



AGENCIA NACIONAL
DE INVESTIGACIÓN
E INNOVACIÓN

Informe final del proyecto Generando valor a partir de datos históricos del programa de mejoramiento genético de arroz de INIA

Código de proyecto ANII: FSDA_1_2018_1_154120

22/09/2021

SCHEFFEL PEREIRA, Sheila (Investigador)
LADO LINDNER, Bettina (Investigador)
MOLINA CASELLA, Federico (Investigador)
PÉREZ DE VIDA, Fernando Blas (Investigador)
POWELL, Owen Morgan (Investigador)
REBOLLO PANUNCIO, María Inés (Investigador)
ROSAS CAISSIOLS, Juan Eduardo (Responsable Técnico - Científico)
BLANCO, Pedro (Investigador)
HICKEY, John Michael (Investigador)
AGUILAR GARCIA, Ignacio (Investigador)

ALPHAGENES GROUP, THE ROSLIN INSTITUTE, THE UNIVERSITY OF EDINBURGH \\ FACULTAD DE AGRONOMÍA \\
INIA TREINTA Y TRES (Institución Proponente) \\ INIA (Institución Proponente)



Resumen del proyecto

El Programa de Mejoramiento Genético de Arroz de INIA (PMGA) busca obtener mejores cultivares de arroz para el sector productivo. Para ello genera líneas experimentales y las selecciona en base al comportamiento evaluado en ensayos de campo y laboratorio. La precisión de esta selección depende de la calidad de los ensayos, el número de repeticiones, localidades y años de evaluación, y la magnitud de efectos y variabilidad debida a factores ambientales (año, localidad), y de interacción genotipo por ambiente (respuesta diferencial de las líneas a los ambientes). Cuantificar estas fuentes permitiría encontrar la distribución de recursos que maximice la ganancia genética con menores costos y tiempo. Para ello se requiere el análisis conjunto de ensayos a través de múltiples años y ambientes. Sin embargo, actualmente los ensayos del PMGA son analizados por separado debido a que los datos están fragmentados en una multiplicidad de soportes y formatos que impiden su análisis conjunto. Esta sub-utilización de la información disminuye la precisión de las estimaciones y por ende la ganancia genética y la eficiencia del PMGA. Este proyecto buscó mejorar la eficiencia del PMGA mediante la consolidación de todos los datos generados por el PMGA y el posterior análisis conjunto de toda la información para la selección de líneas experimentales, mejorando la ganancia genética y la estimación de los parámetros genéticos del PMGA. Se encontró una mejora de más del 20% en la precisión de las estimaciones del valor genético de las líneas en evaluación temprana cuando se analiza en forma conjunta la información de múltiples años y ensayos. Se estimó la ganancia del PMGA para rendimiento y resistencia a las principales enfermedades del cultivo, encontrándose una tendencia genética significativa y favorable en las mejores líneas evaluadas por el programa.

Ciencias Agrícolas / Agricultura, Silvicultura y Pesca / Agricultura / Mejoramiento genético

