

CARACTERIZACIÓN DEL ARROZ MALEZA EN ARGENTINA

Mariano Durand¹; Franco Gonzalez², Colazo Jose³.

Palabras claves: arroz rojo, resistencia a herbicidas, gen ALS, Imidazolinonas.

Introducción

El arroz maleza es uno de los principales problemas del cultivo de arroz, amenazando la producción y causando considerables pérdidas económicas. Al ser de la misma especie que el arroz cultivado, su control químico resulta complejo. En Argentina, la resistencia a imidazolinonas (IMI), conocida como tecnología Clearfield, es la única herramienta disponible para el control químico selectivo del arroz maleza. El uso continuo de cultivares resistentes ha llevado a la aparición de poblaciones de arroz maleza resistentes a los herbicidas IMI, limitando el beneficio de la tecnología Clearfield.

En Argentina, las mutaciones A122T y S653A son las que están presentes en los cultivares resistentes actualmente utilizados. La mutación A122T se encuentra en variedades ampliamente sembradas como Gurí INTA CL e IRGA 424 CL, mientras que la mutación S653A está presente en el cultivar SCS 121 CL. Según datos del informe SISA de la campaña 2023/2024, Gurí INTA CL, IRGA 424 CL y SCS 121 CL ocuparon el 19,16 %, 9,04 % y 2,38 % respectivamente del total de la superficie sembrada con arroz en el país.

La aparición de arroz maleza resistente a imidazolinonas puede originarse por dos mecanismos principales. El más documentado es el flujo génico desde cultivares resistentes hacia las poblaciones de arroz maleza, a través de cruzamientos naturales, dado que ambas formas pertenecen a la misma especie. Este fenómeno ha sido reportado en distintas regiones arroceras, incluyendo estudios en Brasil y Uruguay (Roso et al., 2010; Rosas et al., 2011). Además, la resistencia también puede surgir por mutaciones espontáneas en el gen ALS presentes en las poblaciones de arroz maleza, que confieren tolerancia a los herbicidas del grupo IMI.

En este contexto, el objetivo de este trabajo fue caracterizar poblaciones de arroz maleza presentes en distintas zonas arroceras de Argentina, mediante la evaluación de su diversidad morfológica y la detección de mutaciones asociadas a resistencia a imidazolinonas.

Materiales y Métodos

El material vegetal utilizado en este estudio consistió en muestras de arroz maleza recolectadas durante la campaña productiva 2023/2024 y 2024/2025, provenientes de distintos sitios que abarcan toda la región arroceras de Argentina. Entre las dos campañas se lograron recolectar 103 muestras en total. Para la caracterización morfológica se evaluaron una serie de rasgos visibles de los granos, incluyendo el color de las glumelas, color del pericarpio, largo de las aristas y tipo de grano. Para la caracterización molecular, se extrajo ADN a partir de tejido foliar utilizando un protocolo Dellaporta modificado. El procedimiento incluyó ruptura celular, precipitación y purificación del ADN. Las muestras obtenidas fueron enviadas al laboratorio de Genómica de la Universidad de Buenos Aires, donde se evaluaron mediante marcadores moleculares tipo KASP las mutaciones A122T y S653A en el gen ALS, asociadas a la resistencia a imidazolinonas.

¹ Ing. Agr., INTA, Ruta provincial n 39, km 143.5, Concepción del Uruguay, Entre Ríos, durand.mariano@inta.gob.ar

² Estudiante de Agronomía. Universidad de Concepción del Uruguay, Entre Ríos, Argentina. gonzalez.franco@inta.gob.ar

³ Lic., INTA, colazo.jose@inta.gob.ar

Resultados y Discusión

Se observó una gran diversidad y combinaciones de rasgos entre las muestras evaluadas. Se lograron identificar 23 fenotipos distintos de arroz maleza a partir de las 102 muestras analizadas (Tabla 1). Los cinco fenotipos más frecuentes concentraron la mayor parte del muestreo, sumando en conjunto 66 muestras. El fenotipo 1 fue el más prevalente, con 30 muestras, y estuvo presente en las provincias de Santa Fe, Corrientes y Entre Ríos. Este fenotipo se caracteriza por presentar glumelas de color típico, pericarpio rojo, ausencia de aristas y grano de tipo mediano. En segundo lugar, el fenotipo 2 comprendió 16 muestras, recolectadas en Santa Fe, Chaco y Entre Ríos. Se distingue por tener glumelas negras, pericarpio rojo y aristas largas, con grano de tipo mediano. El fenotipo 3 presentó 8 muestras, mientras que los fenotipos 4 y 5 registraron 6 muestras cada uno.

