

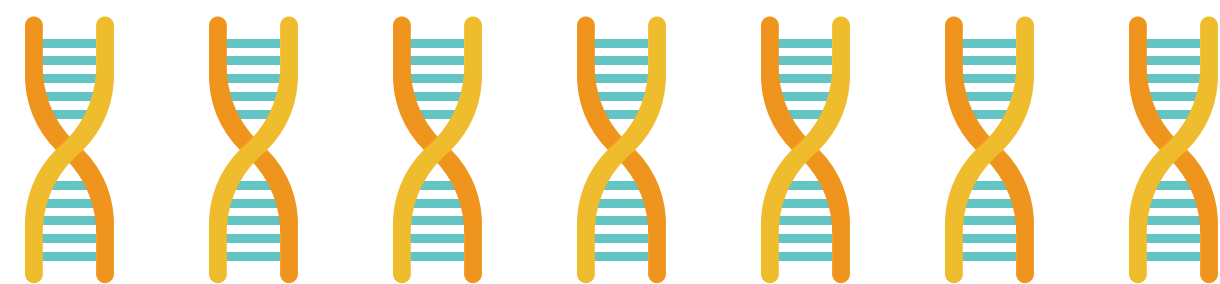


HITOS GESTIÓN 2021



Optimización del Mejoramiento Genético del Arroz

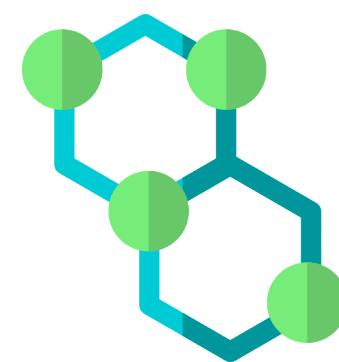
657
cruzamientos



3 nuevas variedades de origen FLAR en **Argentina** (IC 111 FL), **República Dominicana** (SABINA FL) y **Venezuela** (NORY FL).

Selección de líneas avanzadas

por medio de marcadores moleculares para calidad de grano.



<https://acsess.onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1002/tpg2.20134>

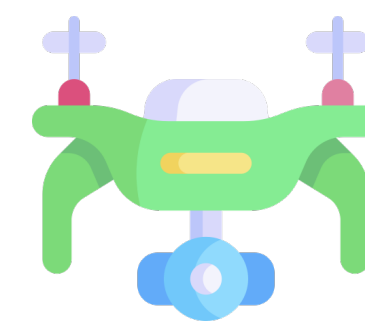


Infraestructura:

Segundo invernadero de cuarentena adecuado y aprobado para realizar contraestación.

Mejoras a la infraestructura en campo para incrementar el uso eficiente del agua.

Adecuación de baños para el personal de Campo.



3 373 materiales evaluados

por Virus de la hoja blanca (VHB) en invernadero; **15 229** evaluados en campo, utilizando el dron



Optimización del Mejoramiento Genético del Arroz

17 exportaciones de semilla a:

- | | |
|---|---|
|  Argentina 2 |  Bolivia 1 |
|  Chile 1 |  Costa Rica 1 |
|  Ecuador 1 |  Nicaragua 1 |
|  Paraguay 1 |  República Dominicana 4 |
|  Uruguay 3 |  Venezuela 2 |

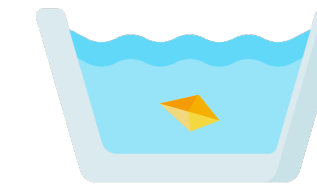
3 despachos nacionales 

7190 líneas únicas despachadas

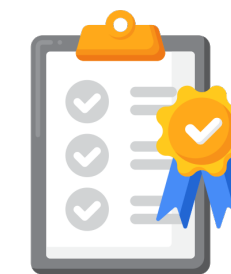
Materiales en proceso de registro en Argentina, Chile, Paraguay y Uruguay.



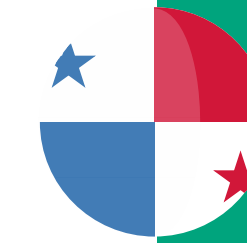
Identificación de nuevos materiales con tolerancia al frío en germinación y buena germinación en condiciones anaeróbicas.