Palabras clave: Modelado probabilístico / Consolidación de datos / Simulación /

Introducción

La producción arrocería uruguaya enfrenta una situación desafiante (Ferraro y Lanfranco 2016) en la que debe aumentar constantemente su competitividad, principalmente a través de mayores rendimientos y alta calidad, buscando disminuir el uso de insumos como fertilizantes y plaguicidas (Zorrilla de San Martín et al. 2018), y superando las limitantes ambientales que generan inestabilidad en la producción (Pérez de Vida y Macedo 2015). Por lo tanto, el programa de mejoramiento genético de arroz de INIA (PMGA), principal actor en la obtención de nuevos cultivares para el sector, debe acelerar el proceso de desarrollo varietal, y hacerlo más eficiente. Actualmente dicho proceso consta de los siguientes pasos: I) generación de diversidad mediante cruzamientos con cultivares y líneas élite seleccionados localmente y/o por programas socios como el FLAR (Fondo Latinoamericano de Arroz de Riego), quien provee de diversidad genética adaptada a las condiciones subtropicales de Uruguay y con resistencia a brusone; II) avance generacional anual en ensayos de campo combinado con selección fenotípica por arquitectura de planta y ciclo, y avance generacional sin selección en contra-estación; y III) selección de líneas fijas por los rasgos de interés (rendimiento, resistencia a brusone, y calidad industrial y culinaria) en ensayos de rendimiento con repeticiones en una, dos, o tres localidades representativas de los ambientes productivos, durante al menos 6 años consecutivos. La selección de las líneas se realiza estimando indirectamente el efecto genotípico a través de las medias fenotípicas en el ensayo del año, teniendo en cuenta la media fenotípica de uno o dos años anteriores cuando éstas están disponibles. En este escenario los tres principales problemas que esta propuesta buscó resolver fueron: 1) En la etapa III) se generan cada año más de 95.000 datapoints correspondientes a casi 7000 unidades de observación (genotipos evaluados y sus repeticiones). Pero estos datos se almacenan por separado en planillas individuales para cada ensayo, sin integrarse a una base de datos común para todo el año, ni en una base consolidada con la información de múltiples años. Este volumen de datos requiere un sistema de manejo de la información adecuado para poder hacer un uso eficiente de la misma (Evans et al. 2013). Además, a medida que los programas se modernizan e incorporan nuevos tipos de herramientas como selección asistida por marcadores moleculares (molecular assisted selection, MAS), selección genómica (genomic selection, GS), el equipo de mejoramiento se amplía y se vuelve interdisciplinario, y un mayor número de actores requiere un acceso y actualización fácil y eficiente a los datos (Jung et al. 2016). Esto está sucediendo actualmente en el PMGA, con la inclusión de un componente para aplicación de MAS y evaluación de GS en el proyecto actual del programa. Esto hace de la integración y consolidación de los datos generados una etapa indispensable en la modernización de los programas de mejoramiento (Odell et al. 2016). 2) Debido principalmente a esta fragmentación de la información, la estimación actual de los efectos genotípicos sufre de sesgos debido al uso incompleto de información, así como de la inadecuada modelación del efecto ambiental (principalmente año) y su interacción con el efecto genotípico (Hill 1975, Piepho y Möhring 2006, Piepho et al. 2008). Esto

disminuye la precisión de la selección, repercutiendo en una menor ganancia genética y por ende en menor eficiencia del programa. Los modelos mixtos utilizando información completa del PMGA permiten obtener información sobre los efectos genotípicos, ambientales, y de interacción entre ambos, utilizando los datos de evaluaciones anteriores de líneas experimentales que guardan cierto parentesco con las actuales, las cuales fueron evaluadas en ambientes diferentes pero que tienen cierta correlación con los ambientes actuales y futuros (Henderson 1975, Meuwissen et al. 2001, Crossa 2012). Asimismo, predecir el valor genético o valor de cría de las líneas para seleccionar los parentales cuyas progenies tendrán mejor comportamiento es una de las etapas más importantes en el proceso de desarrollo de cultivares, que puede lograrse utilizando los modelos mixtos mencionados sobre los datos completos (incluyendo pedigrí y/o información genómica) del PMGA (Aguilar et al. 2010). 3) También debido a la dificultad de analizar la información del programa en forma completa, no ha sido posible hasta la fecha tener estimaciones adecuadas del progreso genético del PMGA, ni comprobar o estimar la magnitud de una tendencia no genética debida a mejoras en prácticas de manejo y a la acumulación de años más o menos favorables. Los datos generados en diversos ambientes (años y localidades) y ensayos a lo largo de la historia de un programa de mejoramiento genético son de gran utilidad para estudios en escalas temporales mayores al año. Estos estudios permiten evaluar el progreso genético obtenido por el programa y evaluar parámetros críticos para un programa como son la magnitud de la interacción genotipo por ambiente, y la idoneidad de las localidades para la evaluación genotípica (DeLacy et al. 1996). Estas estimaciones son fundamentales para evaluar el funcionamiento y la eficiencia del programa, así como para realizar ajustes o modificaciones para lograr un diseño optimizado de las estrategias de desarrollo y selección. Determinar la mejor estructura del PMGA permitiría una distribución de recursos para seleccionar las mejores líneas en menor tiempo (Cobb 2019). Con estas consideraciones, el objetivo general se planteó esta propuesta fue mejorar la eficiencia del PMGA, a través de los siguientes objetivos específicos: 1. Integrar toda la información generada por el PMGA para su uso y actualización eficiente. 2. Mejorar la precisión en las estimaciones de los valores genotípicos de las líneas experimentales mediante el uso de modelos mixtos e información de múltiples años. 3. Estimar la ganancia genética actual del PMGA y la tendencia ambiental. Los resultados correspondientes a estos objetivos fueron: 1) Una base de datos consolidada con toda la información de ensayos fenotípicos del PMGA de 1997 a 2020, 2) Modelos para estimación de BLUE y BLUP de las líneas en evaluación y su interacción con efectos ambientales, implementados en software libre R, y 3) Estimación de la ganancia genética realizada por el PMGA para las principales características objetivo.

