes extranucleares de mitocondrias y cloroplastos, presentes en el citoplasma, por vía materna. Este resultado muestra un avance con respecto a lo encontrado en trabajos anteriores desarrollados en Cuba (14), donde se informó que Cina aportó el citoplasma de los cultivares liberados por el programa de mejoramiento del IRRI, los que constituyeron la fuente inicial de los progenitores del programa de mejoramiento genético del arroz en Cuba durante el período 1972-1993.

En este sentido, se conocen ventajas que aportan los genes presentes en el citoplasma, dentro de ellas, la

secuenciación del ADN de los cloroplastos ha revelado que existen alrededor de 100 genes en las plantas terrestres que están implicados en la fijación fotosintética del carbono, pero dependen del genoma nuclear para la determinación de muchas de sus funciones. También, en muchas de las líneas androestériles utilizadas en la producción comercial de híbridos de arroz, la fertilidad es controlada por la interacción de genes presentes en el citoplasma y genes recesivos presentes en el núcleo (15).

Según la literatura consultada anterior al año 2003, en cuanto al número de ancestros que contribuyen, la constitución genética de los 20 cultivares desarrollados por el INCA es más amplia que la de Estados Unidos (que contaba con sólo 23), Costa Rica (11), Nicaragua (12) y Honduras (18); similar a la de El Salvador (27), Panamá (28) y Guatemala (29) e inferior a la de Colombia (32,14).

Resultados recientes (7), de un trabajo realizado con 51 cultivares de arroz liberados entre los años 2003 - 2014, en 13 países miembros del Fondo Latinoamericano para Arroz de Riego (FLAR), concluyeron que se ha obtenido una ampliación de la base genética, que la diversidad estaba representada por 120 ancestrales y que 33 de estos contribuyeron con el 83,9 % de sus genes.

Dado que el análisis del pedigrí no requiere realizar observaciones de tipo morfológico, molecular o de isoenzimas entre los genotipos a estudiar y no está influenciado por el ambiente, es una metodología útil y económica que permite ofrecer una información preliminar acerca de las interrelaciones entre grupos de genotipos. Estos resultados constituyen una aproximación al análisis de la diversidad genética existente en variedades de arroz liberadas en los trece países de la región (7).

Con respecto a los genes de importancia presentes en los ancestros, se conoce que Marong Paroc y Pa Chiam,