Estandarización de metodologías para edición genética.



Gestión de Tecnologías para la Mejora de la Productividad



Proyecto de transferencia de tecnologías Conagro Semillas-FLAR

Segundo año: aumento de rendimientos entre **20-30 %** y reducción de costos de producción del **20 %** con el manejo FLAR.



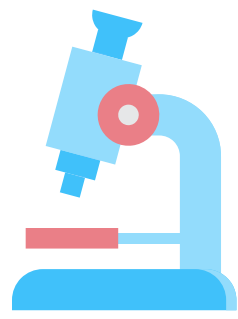
Proyecto ACA-FLAR-ANDE-INIA-GMA en Uruguay

10 parcelas demostrativas, cerca de 400 participantes en los días de campo.



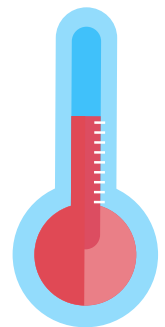
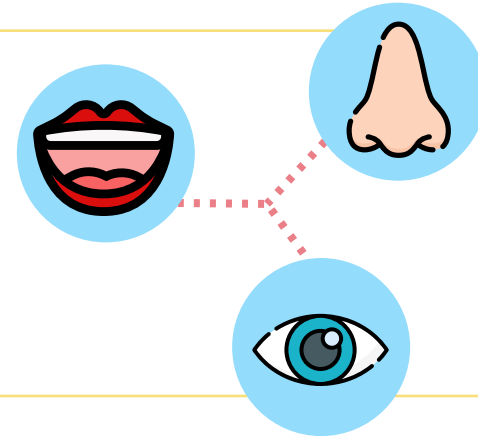
Regreso de Costa Rica a Agronomía

Arroz de Calidad para Diversos Mercados



38 752 muestras analizadas en el laboratorio de calidad de arroz del FLAR

Se **retomaron las actividades** del **panel sensorial entrenado**



Nuevos equipos:

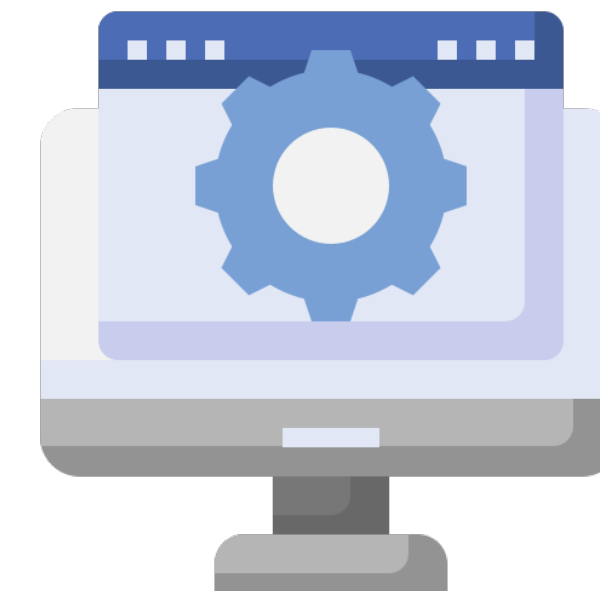
1. DSC60 para evaluar la temperatura de gelatinización
2. Secador de lecho fijo para mayor eficiencia en el secado de las líneas experimentales de arroz de ambos programas
3. RVA

Encuestas sobre características de la **calidad del arroz**, dirigida al **sector industrial**, y **procesos de poscosecha**, dirigida a los **programas de mejoramiento** de la red FLAR



Alianzas para la Sostenibilidad del Arroz

II Curso Técnico de entrenamiento de la
Plataforma para la Sostenibilidad del Arroz (SRP),
dictado por Global G.A.P. **15 participantes**



Observatorio del Arroz



El Observatorio pasó por un proceso de **transformación visual** y de automatización para los procesos de descarga, análisis, despliegue y actualización de datos, cambios que tienen la intención de disminuir los tiempos de desarrollo y asegurar la sostenibilidad de la iniciativa a futuro.

