AVALIAÇÃO MORFO-AGRONÔMICA E SELEÇÃO DE FAMÍLIAS RC_1F_3 PROVENIENTES DE CRUZAMENTOS ENTRE AS ESPÉCIES DE ARROZ CULTIVADO *Oryza sativa* E SILVESTRE *O. glumaepatula*

EVA MARIA CELIA MAMANÍ
Licenciada en Genética

Orientador: Prof. Dr. **AKIHIKO ANDO**

Dissertação apresentada à Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, para obtenção do titulo de Mestre em Agronomia, Área de Concentração: Genética e Melhoramento de Plantas.

P I R A C I C A B A

Estado de São Paulo- Brasil

Dezembro - 2002

ERRATA

Eva Maria Celia Mamaní. AVALIAÇÃO MORFO-AGRONÔMICA E SELEÇÃO DE FAMÍLIAS RC_1F_3 PROVENIENTES DE CRUZAMENTOS ENTRE AS ESPÉCIES DE ARROZ CULTIVADO *Oryza sativa* E SILVESTRE *O. glumaepatula*

p.	ítem	linha	onde se lê	leia-se
30	3.4.1	primeira	$d_{ii'}$= distância euclidiana para a observação do i-ésimo tratamento no j-ésimo caráter.	$d_{ii'}$= distância euclidiana entre o i-ésimo tratamento e i'-ésimo tratamento.
56	4.1.12	primeira	Tabela 17. Produtividade (t/ha) em cada família agrupada...	Tabela 17. Produtividade (Kg/ha) em cada família agrupada...
60	4.2.4	segunda	A análise de agrupamento realizada separou os indivíduos em oito grupos...	A análise de agrupamento realizada separou os indivíduos em seis grupos...
64	4.2.7	primeira	A análise de agrupamento separou o material em cinco grupos (Figura 22).	A análise de agrupamento separou o material em oito grupos (Figura 22).
65	4.2.8	primeira	Esta análise separou três grupos,...	Esta analise separou quatro grupos,...

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
DIVISÃO DE BIBLIOTECA E DOCUMENTAÇÃO - ESALQ/USP

Mamani, Eva Maria Celia
Avaliação morfo-agronômica e seleção de famílias RC_1F_3 provenientes de cruzamentos entre as espécies de arroz cultivado *Oryza sativa* e silvestre *O. glumaepatula* / Eva Maria Celia Mamani. - - Piracicaba, 2002.
80 p. : il.

Dissertação (mestrado) - - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 2002.
Bibliografia.

1. Cereais 2. Cruzamento vegetal 3. Genética vegetal 4. Germoplasma vegetal 5. Melhoramento genético vegetal 6. Variação genética em plantas 7. Variedades vegetais I. Título

CDD 633.18

"Permitida a cópia total ou parcial deste documento, desde que citada a fonte – O autor"

A Papá, la estrella que me guia

A mi Madre e hermanos, por ellos late mi corazón

A los idealistas, con ellos levanto mi bandera

A los que luchan, con ellos atravieso montañas

A los que creen, de ellos nace mi fe

A los que no se rinden, de ellos nace mi esperanza

A los que construyen, les entrego mis manos

A los humildes de corazón, les entrego mis ideas

A los que entregan su vida cada mañana, levanto mi voz para cantar...

"Permanecer y transcurrir, no es perdurar, no es existir, ni honrar la vida.
Hay tantas maneras de no ser, tanta conciencia, sin saber, adormecida.
Merecer la vida no es callar y consentir tantas injusticias repetidas.
Es una virtud, es dignidad, y es la actitud de identidad más definida.

Permanecer y transcurrir, no siempre quiere sugerir honrar la vida.
Hay tanta pequeña vanidad en nuestra tonta humanidad enceguecida.
Merecer la vida es erguirse vertical más allá del mal, de las caídas.
Es igual que darle a la verdad y a nuestra propia libertad la bienvenida.

Eso de durar y transcurrir no nos da derecho a presumir ,
porque no es lo mismo que vivir... honrar la vida!"

Eladia Blazquez

AGRADECIMENTOS

- Ao Prf. Dr. Akihiko Ando, pela orientação e incentivo durante a execução deste trabalho.
- A Prof. Dra. Elizabeth Veasey pelo apoio e ajuda no término deste trabalho.
- Ao Prf. Dr. Antonio Figueira pela confiança depositada em min durante minha formação científica, pela sua amizade e constante apoio.
- A meus colegas do Laboratório de Ecologia evolutiva e Genética Aplicada pelo incentivo e por contribuírem com meu amadurecimento científico.
- A Amaral, meu "braço direito", que com sua ajuda e constante preocupação foi possível a realização deste trabalho.
- Aos Professores do Dpto de Genética, ESALQ-USP, pelo conhecimento transmitidos, que me proporcionaram uma nova visão cientifica. Obrigada.
- Ao Prof. Roland Vencovsky pelo seu estímulo, preocupação e cordialidade durante estes anos acadêmicos.
- Aos funcionários do Dpto de Genética, ESALQ-USP, pela constante colaboração.
- Aos colegas do curso de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pelo conhecimento compartilhado e por ajudarem no meu crescimento científico durante estes anos.
- Em especial a meus amigos, Thaís, Inez, Roberta, Noemí, Luciana, Esteban, Alexandre e Maninha, por compartilharem comigo cada passo ao meu amadurecimento científico, profissional e pessoal. Pêlos momentos compartilhados, Obrigada!!!
- A Pao, Estrella, Nuri, Caro, Andrés, Ulises, Carito, Eleo, meus amigos de sempre e para sempre, que acompanharam e irão me acompanhar em cada aventura, a onde quer que estejam.
- A Raiza, minha "hermanita" e companheira, pelas aventuras inesquecíveis.