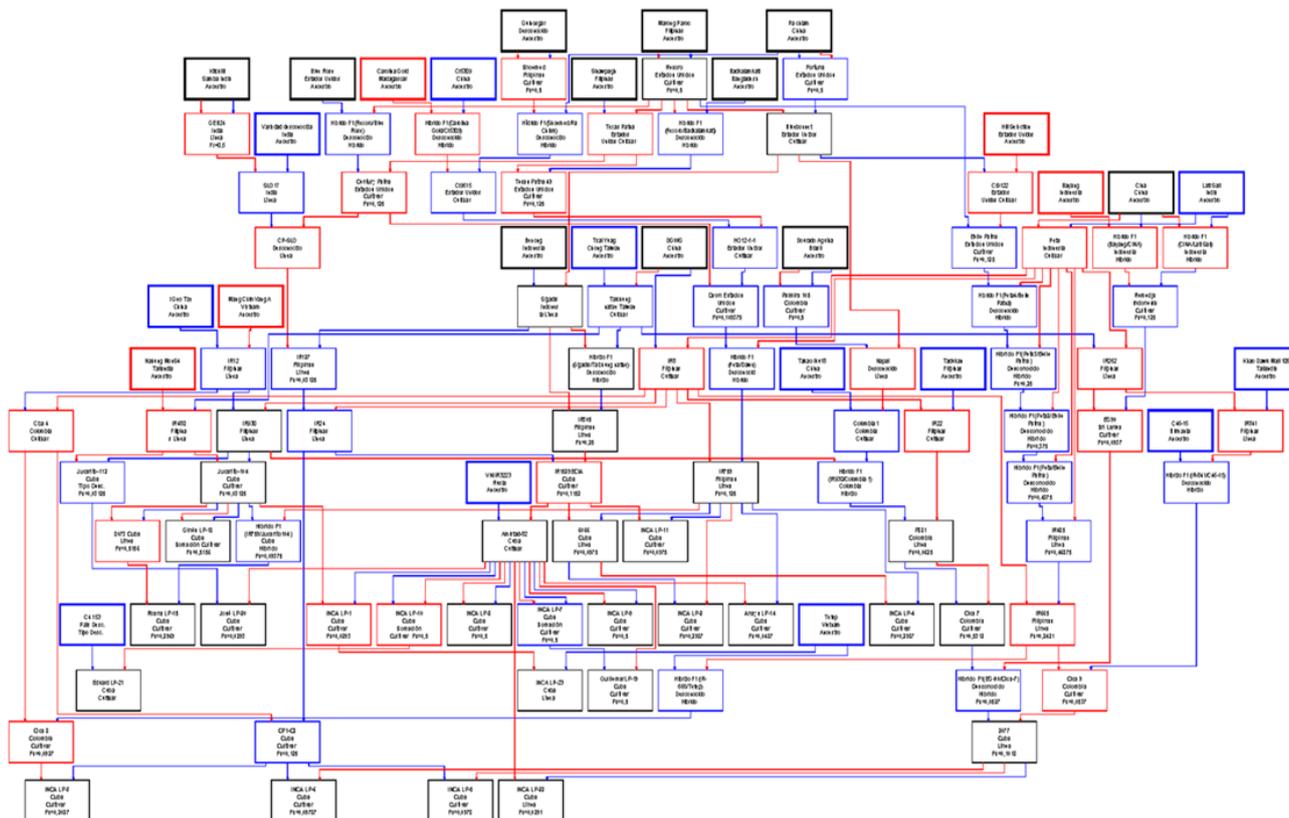


Figura 1. Árbol genealógico combinado de los 20 cultivares de arroz obtenidos por el INCA en el período 1984-2020

aportan genes para la calidad de grano, así como Tetep y CI5309 resistencia al hongo *Magnaporthe grisea* Barr (*Pyricularia grisea* Sacc) que provoca la Piriculariosis (14). Antes de desarrollar el cultivar IR8, el ancestro Dee Geo Woo Gen fue utilizado para aportar el gen del carácter semi enano y es también moderadamente resistente a la Piriculariosis (3).

Por su parte Peta, cultivar presente en el árbol genealógico y proveniente del cruce entre los ancestros Cina y Lati Sail, es resistente al Virus tungro (*Rice tungro bacilliform virus*), moderadamente resistente a la Piriculariosis y tolerante a la salinidad (3).

En trabajos anteriores se plantea la ausencia de ancestros y cultivares que aporten resistencia al virus de la hoja blanca (12, 14), esta es una tarea aún por resolver ya que el programa de mejoramiento genético del arroz en Cuba cuenta con cultivares resistentes a Sogata (*Tagosodes oryzae* Muir), insecto que lo trasmite y le confiere cierta protección en campo, pero no existen cultivares resistentes al virus.

Los 190 pares de combinaciones posibles correspondientes a los valores estimados de consanguinidad (Tabla 3), entre los 20 cultivares estudiados, mostraron valores que oscilaron entre 0 y 0,82, con un valor promedio de 0,27.

Si consideramos un límite mínimo de 0,125, la consanguinidad absoluta de diez cultivares (Amistad'82, INCA LP-1, INCA LP-5, INCA LP-6, INCA LP-11, Anays LP-14, José LP-20, Eduard LP-21, INCA LP-22 e INCA

LP-23) es inferior a ese valor, pero el 75 % de los pares de combinaciones entre los 20 cultivares estuvieron estrechamente relacionados con valores mayores de 0,125 y el 25 % restante mostró lazos lejanos de parentesco, con valores inferiores a 0,125, por lo que podemos plantear que en su conjunto el germoplasma es consanguíneo.

En este sentido, cabe destacar que cuatro cultivares provienen del cultivo somático de Amistad'82 (INCA LP-7, INCA LP-8, INCA LP-9, INCA LP-10), o sea sus genes vienen de la misma fuente, y otros cinco (Anays LP-14, Guillemar LP-19, José LP-20, INCA LP-22 e INCA LP-1) lo incluyen dentro de sus progenitores, los primeros cuatro como femenino y en la obtención de INCA LP-1 se emplea como masculino, por lo que teóricamente el 50 % de sus genes tienen idéntico origen.