Tabla 1. Frecuencia de los fenotipos de arroz maleza identificados a partir de la caracterización morfológica.

Fenotipo	Glumelas	Pericarpio	Aristas	Tipo de Grano	N° de muestras/fenotipo
1	Típica	Rojo	Sin Arista	Mediano	30
2	Negra	Rojo	Larga	Mediano	16
3	Típica	Rojo	Sin Arista	Largo Fino	8
4	Bronceada	Rojo	Sin Arista	Mediano	6
5	Típica	Rojo	Larga	Mediano	6
6	Negra	Rojo	Sin Arista	Mediano	5
7	Bronceada	Rojo	Larga	Mediano	4
8	Negra	Rojo	Corta	Mediano	3
9	Negra	Rojo	Larga	Largo Fino	3
10	Negra	Rojo	Media	Mediano	3
11	Típica	Rojo	Larga	Largo Fino	3
12	Bronceada	Rojo	Media	Mediano	2
13	Negra	Rojo	Corta	Largo Fino	2
14	Negra	Rojo	Sin Arista	Largo Fino	2
15	Bronceada	Rojo	Sin Arista	Largo Fino	1
16	Mezcla	Rojo	Larga	Mediano	1
17	Negra	Rojo	Media	Largo Fino	1
18	Típica	Blanco	Media	Largo Fino	1
19	Típica	Blanco	Sin Arista	Largo Fino	1
20	Típica	Blanco	Sin Arista	Mediano	1
21	Típica	Rojo	Corta	Largo Fino	1
22	Típica	Rojo	Media	Mediano	1
23	Típica	Rojo	Sin Arista	Largo Ancho	1

Para el análisis molecular se utilizaron 83 muestras de las 102 totales. La caracterización molecular permitió identificar cinco combinaciones genotípicas diferentes a partir de la detección de las mutaciones A122T y S653A en el gen ALS (Tabla 2). Del total de líneas analizadas, 62 muestras (75%) presentaron alguna de las dos mutaciones en estado homocigoto, lo que se

asocia con un fenotipo resistente a herbicidas del grupo de las imidazolinonas. En particular, 37 muestras presentaron la mutación A122T (genotipo AA), y 25 muestras la mutación S653A (genotipo AA).

Tabla 2. Genotipos identificados de arroz maleza mediante marcadores KASP.

Genotipo		Número de líneas	Fenotipo Esperado
A122T	S653A		
AA	GG	37	Resistente
GG	AA	25	Resistente
GG	GG	12	Susceptible
AG	AG	6	Segregante
AG	GG	2	Segregante
GG	AG	1	Segregante

Por otro lado, 12 muestras (15%) no presentaron ninguna de las dos mutaciones (genotipo GG en ambos loci). El resto de las muestras (18 líneas) presentó combinaciones heterocigotas. Dentro de este grupo, se destaca la presencia de individuos con ambas mutaciones (A122T y S653A) en estado heterocigota. Hallazgos similares fueron reportados por Roso et al. (2010), quienes identificaron en Brasil individuos de arroz maleza con dos e incluso tres mutaciones simultáneas en el gen ALS.

Estos resultados indican una alta frecuencia de genotipos resistentes en las poblaciones de arroz maleza evaluadas, lo que coincide con antecedentes en otras regiones donde se ha reportado flujo génico desde cultivares resistentes y/o evolución independiente de biotipos resistentes (Roso et al., 2010; Rosas et al., 2011).