Automatización de cuatro secciones, datos de **181** países, que representan **1.4** millones de nuevas entradas de datos, **4** scripts de código abierto, **30** nuevas variables.

<https://www.riceobservatory.org/es>



Formación de líderes y especialistas del sector arrocero



Curso Virtual de Agronomía de Procesos para Alta Productividad en Arroz en alianza con **AgroClick**

15 semanas

25 participantes de **8** países

30 facilitadores

42.25 horas de clases pregrabadas a través de la plataforma AgroTeach

22.5 horas de sesiones en vivo



Gestión del Conocimiento y la Comunicación

Artículos:

Genetic and phenotypic characterization of rice grain quality traits to define research strategies for improving rice milling, appearance, and cooking qualities in Latin America and the Caribbean Plant Genome.

Received: 24 February 2021 | Accepted: 23 June 2021
DOI: 10.1002/tpg2.20134

ORIGINAL RESEARCH

Genetic and phenotypic characterization of rice grain quality traits to define research strategies for improving rice milling, appearance, and cooking qualities in Latin America and the Caribbean

Maribel Cruz¹ | Juan David Arbelaez² | Katherine Louiza¹ | Juan Cuasquer³ | Juan Resas⁴ | Eduardo Graterol¹

¹FLAR (Fondo Latinoamericano para Arroz de Riego), CIAT (Internacional Center for Tropical Agriculture), Kilómetro 17 c. CP, Cali, Valle del Cauca 763337, Colombia
²Eng. of Crop Sciences, Univ. of Illinois, Urbana-Champaign, Turner Hall N.21111B S. Goodwin Ave. 1046, Urbana, IL 61801, USA
³CIAT (International Center for Tropical Agriculture), Kilómetro 17 Bctca Cali, Palmira, CP, Cali, Valle del Cauca 763337, Colombia
⁴INIA (Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria), Ruta 9 Km. 201/3000, Tuiyá y Trés, Uruguay

Abstract
Rice (*Oryza sativa* L.) grain quality is a set of complex interrelated traits that include grain milling, appearance, cooking, and edible properties. As consumer preferences in Latin America and the Caribbean evolve, determining what traits best capture regional grain quality preferences is fundamental for breeding and cultivar release. In this study, a genome-wide association study (GWAS), marker-assisted selection (MAS), and genomic selection (GS) were evaluated to help guide the development of new breeding strategies for rice grain quality improvement. For this purpose, 264 rice lines representing over 20 yr of breeding in Latin America and the Caribbean were genotyped and phenotyped for 10 different traits including grain milling, appearance, cooking, and edible quality traits. Genetic correlations among the 10 traits ranged from -0.83 to 0.85. A GWAS identified 19 significant marker/trait combinations associated with eight grain quality traits. Four functional markers, three located in the *Waxy* and one in the *starch synthase IIa* genes, were significantly associated with six

Abbreviations: IK, Rice Custom Amplicon; AC, amylose content; RDv, breakdown-variety; BL, Bayesian LASSO; BLUE, best linear unbiased estimate; CIAT, International Center for Tropical Agriculture; DHR, delayed head rice recovery; FLAR, Latin American Fund for Irrigated Rice; GBS, genotyping-by-sequencing; GL, grain length; GLWR, grain length to width ratio; GS, genomic selection; GT-ASY, gelatinization temperature expressed as alkali spread value; GW, grain width; HR, head rice recovery; LAC, Latin America and the Caribbean; MAS, marker-assisted selection; NIR, near-infrared spectroscopy; OHR, optimal head rice recovery; PCA, principal component analysis; OTL, quantitative trait loci; RF, random forest; RKHS, reproducing kernel Hilbert space; rBLUP, ridge regression BLUP; RVA, Rapid Visco Analyzer; SHv, setback-variety; SNP, single nucleotide polymorphism; SSI starch synthase IIa; VIOPFLAR, starch synthase IIa; VIOPFLARViens de Observación; VIP, VIOPFLAR Informative Panel; WCK, white core rice kernel.