Por definición, un genotipo tiene un coeficiente de parentesco de 1,00 consigo mismo, en progenies de hermanos completos es igual a 0,50, en progenies de medios hermanos 0,25 y en individuos que no comparten progenitores es 0,00 (7).

Los resultados obtenidos con el germoplasma cubano obtenido por el IIG, hasta el año 2002, mostraron un valor promedio del coeficiente de parentesco de 0,24, el 68 % de los pares de combinaciones estuvieron estrechamente relacionados ($0.125 \leq r_{ij} \leq 0.81$), sólo el 32 % restante mostró lazos lejanos de parentesco ($0 \leq r_{ij} < 0.125$) y los autores concluyeron que el germoplasma era claramente consanguíneo (14).

Tabla 2. Índices de participación y contribución genética (%) de los ancestros que componen la base genética de los cultivares cubanos de arroz obtenidos por el INCA, durante el período 1984-2020

No.	Ancestros	Origen	Contribución genética	Participación
1	Cina	China	11,31	67
2	Dee Geo Woo Gen	China	10,91	60
3	Marong Paroc	Filipinas	10,84	69
4	Lati Sail	India	10,14	65
5	Pa chiam	China	5,82	64
6	VNIIR3223	Rusia	4,59	14
7	Benong	Indonesia	3,72	31
8	Tsai Yuag Chong	Filipinas	3,54	43
9	I Geo Tze	China	2,97	27
10	Mang Chim Vang A	Vietnam	2,97	27
11	Kitchilli Samba	India	2,38	31
12	Nahung Mon S4	Tailandia	2,34	12
13	Sinawpagh	Filipinas	2,27	39
14	Dourado Agulha	Brasil	2,20	13
15	Guinosgar	Desconocido	2,18	17
16	Blue Rose	Estados Unidos	1,65	37
17	Tetep	Vietnam	1,59	5
18	Tadukan	Filipinas	1,43	10
19	Ancastro desconocido	India	1,42	30
20	Takao lku 18	China	1,30	11
21	C46-15	Birmania	1,23	7
22	Carolina Gold	Madagascar	1,22	15
23	CI5309	China	1,22	15
24	Badkalamkati	Bangladesh	1,20	15
25	Khao Dawk Mali 105	Tailandia	1,20	8
26	Bayang	Indonesia	1,17	10
27	Hill Selection	Estados Unidos	1,15	19
28	C4 153	Korea	0,59	1

En el trabajo realizado con 51 cultivares de arroz liberados entre el 2003 - 2014, en 13 países miembros del FLAR, se informó que el coeficiente de parentesco varió de 0,03 hasta 0,99, con un valor promedio de 0,19 y sólo 54 pares de combinaciones (4,2 %), de los 1275 posibles, estuvieron altamente relacionadas. Los autores concluyen que la base genética de los cultivares liberados por FLAR es menos estrecha que la de América Latina y más amplia que la del arroz de riego en Brasil (7).

Estimar la diversidad que existe entre un grupo de materiales por medio del coeficiente de parentesco permite discriminar pares de genotipos que lleven alelos idénticos, por descendencia, lo que ha sido difundido entre especies autóгамas, tales como soya, trigo, cebada y arroz. En maíz se ha demostrado que la correlación entre estimar la diversidad genética medida por medio de este coeficiente y por marcadores moleculares (RFLP) es alta ($r=93\%$), por lo que se concluyó que utilizar el coeficiente de parentesco es más simple, rápido y económico que cualquiera de los otros métodos recomendados para estudiar la diversidad genética entre progenitores potenciales (7).

Si analizamos el parentesco de algunos cultivares en particular, con el resto de los estudiados, podemos apreciar que Ginés LP-18, proveniente del cultivo *in vitro* de semillas de Jucarito 104 irradiadas con protones, posee lazos

lejanos de parentesco con 12 cultivares (coeficiente menor de 0,125) y para los siete restantes los valores estuvieron en el rango de 0,125 - 0,568. También, las líneas hermanas INCA LP-5 e INCA LP-6, provenientes del mismo cruce, así como Roana LP-15, en su relación con el resto presentan ocho cultivares alejados.

La relación existente entre los cultivares INCA LP-5 e INCA LP-7, con un coeficiente de parentesco muy bajo, 0,096 y una fuente citoplasmática de ancestros diferentes, Cina para INCA LP-5 y Marong Paroc para INCA LP-7, representa cierto avance en los resultados del mejoramiento del cultivo presentes en la producción arrocería del país en el período posterior al año 2000, por lo que podemos decir que se han tenido en cuenta algunas recomendaciones de trabajos anteriores.