- Ao Lucio, meu irmão e amigo, pelas discussões científicas que sempre me mantiveram sedenta de conhecimento.
- A Jorge e Maria pela disposição constante e amizade, obrigada pêlos seus conselhos!!
- Ao povo brasileiro pela sua cordial acolhida.
- Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Cientifico e Tecnológico (CNPq) pelo apoio financeiro.

SUMÁRIO

	Página
RESUMO	viii
SUMMARY	X
1 INTRODUÇÃO	1
2 REVISÃO DE LITERATURA	4
2.1 Historia do cultivo de arroz do Brasil	4
2.2 Melhoramento de arroz	9
2.2.1 Sistemas de cultivo	9
2.2.2 Principais caracteres agronômicos	11
2.2.3 Objetivos do Melhoramento	13
2.3 Base genética do arroz	15
2.4 Espécies do gênero *Oryza*	17
2.5 Melhoramento usando espécies selvagem	20
2.5.1 Espécies selvagens como fonte de variabilidade	20
2.5.2 Híbridos interespecíficos	21
2.5.3 Introgressão de genes de espécies selvagens	23
3 MATERIAL E MÉTODOS	24
3.1 Material genético	24
3.2 Delineamento experimental	26
3.3 Avaliação de caracteres agronômicos	28
3.4 Analise estatística	29
3.4.1 Analise de agrupamento	29
3.4.1.1 Medida de dissimilaridade	30
3.4.1.2 Método UPGMA	31
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	32
4.1 Caracteres agronômicos	32

4.1.1 Altura de planta..... 33
4.1.2 Ângulo do colmo..... 35
4.1.3 Ciclo de Florescimento..... 36
4.1.4 Dregranação..... 39
4.1.5 Número médio de panículas por plantas..... 40
4.1.6 Comprimento da panícula..... 42
4.1.7 Comprimento e largura de folha bandeira..... 44
4.1.8 Numero de espiguetas por panículas..... 47
4.1.9 Ausência de arista..... 49
4.1.10 Cor da casca..... 52
4.1.11 Fertilidade..... 53
4.1.12 Produtividade..... 55
4.2 Divergência entre famílias pela análise de agrupamento..... 57
4.2.1 Grupo RC1-08..... 57
4.2.2 Grupo RC1-12..... 58
4.2.3 Grupo RC1-14..... 59
4.2.4 Grupo RC1-33..... 60
4.2.5 Grupo RC1-41..... 62
4.2.6 Grupo RC1-49..... 63
4.2.7 Grupo RC1-52 64
4.2.8 Grupo RC1-59..... 65
4.2.9 Considerações gerais sobre a análise de agrupamento..... 66
4.3 Seleção visual de Famílias promissoras..... 67
5 CONCLUSÕES..... 73
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÄFICAS 74

AVALIAÇÃO MORFO-AGRONÔMICA E SELEÇÃO DE FAMÍLIAS RC_1F_3 PROVENIENTES DE CRUZAMENTOS ENTRE AS ESPÉCIES DE ARROZ CULTIVADO *Oryza sativa* E SILVESTRE *O. glumaepatula*

Autora: EVA MARIA CELIA MAMANÍ
Orientador: Prof. Dr. AKIHIKO ANDO

RESUMO

A utilização de espécies selvagens como doadoras de variabilidade é uma das estratégias utilizadas no últimos anos como alternativa viável para espécies que possuem base genética estreita. A espécie de arroz cultivada, *Oryza sativa*, de ampla distribuição, também viu afetada sua variabilidade pelos intensivos programas de melhoramento, no Brasil e em todos os países produtores de arroz a nível mundial. A utilização repetida de poucas cultivares elite como progenitores para a formação de novas variedades é indicada como a principal causa deste estreitamento. Na Bacia Amazônica se localizam quatro espécies do gênero *Oryza*, sendo três tetraplóides e uma diplóide, *O. glumaepatula*. Esta última possui grande potencialidade como doadora de variabilidade devido à similaridade do seu genoma com a espécie cultivada, além de estar adaptada as condições climáticas do Brasil. Cruzamentos interespecíficos são possíveis entre as duas espécies. No entanto, os indivíduos derivados apresentam uma performance distante de variedades modernas porque neles se conjugam novamente alguns caracteres eliminados durante o processo de domesticação da espécie. O objetivo deste trabalho foi selecionar famílias RC_1F_3 promissoras que tenham recuperado a maioria dos caracteres de interesse agronômico e identificar genótipos transgressivos para alguns deles. Devido à limitada

disponibilidade de sementes produzidas durante a geração anterior, as famílias foram avaliadas em blocos aumentados em condições de campo irrigado. Foram avaliados 13 caracteres morfológicos de interesse agronômico como altura, deiscência, comprimento da panícula, número de espiguetas por panícula, entre outros. Também foi estimada a produtividade de grãos para cada família. Análises de agrupamento também foram realizadas, utilizando a distância Euclidiana como medida de dissimilaridade e método UPGMA (Unweighted pair group method with arithmetic average), onde foram estabelecidas as relações entre o material avaliado, as famílias avaliadas e o parental recorrente (variedade IAC 102) e outras variedades utilizadas como controle. Em geral, as famílias avaliadas apresentaram uma performance menor que o parental recorrente. No entanto, observou-se fenótipos transgressivos para alguns caracteres como comprimento de panícula, número de espigueta por panícula, comprimento e largura de folha bandeira. Foram observadas famílias de porte baixo e maior comprimento de panícula, indicando que a correlação existente entre altura e comprimento de panícula foi quebrada nesta geração Algumas famílias apresentaram produtividade superior em relação ao parental recorrente, até 45% a mais que a variedade IAC 102. Os dendrogramas obtidos através da análise de agrupamento permitem inferir a existência de uma divergência importante entre as famílias F_3 e as variedades utilizadas na comparação. Foi possível a separação de grupos definidos pela combinação de caracteres divergentes. No total, 27 famílias foram selecionadas por apresentarem uma performance semelhante ao parental recorrente, ou por possuir caracteres de interesse para serem introgredidos nas cultivares de arroz, como maior número de espiguetas por panícula ou produtividade superior. A obtenção de fenótipos transgressivos indicam a presença de alelos favoráveis na espécie silvestre *O. gluamaepatula*, mostrando seu grande potencial nos programas de melhoramento como fonte de caracteres de interesse.