This is an open access article under the terms of the [Creative Commons Attribution License](https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/), which permits use, distribution and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.

© 2021 The Authors. *The Plant Genome*, published by Wiley Periodicals, Inc. on behalf of Crop Science Society of America

Plant Genome, 2021, 14, e20134. <https://doi.org/10.1002/tpg2.20134>

<https://doi.org/10.1002/tpg2.20134>



Comparación morfo-agronómica y molecular de catorce variedades de arroz (*Oryza sativa* L.) con las líneas que dieron su origen.

ACTA BIOLÓGICA COLOMBIANA
<http://www.revistas.unal.edu.co/index.php/actabiol>

Facultad de Ciencias
Departamento de Biología
Sede Bogotá

UNIVERSIDAD NACIONAL DE COLOMBIA

ARTÍCULO DE INVESTIGACIÓN / RESEARCH ARTICLE

COMPARACIÓN MORFO-AGRONÓMICA Y MOLECULAR DE CATORCE VARIEDADES DE ARROZ (*Oryza sativa*) CON LAS LÍNEAS QUE DIERON SU ORIGEN

Morpho-agronomic and molecular comparison of fourteen varieties of rice (*Oryza sativa*) with the lines that gave them the origin

Luis RODRIGUEZ BETANCOURTH^{1,2,3*}, CONSTANZA QUINTERO^{2,3}, JUAN CUASQUER³, EDUARDO GRATEROL^{1,2}, MARIO GARCÍA DÁVILA^{1,2}, MARIBEL CRUZ CALLEJO^{1,2,3}

¹Fondo Latinoamericano para Arroz de Riego (FLAR), Cali, Colombia.
²Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia.
³Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Colombia, Palmira, Colombia.

* For correspondence: rodriguezbetancourth1@uisu.edu

Received: 19th December 2019. Returned for revision: 17th July 2020. Accepted: 20th November 2020.
Associate Editor: Susana Raquel Feldman

Abstract
This research aimed to determine the morpho-agronomic, grain quality, and molecular differences between 14 rice varieties and their ancestors. These rice varieties from Latin America were tested for 25 variables in a randomized complete block design with 28 genotypes, two planting dates, and three replications. The molecular analysis was done using an array of 96 SNP markers with a high discrimination capacity for *Indica* rice. A combined statistical analysis was done because there were no statistical differences between the planting dates. Also, molecular, morpho-agronomic, and grain quality data were analyzed together, using the Gower index to generate a similarity matrix. Agronomic and molecular data were analyzed both, together and independently, through the SAS program. Results showed that eight varieties were grouped with their respective ancestor, and one variety was grouped with a sibling of their ancestor and was consistent in all the analysis. However, given the wide heterogeneity found within the varieties, distinctive genetic profiles could not be established; the varieties must be purified to establish their genetic footprint.

Keywords: FLAR, genotyping, phenotyping, similarity.

RESUMEN
Con el objetivo de determinar las diferencias morfo-agronómicas y de calidad, y la diversidad genética entre 14 variedades de arroz de América Latina con sus respectivas líneas de origen, se estableció un ensayo (bloques completos al azar, con 28 genotipos, tres repeticiones y dos siembras en el tiempo), en el cual se midieron 25 variables morfo-agronómicas y de calidad de grano. El análisis molecular se hizo mediante un arreglo de 96 marcadores tipo SNP de alta capacidad de discriminación para arroz *Indica*. El análisis estadístico se hizo combinando los datos de las dos siembras porque no hubo diferencias estadísticas entre ellas. Además, se analizaron en conjunto los datos moleculares con los morfo-agronómicos y de calidad, usando el índice de Gower para generar una matriz de similitud. Mediante el programa SAS se analizaron los datos agronómicos y moleculares tanto en forma independiente como en conjunto. Los resultados mostraron que, de las 14 variedades, ocho se agruparon con su línea de origen y hubo una variedad que se agrupó con una línea hermana de su ancestro. Los resultados fueron consistentes cuando el análisis de datos se hizo independientemente o combinado. Dada la amplia diversidad encontrada dentro de las variedades y que ninguna fue homogénea al 100% no se pudieron establecer los perfiles genéticos distintivos de ellas, por lo que se debe hacer la purificación de las variedades para establecer su huella genética.