Dentro de estas recomendaciones estaba la posibilidad de explotar mediante cruces genéticos la mayor diversidad de variedades comerciales de importancia en Cuba como: Jucarito-104 y Amistad'82, la incorporación de nuevas fuentes citoplasmáticas y el empleo de la inducción de mutaciones como herramienta útil, que ha demostrado ser una vía efectiva para diversificar el cultivo (14).

La Figura 2 muestra el análisis de conglomerados realizado en base a la matriz del coeficiente de parentesco de todos los cultivares cubanos de arroz obtenidos por el INCA en el período 1984-2020.

Tabla 3. Valores de consanguinidad absoluta y coeficientes de parentesco de los cultivares cubanos de arroz obtenidos por el INCA, en el período 1984-2020

Fx	Cultivares	Amistad'82	INCA LP-10	INCA LP-7	INCA LP-8	INCA LP-9	INCA LP-1	INCA LP-3	INCA LP-5	INCA LP-6	José LP-20	INCA LP-11	INCA LP-2	Roana LP-15	Anays LP-14	Eduard LP-21	Ginés LP-18	Guillemar LP-19	INCA LP-22	INCA LP-23	
0,000	Amistad'82																				
0,500	INCA LP-10	0,816																			
0,500	INCA LP-7	0,816	0,667																		
0,500	INCA LP-8	0,816	0,667	0,667																	
0,500	INCA LP-9	0,816	0,667	0,667	0,667																
0,029	INCA LP-1	0,522	0,426	0,426	0,426	0,426															
0,203	INCA LP-3	0,114	0,093	0,093	0,093	0,093	0,149														
0,098	INCA LP-5	0,118	0,096	0,096	0,096	0,096	0,146	0,394													
0,098	INCA LP-6	0,118	0,096	0,096	0,096	0,096	0,146	0,394	0,545												
0,029	José LP-20	0,522	0,426	0,426	0,426	0,426	0,400	0,149	0,146	0,146											
0,098	INCA LP-11	0,285	0,233	0,233	0,233	0,233	0,212	0,244	0,251	0,251	0,212										
0,299	INCA LP-2	0,174	0,142	0,142	0,142	0,142	0,159	0,236	0,242	0,242	0,159	0,500									
0,297	Roana LP-15	0,060	0,049	0,049	0,049	0,049	0,374	0,186	0,181	0,181	0,222	0,221	0,252								
0,049	Anays LP-14	0,536	0,438	0,438	0,438	0,438	0,323	0,194	0,199	0,199	0,323	0,418	0,427	0,197							
0,000	Eduard LP-21	0,500	0,408	0,408	0,408	0,408	0,261	0,057	0,059	0,059	0,261	0,143	0,087	0,030	0,268						
0,516	Ginés LP-18	0,048	0,039	0,039	0,039	0,039	0,424	0,153	0,144	0,144	0,236	0,118	0,121	0,568	0,098	0,024					
0,500	Guillemar LP-19	0,816	0,667	0,667	0,667	0,667	0,426	0,093	0,096	0,096	0,426	0,233	0,142	0,049	0,438	0,408	0,039				
0,029	INCA LP-22	0,522	0,426	0,426	0,426	0,426	0,309	0,147	0,339	0,339	0,309	0,234	0,189	0,110	0,346	0,261	0,085	0,426			
0,000	INCA LP-23	0,265	0,216	0,216	0,216	0,216	0,493	0,133	0,074	0,074	0,203	0,108	0,081	0,190	0,164	0,132	0,215	0,216	0,157		
0,299	INCA LP-4	0,174	0,142	0,142	0,142	0,142	0,159	0,236	0,242	0,242	0,159	0,500	0,615	0,252	0,427	0,087	0,121	0,142	0,189	0,081	

Fx- Consanguinidad Absoluta

La diversidad genética teórica y las interrelaciones entre todos los cultivares, tomando como referencia un valor de similitud de 0,20, permitió la formación de tres grupos. En el primero de ellos: Amistad'82, junto a sus somaclones INCA LP-7, INCA LP-8, INCA LP-9 e INCA LP-10, cuatro cultivares (Anays LP-14, Guillemar LP-19, José LP-20 e INCA LP-22), en los que Amistad'82 está presente como progenitor y Eduard LP-21 cuyo progenitor femenino es INCA LP-10. Todos ellos, por su origen, poseen similar información genética, no obstante, fenotípicamente se han apreciado diferencias en cuanto a caracteres cualitativos y cuantitativos evaluados (10), así como en su resistencia al ácaro (*Steneotarsonemus spiniki* Smiley), Piriculariosis y la tolerancia a la salinidad y sequía.