Metodología/diseño del estudio

Para la creación de la base de datos se siguieron los siguientes pasos: 1) Recopilación de los datos originales a partir de planillas electrónicas con diversidad de formatos. El PMGA generó históricamente dos tipos de planillas para cada ensayo: planillas tipo A que presentan información del ID de las líneas experimentales y su pedigrí mientras que las planillas tipo B contienen información de variables fenotípicas medidas en el ensayo. Para los datos de los componentes Indica y Japónica Templado se diseñó una planilla de formato uniforme con nombres estandarizados para los campos, creándose una planilla por ensayo. Éstas se recopilaron mediante un código en R en un único data frame. Para los datos de los subprogramas Japónica tropical, Clearfield, Híbridos y las Evaluaciones Finales (en planillas A y B) se crearon y aplicaron códigos en R para leer y fusionar ambos tipos de planilla en un único data frame por ensayo, colapsándose todas las columnas que correspondieran a la misma variable. 2) Unificación de todos los data frames en uno con toda la información del PMGA. 3) Estandarización de valores para datos perdidos y niveles de variables categóricas, y se aplicó un control de calidad de datos con criterios estadísticos y agronómicos. 4) Separación de los datos en planillas correspondientes a las tablas para la creación de la base de datos: Ensayos, Fenotipos, Líneas, Genotipos y Cruzamientos. 5) Definición de la estructura de la base de datos relacional identificando los elementos que constituyen el sistema sus relaciones. Las planillas se migraron a una base de datos gestionada mediante sistema SQL, formada por tablas estructuradas en registros y campos vinculados por un identificador. En el marco de la tesis de maestría de S. Scheffel se evaluó la precisión de la estimación de los valores genéticos en etapas tempranas utilizando distintos niveles de análisis: por ensayo, todos los ensayos de un mismo año, y todos los ensayos de cinco años. Se utilizó el conjunto de datos completo para estimar el valor genético de referencia "VGR" ajustando un modelo conjunto con el total de los datos "CT" con la media como efecto fijo y genotipo, bloque, ensayo, localidad, año, interacción genotipo por ensayo, interacción genotipo por localidad, interacción genotipo por año y efecto residual como efectos aleatorios con distribuciones normales centradas en cero y asumiéndose independientes. Para el análisis por ensayo se ajustó un modelo E con efectos genotipo, bloque y residual por separado para cada uno de los ensayos de etapa inicial obteniéndose los valores genéticos "VGE". Para el análisis por año se ajustó un modelo "Z" igual al modelo "E" pero agregando el efecto del ensayo y de la interacción genotipo por ensayo, obteniéndose los valores genéticos "VGZ". Para el análisis por grupo de cinco años se ajustó un modelo "C5" incorporando además los efectos año e interacción genotipo por año, obteniéndose los valores genéticos "VGC5". Se estimó la precisión de las predicciones de los VGE, VGZ y VGC5 como la correlación de Pearson de éstos con los VGR. En el marco de la tesis de maestría de I. Rebollo se exploró la integración de los datos consolidados con información genómica generada por genotipado por secuenciación (GBS) y climática del Banco de Datos Agroclimáticos de INIA (<http://www.inia.uy/gras/Clima/Banco-datos-agroclimatico>). En base a las variables climáticas y fenológicas con mayor efecto en el rendimiento (Pérez de Vida y Macedo, 2013), se computó para cada parcela la media de las temperaturas mínimas durante el período comprendido entre 15 días antes y 15 días después de la fecha de floración y la acumulación de