MORPHO-AGRONOMIC EVALUATION AND SELECTION OF BC_1F_3 FAMILIES DERIVED FROM CROSSINGS OF RICE BETWEEN CULTIVATED *Oryza sativa* AND WILD SPECIES *O. glumaepatula*.

Author: EVA MARIA CELIA MAMANÍ
Adviser: Prof. Dr. AKIHIKO ANDO

SUMMARY

The utilization of wild species as donors of variability is one of the strategies used in the last years as a viable alternative for species that present a narrow genetic base. The genetic variability of the cultivated species, *Oryza sativa*, of wide distribution, has also been affected by the intensive breeding programs, in Brazil, and at all the other rice producing countries. The repetitive use of few elite cultivars as progenitors in the establishment of new varieties is indicated as the main cause of this narrow genetic base. In the Amazon Basin, four species of the genus *Oryza* occurs naturally, three tetraploid and one diploid species, *O. glumaepatula*. The latter presents great potentiality as donor of variability due to the genome similarity with the cultivated species, besides being well adapted to the Brazilian climatic conditions. It is possible to obtain interspecific crosses between both species. However, individuals derived from these crossings present a performance which is distant from the modern varieties, as those characters eliminated during the domestication process tend to appear once more in the same individual. The objective of this study was to select promising BC_1F_3 families that have recovered most of the characters of agronomic interest and identify transgressive genotypes for some of these characters. Due to the low availability of seeds produced during the previous generation, the families were evaluated in

augmented blocks under field conditions. Thirteen morphological characters of agronomic interest were evaluated, such as plant height, shattering, panicle length, spikelet number per panicle, among others. Grain productivity was also estimated for each family. Cluster analysis were also conducted, using Euclidean distance as a measure of dissimilarity and the UPGMA (Unweighed pair group method with arithmetic average) method, where the relationship among the families and the recurrent parent (IAC 102 variety) as well as the other commercial varieties used as controls were established. In general, the evaluated families presented a lower performance than the recurrent parent. However, transgressive phenotypes were observed for some characters such as panicle length, spikelet number per panicle, length and width of the flag leaf. Families of lower height and higher panicle length were observed, indicating that the correlation among plant height and panicle length was broken in this generation. Some families presented a superior productivity in relation to the recurrent parent, up to 45% higher than IAC 102 variety. The dendrograms obtained in the cluster analysis allows us to infer on the existence of important divergence among F3 families and the varieties used for comparison. It was possible to separate groups defined by the combination of divergent characters. In total, 27 families were selected for presenting a similar performance to the recurrent parent, or for possessing characters of interest to be introgressed into rice cultivars, such as a higher spikelet number per panicle or superior productivity. The finding of transgressive phenotypes indicate the presence of favorable alleles in the wild species *O. glumaepatula*, showing its great potential for breeding programs as a source of characters of interest.

1 INTRODUÇÃO

O arroz é um dos principais cultivos do mundo e possui o privilégio de ser o mais importante na alimentação humana. Pela sua importância social e nutricional, é cultivado na maioria dos países consumidores sendo o segundo cultivo de maior área plantada no planeta. O arroz constitui a base alimentar da população brasileira. O consumo médio nos últimos dez anos foi estimado em 11,550 milhões de toneladas, já a produção media anual é estimada em 10,290 milhões de toneladas no mesmo período. Estes números evidenciam a deficiência que existe para cobrir a demanda deste cereal no mercado atual, embora seu cultivo ocorra em todo o território nacional. O déficit de produção presente nos últimos anos colocou o País numa condição de importador, principalmente do Uruguai e Argentina.

O arroz é cultivado em vários ambientes relacionados a topografia e ao regime hídrico disponível. No caso, a rizicultura brasileira é conduzida sob três sistemas básicos: irrigado predominante no Estado do Rio Grande do Sul; sequeiro, predominantemente nas regiões Sudeste e Centro Oeste; várzea úmida, restrita as áreas vazantes sem possibilidades de sistematização. Quanto à área plantada e à produtividade nos três sistemas, o sistema irrigado representa 30% da área (56% da produção nacional) tendo produtividade média de 4,5 toneladas por hectare; o sistema de sequeiro representa 66% da área plantada (41% da produção), atingindo produtividade média de 1,9 toneladas por hectare; já o sistema de várzea úmida representa apenas 4% da área plantada (3% da produção), revelando produtividade média de 1,9 toneladas por hectare.

A cultura de arroz na história do Brasil passou a ter uma importância econômica relevante alcançando um período de grande exportação. Isto foi conseguido graças aos programas de melhoramento que vêm sendo realizados durante várias décadas. Entre os maiores avanços se encontra o progresso na produtividade obtido

pelas cultivares de arroz irrigado em Santa Catarina, que num período de 10 anos aumentou cerca de 70 %. Este grande salto ocorreu pela introdução da cultivares descendentes da cultivar IR8 que apresentava um porte anão e alta produtividade. No entanto para obtenção das cultivares modernas foram empregadas excessivamente cultivares avançadas como fonte principal de genes. É conhecido que o estreitamento da base genética provoca limitações no ganho genético e por tanto vulnerabilidade a mudanças ambientais.