Amistad'82, de ciclo corto, estuvo incorporada a la producción de arroz en Cuba durante varios años, por su parte INCA LP-7, de ciclo medio, se siembra desde el año 2000 con excelente comportamiento, tanto en condiciones de aniego como en suelos con ciertos tenores salinos, además ha mostrado resistencia al ácaro.

El segundo grupo lo forman los cultivares INCA LP-1, Roana LP-15, Ginés LP-18 e INCA LP-23, que comparten información genética proveniente del cultivar comercial Jucarito 104, el cual se mantuvo en producción en Cuba durante más de 20 años, debido a su excelente rendimiento agrícola, pero con caracteres negativos como la mala calidad industrial y susceptibilidad a la Piriculariosis y al ácaro.

INCA LP-1, de ciclo medio, estuvo incorporada a la producción de arroz en Cuba y en Colombia (16) y Ginés LP-18 desde el año 2019 comenzó su generalización en el país, donde ha mostrado excelente comportamiento tanto en condiciones de aniego como en suelos con ciertos tenores salinos.

El tercer grupo está formado por los seis cultivares restantes, los cuales son resultados del Programa de mejoramiento genético para resistencia a la Piriculariosis, de ahí la presencia de IR 759-54-2-2 y 2077 dentro de sus progenitores, con genes provenientes de los ancestros Cina y Lati Sail,

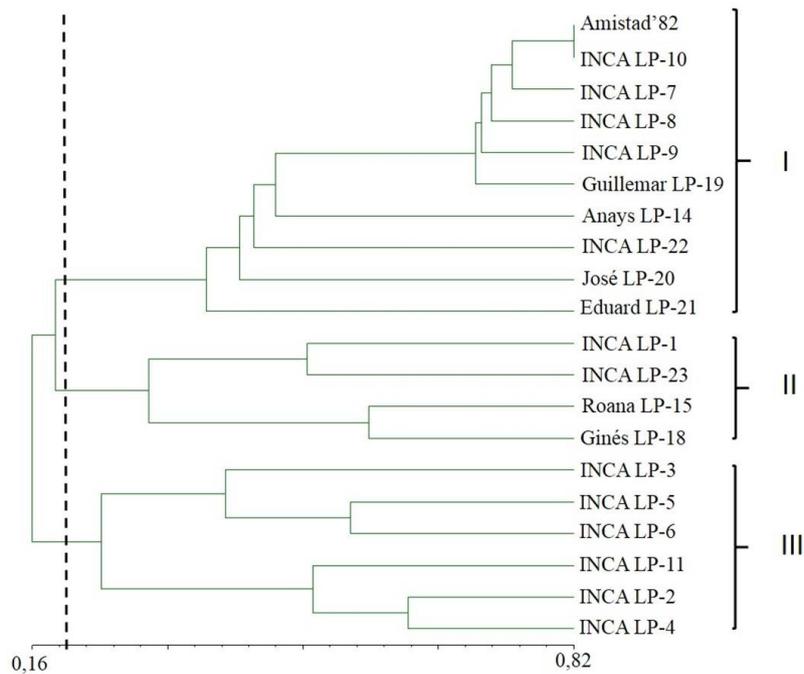


Figura 2. Dendrograma para todos los cultivares cubanos de arroz obtenidos por el INCA en el período 1984-2020, según el Análisis de Conglomerados, en base a la matriz del coeficiente de parentesco

progenitores del cultivar Peta, de resistencia conocida a la enfermedad. Los cultivares IR 759-54-2-2 y 2077 han mostrado resistencia en evaluaciones en canteros de infección en zonas 'hot spot', de alta incidencia de la enfermedad en Cuba (17).