heliofanía en el período de 20 días antes y 20 días después de la dicha fecha. Se seleccionaron 969 genotipos con información genómica y presentes en ensayos que cubrieran la mayor amplitud de condiciones ambientales posible. Se ajustó un modelo mixto de regresión aleatoria con el que se predijeron para cada uno de estos genotipos sus valores genéticos (BLUPs) para rendimiento, para los coeficientes de regresión del rendimiento en función de la temperatura y en función de la radiación. Se modeló la estructura de varianzas y covarianzas genotípicas con la matriz H que combina la información de marcadores moleculares y la de pedigrí (Aguilar et al. 2010). La estimación de varianzas y covarianzas así como el ajuste del modelos se realizó en el programa BLUPF90 con adaptaciones para contemplar las generaciones de autofecundación en la matriz de parentesco propias de la especie (Rebollo et al. 2020). Se calculó la heredabilidad generalizada para cada carácter. Con los BLUPs obtenidos se realizó un análisis de mapeo asociativo para identificar regiones cromosómicas asociadas al rendimiento y su variación frente a cambios de temperatura y radiación en etapa de floración (Rebollo et al, en preparación). Para la estimación de la ganancia genética realizada en el PMGA se utilizaron los datos de las variables Rendimiento (Kg/ha) y resistencia a enfermedades causadas por los hongos *Pyricularia oryzae*, *Sclerotium oryzae* y *Rhizoctonia oryzae-sativae* en ensayos de Evaluación avanzada en la Unidad Experimental de Paso de la Laguna, Treinta y Tres, para los genotipos índica y japónica tropical. Tanto para los datos índica como japónica se utilizaron todos los datos históricos disponibles para ajustar modelos mixtos para estimar el valor genético BLUP de cada línea. El modelo utilizado para explicar la variable de respuesta (rendimiento o resistencia a enfermedades) incluyó la media general, el efecto aleatorio del genotipo (línea) con distribución normal centrada en cero y covarianza proporcional a una matriz de relacionamiento entre líneas estimada a partir de los datos de pedigrí, el efecto aleatorio del año de cosecha, el efecto aleatorio de la interacción entre el genotipo y el año de cosecha, el efecto aleatorio del ensayo, el efecto aleatorio del bloque y el efecto residual del modelo. Los BLUPs correspondientes sólo a las líneas que fueron evaluadas en ensayos finales obtenidos a partir del modelo fueron utilizados como variable de respuesta en un modelo de regresión del BLUP en función del año calendario de la primera evaluación en etapa, cuyo coeficiente de regresión se utilizó como estimador de la tendencia o ganancia genética. Se analizó tanto el promedio de los BLUPs de todas las líneas evaluadas cada año como el de las 3 mejores líneas de cada año.

Resultados, análisis y discusión

Se consolidaron un total de 3.696.522 datapoints agrupados en 93.722 registros correspondientes a 24 años, 1008 ensayos y 16 localidades. El número de registros por componente fue 46.067 de Japónica Tropical, 33.918 de Índica, 8.290 de Clearfield y 4.266 de Japónica Templado. Respecto a los totales por etapa de evaluación, 31.436 registros corresponden a la Evaluación 1 (39 %), 15.982 registros a la Evaluación 2 (20 %), 12168 registros a la Evaluación 3 (15 %), 9.372 registros a la Evaluación 4 (12 %), 3007 registros a la Evaluación 5 (4 %), 8.666 registros a la Evaluación Final (9 %) y en 12.855 registros no se especificaba la etapa de evaluación (14 %). El conjunto de datos presenta buena conectividad entre años, con al menos tres genotipos utilizados como testigos evaluados en común durante todo el período, y con tres parentales cuyas progenies se evaluaron tanto en 1997 como en 2019. En general los años más cercanos están más conectados, tanto por líneas como por parentales, reflejando la repetición de líneas en las distintas etapas de evaluación del programa. La precisión de estimación de los valores genéticos a partir del análisis por ensayos individuales (VGE) fue en promedio de 0,30, mientras que en el análisis multiensayo por año (VGZ) fue de 0,63, y en el análisis multiaño (VGC5) fue de 0,71. Las predicciones de BLUPs de rendimiento y respuesta a temperatura y radiación en etapa reproductiva mostraron que el rendimiento es el que captura la mayor proporción de la varianza (87.990.000 kg² para genotipos índica y 95.705.000 para japónica). El efecto de respuesta general del rendimiento por °C en representó una varianza de 137.760 kg² para índica y 151.600 kg² para japónica mientras que la varianza de la respuesta a cada hora de sol fue de 157,23 kg² para índica y 171,56 kg² para japónica. A su vez, se observó que en términos genéticos, el rendimiento covaría de forma negativa tanto con la respuesta a temperatura (-3.323.900 kg²) como a radiación (-97,133 kg²). Esto significa que las líneas con mayor rendimiento en general son las más estables frente a cambios de temperatura y radiación. La covarianza genética entre la respuesta a cada cambio en temperatura y radiación es positiva (2.945,6 kg² para índicas y 3,191 kg² para japónicas), lo que implica que en general las líneas con sensibilidad a un factor son también sensibles al otro. Se encontraron heredabilidades moderadas para los rasgos estudiados yendo desde 0,29 para rendimiento en índicas hasta 0,59 para la respuesta a radiación en japónicas. En el mapeo asociativo se identificaron regiones genómicas asociadas a todas las características estudiadas en ambas subespecies. Existen regiones genómicas compartidas entre el rendimiento y la respuesta a temperatura en ambas subespecies. En el análisis de ganancia genética, los BLUPs promedio por año para las líneas índica mostraron una tendencia genética positiva para rendimiento y una tendencia genética negativa para resistencia a *Pyricularia*, aunque en ambos casos esta tendencia no fue significativamente diferente de cero ($\neq 0.05$). Para los índices de resistencia a enfermedades de tallo (*Rhizoctonia* y *Sclerotium*) de los genotipos índica, las pendientes de la regresión de los BLUPs promedio por año fueron muy cercanas a cero. En el caso de los genotipos japónica tropical la pendiente de rendimiento fue significativa ($\neq 0.05$) mostrando una ganancia genética promedio de 33.06 Kg/ha por año. Asimismo, también se observa ganancia genética significativa ($\neq 0.05$) para el índice de resistencia a *Sclerotium*. Tomando en cuenta los valores genéticos de las mejores 3 líneas que evaluadas en ensayos finales cada año, los genotipos índica presentaron una tendencia genética positiva para rendimiento (37 Kg/ha por año) y negativa para los índices de resistencia a *Pyricularia* y enfermedades de tallo. En todos los casos estas tendencias fueron significativamente diferentes de cero ($\neq 0.05$). Para el caso de los 3 mejores genotipos japónica tropical evaluados cada