Durante as últimas décadas, houve preocupação dos melhoristas para conhecer a amplitude da base genética das cultivares recomendadas para cada tipo de sistema. Os estudos genealógicos realizados sobre as cultivares brasileiras confirmam que poucos ancestrais constituem de 60% a 70% do pool gênico (Montalvan, et al.; 1998). Houve tentativas de aumentar o número de ancestrais, mas para as cultivares de arroz irrigado no Rio Grande do Sul, apenas seis contribuem com 86% do pool gênico, sendo que algumas delas apresentam o mesmo pedigree (Rangel, et al.; 1996). Esta situação pode estender-se também às cultivares da América Latina, devido ao fato que na maioria dos programas de melhoramento destes países utilizou-se como base o germoplasma introduzido pelo CIAT (Centro Internacional de Agricultura Tropical) e o IRRI (International Rice Research Institute).

A limitada variabilidade genética das cultivares lançadas é resultado da maximização da endogamia no processo de desenvolvimento de linhagens e o restrito número de progenitores usados nos programas de melhoramentos. Embora a uniformidade alcançada pelo desenvolvimento das linhagens tenha sido bastante atraente, este mecanismo provocou que as cultivares modernas entraram num platô de produtividade. Na tentativa de superar este patamar, foram realizados cruzamentos sem considerar a divergência gênica dos parentais, o que trouxe como conseqüência um estreitamento na base genética, expondo a cultura a uma vulnerabilidade genética contra pragas, patógenos e outros fatores estressantes. Devido a isto se torna necessário a introdução de novas variantes alélicas que permitam a obtenção de novos genótipos com produtividade similar ou maior obtida até o momento.

Varias estratégias podem ser traçadas com este fim. Entre elas pode se mencionar a introdução de um germoplasma exótico em cruzamentos múltiplos com materiais elite que apresentem baixo nível de parentesco, e a utilização de genitores diferentes ou a sintetização de populações de base ampla. Também pode-se

mencionar a utilização de espécies relacionadas. Na última década, tem sido de grande interesse estudá-las com o intuito de identificar genes de interesse que tenham sido perdidos no processo de domesticação. Alguns passos nessa direção foram alcançados com sucesso, como a identificação e introgressão de genes de resistência (Jena & Khush, 1990; Amante-Bordeos et al., 1992), e mais recentemente a obtenção de genótipos transgressivos (Xiao et al., 1998)

Tendo-se em conta a ocorrência de algumas espécies selvagens ao longo da Bacía Amazônica, foram realizadas coletas de germoplasma tentando reunir a maior quantidade possível de materiais em diversos tipos de habitat. No Departamento de Genética, ESALQ-USP, foram introduzidos no banco de germoplasma os materiais coletados em 32 locais ao longo do Rio Negro e 112 locais ao longo do Rio Solimões (Ando, 1998). Foram coletados também materiais da bacia do Rio Pilcomayo no Paraguay e o do nordeste Argentino (Ando et al., 1999). Estes materiais atualmente estão sendo analisados tanto para seus caracteres morfológicos, marcadores isoenzimaticos e de DNA.

Novos programas de melhoramento de arroz, utilizando estas espécies como fonte de variabilidades genética, foram iniciados em algumas instituições, como o Centro de Arroz e Feijão- EMBRAPA. No Departamento de Genética, ESALQ-USP, foram realizados com sucesso cruzamentos interespecíficos entre a espécie de arroz cultivada *Oryza sativa* e a selvagem *Oryza glumaepatula*. As plantas híbridas foram retrocruzadas com o parental *Oryza sativa*, obtendo-se indivíduos RC_1

O objetivo deste trabalho foi multiplicar o material de RC_1F_1 avançando gerações (RC_1F_3), identificar e avaliar caracteres de interesse agronômico para a geração RC_1F_3 e selecionar famílias com potencialidade para novos cruzamentos.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 História do cultivo de arroz no Brasil

A cultura de arroz é uma das mais antigas e sua dispersão ao redor do mundo foi um processo de expansão ininterrupto. São duas as espécies domesticadas de arroz: *Oryza glaberrima*, restrita a região sudeste da África e *Oryza sativa*, de ampla distribuição.

A origem de *Oryza glaberrima* é localizada no oeste africano no delta central do Rio Niger. A domesticação desta espécie teria começado no próprio centro de origem no ano 1500 A.C. e sua dispersão se limita a essa região. O cultivo desta espécie está diminuindo e na atualidade substituído por variedades asiáticas mais adaptadas.

Oryza sativa tem origem no sudeste asiático. Os primeiros registros de seu cultivo foram encontrados na China no ano 3000 A.C., onde se considerava o início do plantio como uma cerimonia religiosa reservada ao Imperador. Da China, ele teria sido introduzido na Coréia e logo no Japão, posteriormente seria introduzido nas Filipinas. No ano 320 A.C., foi levado ao mediterrâneo por Alejandro Magno quando o Império Persa invadiu a Índia, no entanto os gregos o introduziram em primeira instância. Os árabes foram muito eficientes na expansão da cultura. No século IX A.C, o arroz foi introduzido no Egito, disseminando-se ao longo da África Oriental. Durante a invasão na Península Ibérica, os árabes novamente introduziram a cultura no continente europeu através da Espanha. Não se sabe com precisão como foi introduzido nas Américas, mas estima-se que foi durante a segunda viagem de Cristóvão Colombo. Finalmente, os holandeses e portugueses introduziram o arroz na América do Norte nos finais do século XVII D.C..