Palabras clave: Fecundado, FLAR, genotipado, similitud.

5 - Acta Biol Colomb, 27(1):5-16, Enero - Abril 2022
<https://doi.org/10.15446/abc.v27n1.84269>

<https://doi.org/10.15446/abc.v27n1.84269>



Gestión del Conocimiento y la Comunicación

Reporte:

Caracterización del sector arrocero en Ecuador 2014-2019: ¿Está cambiando el manejo del cultivo?



Caracterización del sector arrocero en Ecuador 2014-2019:
¿Está cambiando el manejo del cultivo?



Manual:

Manual para el uso de la herramienta de colecta de datos FLAR Collect



<https://www.riceobservatory.org/es/tools>



https://flar.org/wp-content/uploads/2021/09/MANUAL-FLAR-COLLECT_24-sep.pdf



Video



Tutorial para la evaluación de Pyricularia en arroz

389 visualizaciones · 15 oct 2021

👍 24 🗨️ NO ME GUSTA ➦ COMPARTIR ≡+ GUARDAR ...



Flar Arroz
193 suscriptores

SUSCRIBIRME

En este video tutorial explicamos cómo la Alianza Bioversity International y el CIAT y el FLAR realizan la evaluación de Pyricularia en las fases vegetativa y de maduración del arroz, teniendo en cuenta el Sistema Estándar de Evaluación para arroz del IRRI (2013). Esta evaluación se lleva a cabo cada año en el Centro Experimental Santa Rosa (Colombia), propiedad de FEDEARROZ, donde se cuenta con las condiciones ambientales ideales para la alta presión del inóculo natural de Pyricularia en la temporada lluviosa.

Redes sociales

La **comunidad digital del FLAR** en **2021** cerró con las siguientes cifras:



4818
seguidores



1116
posts



601 278
alcance



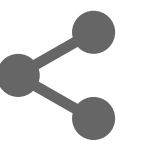
18 987
reacciones



726
comentarios



5382
compartidos



2329
seguidores



1341
tweets



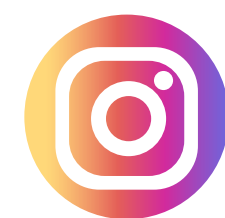
575 500
impresiones



149 695
visitas



288
nuevos
seguidores



1517
seguidores



291
post



90 888
alcance



110 827
impresiones



7736
Me gusta



1007
visitas



82
comentarios



Hitos a resaltar



Se cumplió el plan anual de Fitomejoramiento, en circunstancias especiales como las relacionadas con la pandemia y las restricciones de movilización por problemas de orden público en Colombia durante parte del año.

Contribución de los colaboradores Rodrigo Morán y Andrés Mejía a las evaluaciones en invernadero del proyecto del Virus de la Hoja Blanca (VHB) de Fedearroz en Colombia que maneja el CIAT.

Dos encuestas: Características de calidad del arroz dirigida al sector industrial y Procesos de poscosecha dirigida a los programas de mejoramiento de la red FLAR.

Automatización para los procesos de descarga, análisis, despliegue y actualización de datos del Observatorio del Arroz, a raíz del cual se están replicando cuatro iniciativas similares para otros grupos de cultivos de interés para la Alianza de Bioversity International y el CIAT.

Fortalecimiento del equipo de trabajo FLAR, con la contratación directa de Gilberto Dotto.

Formalizamos la educación en línea, en alianza con AgroClick: Curso Virtual de Agronomía de Procesos para Alta Productividad en Arroz. 15 semanas, +60 horas, 25 participantes de 8 países y 30 facilitadores.

Los miembros del FLAR en la zona templada tienen más materiales en etapas finales de evaluación que en años anteriores.