año, se observa una tendencia genética positiva y significativa para rendimiento, con una ganancia estimada de 29 Kg/ha por año. Para los índices de incidencia de enfermedades, la resistencia a *Sclerotium* fue la única que mostró una pendiente negativa significativamente diferente de cero ($\neq 0.05$). Si bien no se observa ganancia genética para *Pyricularia* y *Rhizoctonia* en los genotipos japónica tropical, los índices se mantienen en valores de incidencia aceptables durante todo el período estudiado.

Conclusiones y recomendaciones

A través de la creación la base de datos generada en este trabajo (Rebollo et al. 2020), se logró organizar la información generada por el PMGA de manera sistemática. Esto permitió normalizar la información, concentrar todos los datos en un único lugar, evitar la redundancia y la duplicidad de registros, asegurar la integridad de la información almacenada. Los datos actualmente consolidados facilitaron la realización de análisis conjuntos usando información de varios ensayos, lo que al permitir modelar los efectos de ensayo y año y sus interacciones con el genotipo, se demostró que aumenta la precisión de las estimaciones en promedio de un 0,30 a más de 0,70 y por ende repercutirá en una mayor ganancia genética y eficiencia del PMGA. La incorporación de modelos más completos pero que requieren mayor capacidad de cómputo, como los que permiten estimar las estructuras de varianzas y covarianzas entre genotipos y entre covariables ambientales y sus interacciones, permitirá mejorar aún más estas precisiones. Esto será posible gracias a la implementación de modelos con el software *Asreml-R*. Para facilitar tanto el acceso como el registro de nuevos datos y la actualizando en forma rutinaria con los datos generados cada año, es necesario contar con una herramienta de gestión de la base de datos adecuada. El programa para manejo de datos de mejoramiento BMS Pro basado en software libre (<https://bmspro.io>) se utilizará con este objetivo. También a partir de los datos consolidados se estimó el progreso genético del PMGA a través de los años, y se planea realizar proyecciones sobre la ganancia genética futura. La estimación de la ganancia genética realizada (Monteverde et al., en preparación) permitió determinar que existe una gran variabilidad en el desempeño de las líneas que llegaron a evaluación final para las características observadas. Sin embargo, cuando se toman en cuenta las mejores líneas en evaluación final para cada característica se observa un progreso genético lineal y consistente. El análisis estadístico de los datos históricos revela que el PMGA ha logrado mejoras para rendimiento y resistencia a enfermedades de hoja y tallo en genotipos índica y japónica tropical. Si bien es posible realizar ciertos ajustes en el programa, como por ejemplo aumentar la intensidad de selección en etapas intermedias, en general estos resultados avalan las decisiones de mejoramiento tomadas durante este período.