Existem relatos que o arroz já era cultivado no Brasil antes da chegada dos portugueses, provavelmente tratava-se do arroz silvestre, que durante certo tempo

alguns autores o confundiam com a espécie *Oryza sativa*. Este fato foi registrado em alguns documentos que comentavam sobre a flora e fauna do Brasil no início do século XVIII. Muitos deles relatam a existência de um arroz vermelho que crescia espontaneamente na região que atualmente corresponde ao Pará chegando até o Pantanal Matogrossense. Estes relatos coincidem com a distribuição das espécies silvestres brasileiras confirmando que se tratava das mesmas. Também deve mencionar-se que os índios tupis conheciam este cereal com o nome de 'abatii', que significa milho miúdo. Este arroz foi consumido durante um tempo também pelas classes sociais que não podiam comprar o arroz que vinha de Portugal. Durante muito tempo o arroz silvestre serviu de base alimentar para a população Brasileira com escassos recursos. Isto se estendeu até aproximadamente o início do século XVIII quando a produção do arroz começava a fazer parte da economia do País. A baixa aceitação do arroz silvestre não permitiu sua expansão como cultura, embora ele crescesse em grandes quantidades e muitas vezes tenha sido recomendado para suprir a carência alimentar dos indígenas e dos imigrantes pobres (Pereira, 2002).

O arroz cultivado foi introduzido no Brasil pela primeira vez na Bahia, no entanto, existem controvérsias quanto a sua procedência. Segundo a recopilação feita por Pereira (2002), a rota mais provável seria através das Ilhas do Cabo Verde. Este arquipélago foi, na época da colônia, um entreposto comercial que teve um papel importante na disseminação e no comercio de várias culturas, inclusive o arroz. Os escravos africanos também contribuíram para que este cereal se expandisse ao longo do continente americano.

A primeira variedade cultivada, chamada de 'Arroz da Venecia', teria sido trazida desde Venecia, Itália. Tratava-se de um arroz vermelho, que era confundido com o arroz silvestre que também era vermelho. Essa denominação foi adotada para distinguí-la do arroz silvestre que passou a chamar de 'Arroz da terra'. Estudos recentes de similaridade, através de marcadores moleculares sob alguns acessos de arroz vermelho e as espécies cultivadas, demostraram que os acessos apresentam grande semelhança com a espécie cultivada *Oryza sativa* (Lins & Ferreira, 2000). Estes resultados revelaram que a espécie introduzida correspondia a *Oryza sativa* e não *Oryza glaberrima*, como se suspeitava, dada a influência dos escravos africanos no consumo deste cereal. O arquipélago de Cabo Verde teria sido apenas uma ponte para a disseminação deste arroz no Brasil.

O cultivo do arroz vermelho, o arroz da Veneza no Maranhão, se estendeu até 1766, quando foi substituído por uma variedade de arroz branco, chamado de 'Arroz da Carolina'. Houve grande resistência para cultivar a variedade de arroz branco, mas foi graças a ele que o Brasil conseguiu sua primeira exportação para Portugal. O arroz branco já era consumido na Europa e tinha maior preferência. Nessa instância, o arroz figurou no segundo lugar da pauta de exportações de toda a Colônia, perdendo para o açúcar. Posteriormente a cultura do arroz foi estendendo-se a outros estados.

A produção de arroz como atividade econômica só teve início a partir da metade do século XVIII. Em 1781, a produção do arroz no Brasil era suficiente para cobrir a demanda interna e exportar o excedente para a Lisboa. No entanto, no início do século XIX, a produção caiu tanto que foi necessária a importação de arroz da Índia para suprir o seu consumo. Isto teria ocorrido por diversos fatores tais como, a falta de espaço para a cultura, os altos preços dos escravos e a resistência dos habitantes da mata.

Apesar da Bahia ter sido o berço do arroz cultivado nunca conseguiu alcançar grande expressão na produção nacional, sendo considerado hoje o segundo estado importador de arroz, depois do Ceará. Já o Maranhão passou por vários ciclos de expansão e retração da cultura, ocupando hoje o quarto lugar na produção nacional.

A produção do arroz, no Espírito Santo, teve alguma importância no início do século XIX, já que fornecia arroz tanto para a Bahia como para o Rio de Janeiro. No entanto, este fato não se prolongou por muito tempo, e com o decorrer do tempo deixou de ter alguma relevância, e atualmente não consta entre os primeiros 20 principais estados produtores de arroz.

A capitânia do Rio do Janeiro, junto com as de Maranhão e Ceará nos finais do século XVIII, foi responsável pela produção de um dos maiores volumes de arroz do Brasil. Mas ao longo dos anos, a produção desta cultura foi decaindo, até que na atualidade este estado se encontra entre os de menor produção.

A medida que a cultura do arroz diminuía nesses estados, outros começaram a surgir como provedores deste cereal. Entre eles se destaca o Estado de São Paulo. Segundo o que relata Pereira (2002), a primeira exportação registrada neste estado ocorreu no ano 1970 com destino a Lisboa. Isto demonstrava que este cereal deixava de ser uma cultura doméstica para fazer parte importante na economia do estado. A produção de arroz aumentou ao longo dos anos, tanto que em 1945, São Paulo era o

maior produtor de arroz do País. Naquela época junto com Minas Gerais, Rio Grande do Sul e Goiás, os três Estados eram responsáveis por 80% do total da produção de arroz. Mais tarde, como ocorreu com o Estado de Rio de Janeiro, esta atividade entrou em constante decadência com alguns períodos ascendentes, como se observa na Figura 1.