Dentro de ellos, el cultivar 'INCA LP-5', obtenido de un cruce simple, se caracteriza por ser muy vigoroso, sus hojas de color verde mantienen una senescencia lenta, destaca por su ciclo vegetativo corto, excelente rendimiento agrícola e industrial y resistencia a Sogata (17). De gran aceptación por los productores del grano, ha estado presente durante 20 años en la producción en Cuba.

El objetivo principal en el mejoramiento de una determinada especie, debe ser incorporar diversidad genética para resistencia a patógenos e insectos, y combinarla con caracteres agronómicos y morfológicos que confieren altos rendimientos, adaptabilidad y estabilidad, de esta forma, los genes de resistencia provenientes de progenitores diversos introgresados en los cultivares elite, podrían ofrecer mayor protección contra apariciones inesperadas de plagas (7).

CONCLUSIONES

El árbol genealógico de los 20 cultivares obtenidos por el INCA en el período 1984-2020, lo forman 28 Ancestros y 65 cultivares o líneas mejoradas, aunque el mayor nivel de contribución recae sobre cuatro ancestros y 12 de ellos aportan los genes extranucleares de mitocondrias y cloroplastos, presentes en el citoplasma, por vía materna.

Aunque, en su conjunto el germoplasma obtenido es consanguíneo, el agrupamiento realizado diferenció tres grupos de cultivares, lo que constituye una herramienta

para definir la política varietal, al seleccionar cultivares de cada grupo de diversidad identificado, así como para la selección de progenitores en los Programas de mejoramiento.

En este sentido, sería útil un análisis de conjunto de los cultivares obtenidos por el INCA con los desarrollados por el Instituto de Investigaciones de Granos de Cuba, para visualizar de manera más general los grupos genéticamente más distantes y de interés para el Programa de mejoramiento genético del cultivo en el país y, de esta forma, lograr una adecuada diversidad genética en el campo.

BIBLIOGRAFÍA

1. Mastretta-Yanes A, Bellon MR, Acevedo F, Burgeff C, Piñero D, Sarukhán J, *et al.* Un programa para México de conservación y uso de la diversidad genética de las plantas domesticadas y sus parientes silvestres. *Rev Fitotec Mex* [Internet]. diciembre de 2019 [citado 14 de mayo de 2024];42(4):321-34. Available in: http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_abstract&pid=S0187-73802019000400321&lng=es&nrm=iso&tng=es
2. Girma B, Kitil M, Gebre D, Biru H, Serbessa T. Genetic variability study of yield and yield related traits in rice (*Oryza sativa* L.) Genotypes. *Adv Crop Sci Technol* [Internet]. 25 de julio de 2018;6:381. Available in: https://www.researchgate.net/publication/326587708_Getic_Variability_Study_of_Yield_and_Yield_Related_Traits_in_Rice_Oryza_sativa_L_Genotypes
3. Villanueva D, Smale M, Jamora N, Capilit GL, Hamilton RS. The contribution of the International Rice Genebank to varietal improvement and crop productivity in Eastern

