



# XII SIRGEAC

URUGUAY 2019

XII SIMPOSIO INTERNACIONAL DE RECURSOS GENETICOS  
PARA LAS AMERICAS Y EL CARIBE

CENTRO UNIVERSITARIO REGIONAL DEL ESTE  
ROCHA URUGUAY - RUTA 9 Y RUTA 15

8 AL 11 DE DICIEMBRE DE 2019

## Anales del XII Simposio internacional de Recursos Genéticos para las Américas y el Caribe Conferencias, Mesas y Trabajos Libres - RESÚMENES -

ISBN: 978-9974-94-766-5



ORGANIZAN



UNIVERSIDAD  
DE LA REPÚBLICA  
URUGUAY



**EJE DE TRABAJO:****1. Recursos Fitogenéticos****TÍTULO DEL TRABAJO:****ANÁLISIS DE PEDIGRÍ Y PREDICCIÓN DEL VALOR DE CRÍA PARA VALORIZAR ACCESIONES DE ARROZ EN EL BANCO DE GERMOPLASMA DE INIA****RESUMEN:**

El Programa de Mejoramiento Genético de Arroz de INIA (PMGA) se encuentra trabajando en la consolidación de datos históricos en una base de datos única con toda la información generada durante más de 20 años de ensayos de campo y laboratorio, así como datos de pedigrí de gran parte de las líneas endocriadas del programa, e información genotípica de marcadores moleculares de varios cientos de líneas. Esto permitirá realizar análisis conjuntos utilizando modelos mixtos que incorporen múltiples ensayos, ambientes, e información de parentesco basada en genotipo y pedigrí, con el fin de obtener predicciones insesgadas del valor de cría de las líneas experimentales (BLUP) y seleccionar mejores parentales para nuevos cruzamientos en el PMGA. Las accesiones de arroz conservadas en el Banco de Germoplasma de INIA (BGI) juegan un papel fundamental en este proceso, ya que permiten recuperar líneas experimentales históricas que pueden aportar información y recursos genéticos

claves. Los objetivos de este trabajo son: 1) identificar las líneas con mayor presencia como parentales en el pedigrí del germoplasma del PMGA, y 2) predecir los valores de cría de las líneas históricas y actuales del programa. Las líneas identificadas en el objetivo 1) podrán ser en el futuro genotipadas con marcadores moleculares genómicos, para robustecer la estimación de las relaciones genotípicas entre nuevas líneas y mejorar la imputación de datos genotípicos faltantes, mejorando futuras predicciones. Las identificadas en el objetivo 2) podrán ser utilizadas como parentales para nuevos cruzamientos. Hasta el momento se consolidaron los datos de más de 5 años, identificándose decenas de líneas que están a su vez conservadas como accesiones en el BGI. Este trabajo permite identificar accesiones de gran valor en el BGI e incorporarlas nuevamente al PMGA tanto para mejorar la selección como para generar nuevos cruzamientos que maximicen la ganancia genética.

**CONTACTO DEL RESUMEN**

**Sheila, Scheffel** | [melischeffel@gmail.com](mailto:melischeffel@gmail.com)  
Uruguay; Maestría Cs. Agrarias, FAgro, UdelaR

**Rosas, Juan E.** | [jrosas@inia.org.uy](mailto:jrosas@inia.org.uy)  
Uruguay; INIA

**Pérez, Fernando** | [fperez@inia.org.uy](mailto:fperez@inia.org.uy)  
Uruguay; INIA

**Molina, Federico** | [fmolina@inia.org.uy](mailto:fmolina@inia.org.uy)  
Uruguay; INIA