O sistema de cultivo característico do Estado de São Paulo é, até os dias de hoje, o de sequeiro. Isto poderia ser considerado uma das causas da diminuição devido a sua instabilidade como cultura e total dependência do regime de precipitações. Neste estado, a rizicultura foi substituída por outras culturas como a laranja, a soja e a cana de açúcar, que apresentavam uma maior rentabilidade. Atualmente esta situação transformou o Estado de São Paulo no maior importador de arroz de todos os Estados da Federação.

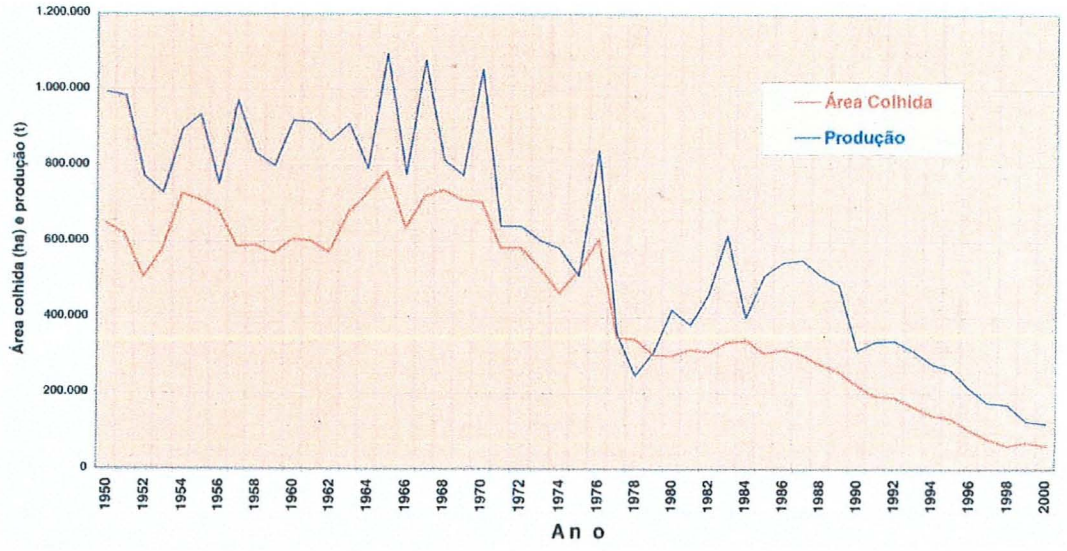


Figura 1 - Evolução da área colhida de arroz no Estado de São Paulo, no período de 1950 a 2000.

Fonte: Pereira (2002)

O Estado de Minas Gerais também teve seu momento de auge na produção de arroz, uma vez que no ano 1945 era o segundo estado em importância de produção. No entanto, a evolução da cultura teve o mesmo destino que o Estado de

São Paulo, que gradativamente foi substituída por outras culturas de exportação como o café e a soja. A mesma situação se aplica ao Estado de Goiás onde a cultura de arroz foi destituída pela soja, após ser o quarto maior produtor no inícios do século XX.

Durante muito tempo, os estados do sul do Brasil, como Santa Catarina e Rio Grande do Sul, não apresentavam registros importantes na produção de arroz. A cultura de arroz nestes Estados foi introduzida inicialmente por imigrantes açorianos, mas só a partir de 1824 começou a surgir na economia deste estado, junto com a chegada de colonos alemães. Ao final do século XIX, a cultura se restringia apenas ás suas colônias como cultura doméstica e de autoconsumo. No entanto, mediante a utilização de 'rodas de caçambas', é que a cultura que inicialmente era de tipo sequeiro passou a ser irrigada. O tecnicismo apresentado pelos agricultores gaúchos provavelmente foi a principal causa de que este Estado, ao passar dos anos, convertera-se no maior produtor do País (Pereira , 2002). O aumento na produção seguiu uma linha ascendente para o Estado de Rio Grande do Sul e Santa Catarina. Isto se observa claramente na Figura 2 onde se apresentam os valores de produção e área colhida nos últimos 50 anos para o Estado de Santa Catarina. Em 1915, Rio Grande do Sul tornou-se o segundo maior produtor, e hoje é responsável pela 74% da produção total do País.

Em linhas gerais, a cultura de arroz foi se expandindo ao longo do território nacional, adaptando-se a diversos ambientes. Ela ocupou e ocupa um papel preponderante na economia da maioria dos estados do Brasil. Desde os começos da história deste País o arroz formou parte do dia a dia de seus habitantes, quer pelo consumo do arroz silvestre ou quer pela introdução das variedades asiáticas constituindo hoje a base alimentar de todos seu povo. Os aumentos registrados na produção denotam a importância socio-econômica que esta cultura adquiriu ao transcorrer do tempo.