Referencias bibliográficas

AGUILAR, I; MISZTAL, I; JOHNSON, DL; LEGARRA, A; TSURUTA, S; LAWLOR, TJ. 2010. Hot topic: A unified approach to utilize phenotypic, full pedigree, and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score. (en línea). *Journal of Dairy Science* 93(2):743-752. Cobb JN, Juma RU, Biswas PS, et al. 2019. Enhancing the rate of genetic gain in public-sector plant breeding programs: lessons from the breeder's equation. *Theoretical and Applied Genetics*. 132(3): 627–645. Crossa J. 2012. From Genotype × Environment Interaction to Gene × Environment Interaction. *Current Genomics*.13(3):225-244. DeLacy IH, Basford KE, Cooper M, Fox PN. 1996. Retrospective analysis of historical data sets from multi-environment trials – Theoretical development. En: Cooper M, Hammer GL eds. *Plant adaptation and crop improvement*. CAB International. 243-267. Evans K, Jung S, Lee T, Brucher L, Cho I, Peace C, Main D. 2013. Addition of a Breeding Database in the Genome Database for Rosaceae. *Database*. 2013. Ferraro B, Lanfranco B. 2016. Economía: monitoreo de competitividad de la cadena arrocera. In: INIA Tacuarembó. Programa Nacional de Arroz. Presentación resultados experimentales de arroz Zafra 2015-2016. 16 agosto, Artigas; 17 agosto, Tacuarembó, 2016. Tacuarembó (Uruguay): INIA, 2016. 56-60 p. Serie Actividades de Difusión; 766). ISSN :1688-9258 Henderson CR. 1975. Use of relationships among sires to increase accuracy of sire evaluation. *Journal of Dairy Science*. 55(11): 1731–1738. Hill J. 1975. Genotype-environment interaction – a challenge for plant breeding. *The Journal of Agricultural Science*. 85(3): 477-493. Meuwissen THE, Hayes BJ, Goddard ME. 2001. Prediction of Total Genetic Value Using Genome-Wide Dense Marker Maps. *Genetics*. 157(4): 1819-29. ODELL, S. G.; LAZO, G. R.; WOODHOUSE, M. R.; HANE, D. L.; SEN, T. Z. 2017. The art of curation at a biological database: principles and application. *Current Plant Biology*, v. 11, p. 2-11. PEREZ DE VIDA, F.; MACEDO, I. 2013. Aspectos de la ecofisiología del cultivo de arroz en Uruguay: Incidencia de factores climáticos en la productividad experimental de cultivares. In: *Arroz - Soja. Resultados experimentales 2012-13*. Treinta y Tres, INIA. p. 99-101. Piepho HP, Möhring J. 2006. Selection in cultivar trials—Is it ignorable? *Crop Science*. 46(1): 192–201. PIEPHO, H. P.; MÖHRING, J.; MELCHINGER, A. E.; BÜCHSE, A. 2008. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. *Euphytica*, v. 161, no. 1-2, p. 209-228. REBOLLO, I.; SCHEFFEL, S.; IRIARTE, W.; BLANCO, P.; MOLINA, F.; PE?REZ DE VIDA, F.; ROSAS, J. 2020. Consolidacio?n de los datos histo?ricos del programa de mejoramiento de arroz en una base de datos. In: Terra, J. A.; Martínez, S.; Saravia, H.; Mesones, B.; Álvarez, O. (Eds.) *Arroz 2020*. Montevideo (UY): INIA. p. 5-8. (Serie Técnica 257). REBOLLO, I.; ROSAS, J.E.; AGUILAR, I. 2020 Efficient computation of the additive relationship matrix and its inverse in self-breeding individuals. In: *International Conference on Quantitative Genetics 6, 2020*, Brisbane, Australia, (virtual). https://icqg6.org/wp-content/uploads/2020/11/ICQG6_2020_Abstract_Book.pdf Zorrilla de San Martín G, Martínez S, Terra JA, Saravia H. 2018. *Arroz 2018. Alternativas tecnológicas para el sector arrocero en un escenario desafiante*. Jornada Arroz 2018. INIA Treinta y Tres. Montevideo (Uruguay). INIA. 92 p (INIA Serie Técnica; 246).

Licenciamiento

Reconocimiento 4.0 Internacional. (CC BY)