- India. Food Secur [Internet]. 1 de octubre de 2020 [citado 14 de mayo de 2024];12(5):929-43. Available in: <https://doi.org/10.1007/s12571-020-01036-9>
4. Awais R, Tahira B, Qasim R, Muhammad S, Muhammad A. Evaluation of rice (*Oryza sativa* L.) advance uniform lines using multivariate analysis. Afr J Plant Sci [Internet]. 30 de noviembre de 2018 [citado 14 de mayo de 2024];12(11):284-9. Available in: <https://academicjournals.org/journal/AJPS/article-abstract/1E2AD6B59070>
5. Sushmitharaj DV, Arunachalam P, Vanniarajan C, Souframanien J, Subramanian E. Multivariate analysis in rice (*Oryza sativa* L.) mutant families from Anna (R) 4 Cultivar. Indian J Agric Res [Internet]. 24 de agosto de 2020 [citado 14 de mayo de 2024]; Available in: <https://arccjournals.com/journal/indian-journal-of-agricultural-research/A-5348>
6. Rivera RM, Solís SHD. Asociación de caracteres en colección de recursos fitogenéticos de arroz en Los Palacios. Avances [Internet]. 2019 [citado 2 de abril de 2024];21(1). Available in: <https://www.redalyc.org/journal/6378/637869112002/html>
7. Berrio-Orozco LE, Torres-Toro ÉA, Barona-Valencia J, Cuásquer-Sedano JB. Diversidad genética de las variedades de arroz FLAR liberadas entre 2003-2014. Agronomía Mesoamericana [Internet]. diciembre de 2016 [citado 14 de mayo de 2024];27(2):217-31. Available in: http://www.scielo.sa.cr/scielo.php?script=sci_abstract&pid=S1659-13212016000200217&lng=en&nrm=iso&tlng=es
8. Streck E, Magalhaes A, Aguiar G, Facchinello P, Reis Fagundes P, Franco D, et al. Genetic progress in 45 years of irrigated rice breeding in Southern Brazil. Crop Sci [Internet]. 1 de mayo de 2018;58. Available in: https://www.researchgate.net/publication/323949499_Genetic_Progress_in_45_Years_of_Irrigated_Rice_Breeding_in_Southern_Brazil
9. Breseghello F, de Mello RN, Pinheiro PV, Soares DM, Lopes Júnior S, Nakano Rangel PH, et al. Building the Embrapa rice breeding dataset for efficient data reuse. Crop Sci [Internet]. 2021 [citado 14 de mayo de 2024];61(5):3445-57. Available in: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1002/csc2.20550>
10. Pérez-León N de J, González-Cepero MC, Cristo-Valdés E. Diversidad fenotípica de cultivares cubanos de arroz obtenidos por el INCA en el período 1984-2020. Cultivos Tropicales [Internet]. 1 de diciembre de 2022 [citado 14 de mayo de 2024];43(4) <http://cu-id.com/2050/v43n4e12>. Available in: <https://ediciones.inca.edu.cu/index.php/ediciones/article/view/1717>
11. J. A, Fuentes Lorenzo J, Cornide M, Borges E. CROP GENETIC DIVERSITY (CROPDIVER): Un programa de computación para optimizar la composición de la estructura varietal y la recomendación de progenitores sobre la base de su diversidad genética. Cultivos Tropicales [Internet]. 1 de enero de 2005;26:45-50. Available in: https://www.researchgate.net/publication/289991947_CROP_GENETIC_DIVERSITY_CROPDIVER_Un_programa_de_computacion_para_optimizar_la_composicion_de_la_estructura_varietal_y_la_recomendacion_de_progenitores_sobre_la_base_de_su_diversidad_genetica
12. JL Fuentes, J Arteche, E Suárez, PJ Gómez, E Borges and MT Cornide. Genetic base and commercial utilization of rice varieties in Cuba. J Genet Breed [Internet]. 1 de diciembre de 2004;58:329-38. Available in: https://www.researchgate.net/publication/215712500_Genetic_base_and_commercial_utilization_of_rice_varieties_in_Cuba
13. Wright S. Mendelian analysis of the pure breeds of livestock: I. The Measurement of inbreeding and relationship. J Hered [Internet]. 1 de noviembre de 1923 [citado 14 de mayo de 2024];14(8):339-48. Available in: <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.jhered.a102354>
14. Fuentes JL, Ramírez IM, Arteche J, Deus JE, Suárez E, Alonso R, et al. Genetic base of cuban rice varieties released between 1972 and 1993. 2003;24(2):55-61. Available in: <https://www.redalyc.org/pdf/1932/193218174010.pdf>
15. Arzate-Fernández AM, Piña-Escutia JL, Norman-Mondragón TH, Arroyo-Martínez HA. Apuntes de genética vegetal [Internet]. México: Universidad Autónoma del Estado de México; Available in: <http://ri.uaemex.mx/bitstream/handle/20.500.11799/104554/Apuntes%20de%20gen%C3%A9tica%20vegetal.pdf?sequence=1&isAllowed=y>
16. Díaz GS, Pérez N, Miranda H, Díaz S. Preliminary behavior of two cuban rice varieties (*Oryza sativa* L.) in Cesar department of Colombia. Cultivos Tropicales [Internet]. 2000 [citado 14 de mayo de 2024];21(4):45-9. Available in: <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=193230160009>
17. Rodríguez Pedroso A, Miranda Caballero A, Pérez N, Ruiz Sánchez M, Ramírez-Arrebato M, Díaz Solís S, et al. El Cultivo del Arroz en los Palacios [Internet]. 2020. Available in: https://www.researchgate.net/publication/344352169_El_Cultivo_del_Arroz_en_los_Palacios