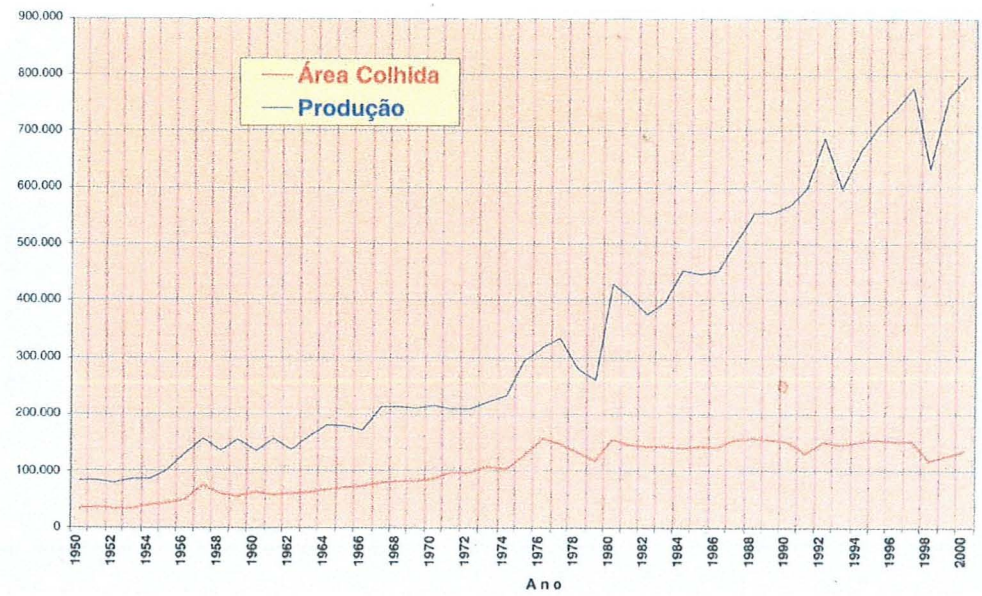


Figura 2 - Evolução da área colhida y de produção de arroz no Estado de Santa Catarina no período de 1950 a 2000.

Fonte: Pereira (2002)

2.2 Melhoramento de arroz

2.2.1 Sistemas de cultivo

O arroz é cultivado em vários ambientes relacionados a topografia e ao regime hídrico. A condição aeróbica ou anaeróbica do desenvolvimento radicular da planta divide os sistemas de cultivo em dois tipos: de várzea ou de terras altas. No sistema de várzea, a condição anaeróbica se dá pela inundação do sistema radicular, já nas terras altas o solo é seco e o desenvolvimento radicular ocorre de forma aeróbica, porem a disponibilidade da água para o cultivo é dada pelas precipitações da região. Segundo estes parâmetros, Guimarães & Sant'Ana (1999), dividem o cultivo de arroz nos seguintes sistemas:

- *Irrigado por inundação controlada:* consiste numa várzea sistematizada com controle da lamina de água.
- *Várzea úmida:* consiste numa área em baixada (várzea) que mantêm um certo grau de umidade por acumulação de precipitações.

- *Sequeiro tradicional:* nele a disponibilidade de água se restringe a precipitação da região. É cultivado em zonas donde o regime de precipitações ocorre no período de outubro a abril.
- *Sequeiro por aspersão:* além das precipitações a disponibilidade de água é suplementada por aspersão.

O sistema de arroz irrigado se concentra em 4 pólos: o maior se localiza nos Estados de Rio Grande do Sul e Santa Catarina; o segundo nos Estados de Minas Gerais, Rio de Janeiro, São Paulo e Mato Grosso do Sul; o terceiro nos perímetros irrigados dos Estados de Ceará e Piauí; por último, o quarto, no Estado de Goiás. O cultivo de várzea úmida se localiza nos Estados de Minas Gerais, Rio de Janeiro, Espirito Santo e alguns estados da Região Norte. O arroz de sequeiro é plantado principalmente nos estados das regiões norte, nordeste e centro oeste do País. A forme de cultivo mais utilizada no Estado de São Paulo, é a de sequeiro.

A produção do arroz irrigado corresponde a 55,4 % do total produzido, sendo a produção do arroz de sequeiro corresponde a 41,5%, e a de várzea úmida 3,1%. No que se refere a área plantada, o arroz irrigado ocupa 30,1% da área total, o arroz sequeiro 66,1% e o arroz de várzea úmida 3,8 %. Se compararmos a área plantada e a produção, encontramos uma relação inversa entre o arroz irrigado e o arroz sequeiro. Assim, o arroz irrigado apresenta maior produtividade numa área menor que o arroz sequeiro. Esta relação permite visualizar o progresso realizado na produção, nos últimos anos, para o arroz irrigado. Isto porque, a partir de década do 80, as variedades lançadas no Rio Grande do Sul aumentaram cerca de 15 % na produção, já no Estado de Santa Catarina, o aumento foi de 66%. O progresso genético alcançado, e as melhorias nas técnicas de manejo da cultura, permitiram que a produção nesse último estado, compensasse a diminuição do cultivo que ocorreu na Região Centro Oeste do País.

Apesar do constante aumento na produção do arroz no Brasil, nas últimas décadas, não se tem conseguido acompanhar o aumento da demanda interna deste cereal. Na Tabela 1, estão representados os valores de produção de arroz sem casca e consumo total, no período de 1990-2000.

O estado atual da cultura de arroz requer que novas estratégias nos programas de melhoramento sejam traçadas com o intuito de suprir as necessidades atuais. Várias causas podem ser atribuídas, entre as quais se destacam o platô de

produtividade presente nas cultivares de arroz irrigado, e os poucos ganhos obtidos no sistemas de sequeiro, causado pela falta de cultivares altamente adaptadas.

Tabela 1. Valores de produção, importação, consumo, consumo per capita, exportação e estoque do arroz sem casca no Brasil (t/ha), no período de 1990 a 2000.