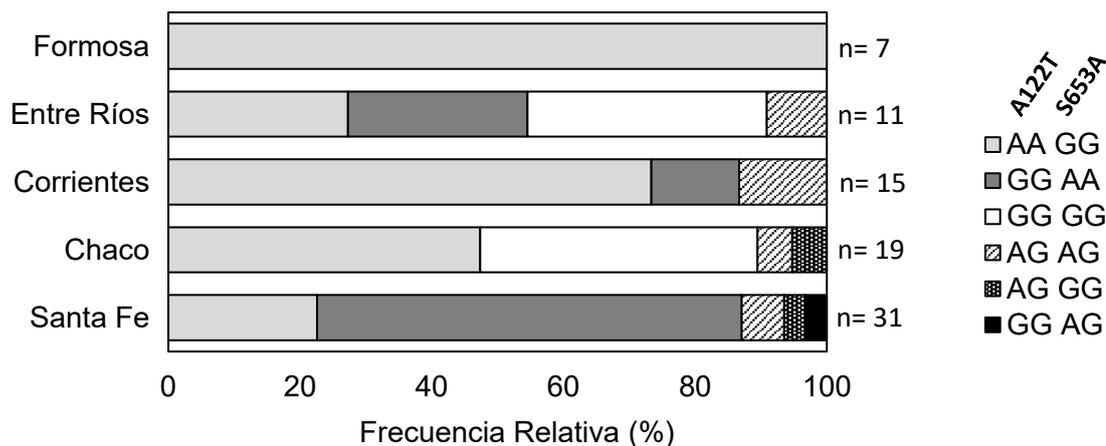


Figura 1. Distribución relativa de genotipos del gen ALS en arroz maleza

La distribución relativa de los genotipos identificados varió según la provincia de origen de las muestras (Figura 1). En Formosa, todas las muestras presentaron el genotipo AA GG, correspondiente a la mutación A122T en homocigosis. En Santa Fe se observó la mayor diversidad genotípica, con presencia de casi todas las combinaciones posibles, y se registró un alto porcentaje de individuos con la mutación S653A en homocigosis (GG AA). En Entre Ríos

también se registraron múltiples genotipos, incluyendo combinaciones heterocigotas y algunos individuos sin ninguna de las mutaciones analizadas (GG GG). En Corrientes, si bien se observó diversidad de combinaciones, todas las muestras presentaron al menos una de las dos mutaciones. En Chaco, predominaron los genotipos con una sola mutación en homocigosis, y al igual que en Entre Ríos, se identificaron individuos sin presencia de las mutaciones evaluadas.

En conjunto, estos resultados reflejan una situación de alta presión de selección y diversificación genética en las poblaciones de arroz maleza en Argentina, lo que plantea desafíos crecientes para el manejo químico y la sostenibilidad del sistema Clearfield. Cabe señalar que, si bien se identificaron 12 muestras sin ninguna de las dos mutaciones evaluadas (GG GG), esto no garantiza que estos genotipos sean susceptibles a herbicidas del grupo de las imidazolinonas. Es posible que sean realmente susceptibles, o que presenten otras mutaciones en el gen ALS u otros mecanismos de resistencia. En ese sentido, el próximo paso será realizar ensayos fenotípicos de respuesta a herbicidas, a fin de confirmar su comportamiento como susceptibles o resistentes.

Conclusiones

Se confirmó una alta diversidad morfológica en las poblaciones de arroz maleza analizadas en Argentina. Además, el 75 % de las muestras evaluadas presentó alguna de las dos mutaciones en el gen ALS en estado homocigota, lo que evidencia una alta frecuencia de genotipos resistentes a herbicidas del grupo de las imidazolinonas. Estos resultados refuerzan la necesidad de implementar estrategias integradas de manejo que contribuyan a preservar la eficacia del sistema Clearfield.

Referencias

Instituto Nacional de Semillas (INASE). Informe sobre la campaña de arroz 2023-2024. Sistema de Información Simplificado Agrícola (SISA), Ministerio de Economía, República Argentina. Disponible en: www.argentina.gob.ar/inase.

Rosas, J. E., Pérez de Vida, F., & Bonnacarrère, V. (2011). Estudio de la resistencia a imidazolinonas en arroz maleza (*Oryza sativa* L.) uruguayo por KASP SNPs. Trabajo presentado en conferencia. Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), Uruguay.

Roso, A.C., Merotto Jr, A., Delatorre, C.A., Menezes, V.G. (2010). Regional scale distribution of imidazolinone herbicide-resistant alleles in red rice (*Oryza sativa* L.) determined through SNP markers. *Field Crops Research*, 119(2-3), 175-182. doi:10.1016/j.fcr.2010.07.006.