Ano	Produção	Importação	Consumo	Consumo per capita	Exportação	Estoque
1990-91	9.996.800	1.296.600	11.220.000	76.4	2.100	2.748.600
1991-92	10.102.800	732.300	11.332.200	76.1	5.100	2.246.400
1992-93	9.902.800	1.011.567	11.445.500	75.9	5.700	1.709.567
1993-94	10.522.800	1.682.981	11.560.000	75.6	2.600	2.352.748
1994-95	11.237.300	1.017.942	11.594.680	74.9	16.350	2.996.960
1995-96	10.037.400	1.137.739	11.629.464	74.0	11.650	2.530.985
1996-97	9.524.000	1.222.650	11.664.352	73.3	6.490	1.606.793
1997-98	8.462.900	2.073.315	11.664.352	72.3	2.000	476.655
1998-99	11.582.200	1.310.100	11.699.345	71.6	30.000	1.639.510
1999-2000	11.533.800	885.000	11.700.000	70.8	85.000	2.273.310

Fonte: FNP Consultora e Comercio (2001)

2.2.2 Principais caracteres agronômicos

Os programas de melhoramento visam facilitar a atividade do agricultor para aumentar o rendimento da área plantada. Entre os principais caracteres que determinam os programas de melhoramento na cultura do arroz, pode-se enumerar os seguintes:

- *Nanismo:* este ocorre quando a altura da planta no momento da maturação é menor que o normal. Segundo Futsuhara & Kikuchi (1997), este caracter pode ser classificado em três níveis: semianãs, anãs e extremamente anãs. Além de fornecer um porte menor, é um caráter que se correlaciona com o acamamento, a elevada resposta ao nitrogênio e a produção. Este caráter pode ser selecionado a nível de plântulas e, na planta adulta, as folhas verde-azuladas e perfilhamento denso constituem a forma visível de seleção.

- *Vigor vegetativo:* são selecionados genótipos capazes de crescer rapidamente para preencher os espaços entre plantas sem produzir sombras nas linhas laterais. Uma planta forte apresenta pouco ou nenhum acamamento.
- *Perfilhamento:* Alto perfilhamento devido a correlação positiva com produção e porte baixo.
- *Características foliares:* Procura-se folhas eretas que evitem formar sombra nas linhas laterais. Pela mesma razão, folhas curtas e largas são mais favoráveis que folhas compridas e estreitas que se mantém mais eretas. A rigidez da folha é desejável em locais onde os ventos são mais fortes. A folha bandeira é importante durante a produção do grão porque ela fornece os nutrientes para a maturação, além de conferir proteção dos predadores. O comprimento e o ângulo com respeito ao eixo da panícula é importante.
- *Panícula:* Corresponde a inflorescência da planta. Como é um caráter diretamente relacionado à produção, diversos parâmetros dentro da mesma devem ser avaliados. Existe uma relação inversa entre o comprimento da panícula e o perfilhamento; quanto menor o perfilhamento maior o comprimento da panícula. As panículas devem ser compactas devido a correlação existente entre a abertura e a deiscência dos grãos. A fertilidade da panícula não deve ser menor de 85%, porque percentagens menores diminuem a produção.
- *Arista:* A arista é uma prolongação da espigueta que, nas espécies selvagens, permite a dispersão das sementes. A seleção é para grãos sem arista porque facilita a degranação e descascar o grão
- *Degranação:* Refere-se a deiscência do grão da panícula e depende da aderência da espigueta ao pedicelo. Procura-se uma alta resistência a degranação para evitar perdas na produção durante a colheita.
- *Qualidade do grão:* Existem quatro tipos de grãos: extra longo, longo, meio e curto segundo o seu cumprimento, e fino, meio, oval e redondo segundo sua forma. Os grãos curtos e meios se partem com maior facilidade durante a retirada da casca, assim como os grãos ovalados. A seleção do tipo de grão depende do mercado. Outra característica do grão a ser selecionada é a aglutinação. As cultivares podem ser glutinosas e não glutinosas de acordo com a relação de amilose e amilopectina no grão. Grãos glutinosos apresentam baixa percentagem de amilosa, entre 1 e 2%, e os não glutinosos apresentam uma alta porcentagem, entre 13 e 32%.

2.2.3 Objetivos do melhoramento

As metas a serem alcançadas pelos programas de melhoramento variam conforme o sistema de cultivo. Isto é porque cada sistema ocupa ambientes contrastantes. Os programas desenvolvidos combinam vários objetivos ao mesmo tempo, tentando resolver os problemas de maior relevância.

Os objetivos que podem ser mencionados para o arroz irrigado são:

- Aumento da produtividade: Tem sido alcançado satisfatoriamente nos últimos anos nos estados de Santa Catarina e Rio Grande do Sul.
- Resistência a doenças: Principalmente brusone a qual se distribui ao longo do País e ataca as partes áreas da planta, causando grande perda na produção quando se localiza nas panículas, seguida da doença mancha parda que também ataca as panículas reduzindo a produção e qualidade do grão.
- Redução do acamamento: Para evitar que os grãos entrem em contato com o solo úmido deste sistema de cultivo causando perdas na produção.
- Qualidade do grão: Depende principalmente do mercado. No Brasil, se procura grãos não glutinosos além de um alto rendimento.
- Resistência ao frio: Baixas temperaturas prolongam o tempo de germinação e produzem esterilidade parcial ou total da panícula, reduzindo a produção. Para evitar que isto ocorra, se procura cultivares do tipo precoce ou com resistência genética ao frio.

Para o arroz de sequeiro, podem ser mencionados os seguintes:

- Resistência a seca: É o principal objetivo, já que a disponibilidade hídrica deste sistema está restrita a quantidade e ao período de precipitação do local. Existem várias estratégias para atingir este objetivo. Uma delas é procurar cultivares de tipo precoce que possuem um ciclo curto evitando os períodos de seca. Outra é obter resistência genética buscando genótipos que evitem a desidratação. E, por último, a prevenção com genótipos que apresentam maior enraizamento permitindo extrair água de regiões mais profundas do solo.
- Resistência a doenças e pragas: Também para o arroz de sequeiro, a principal doença é brusone. Por outro lado, este sistema de cultivo permite a aparição de numerosas pragas sendo responsáveis pela perda de cerca de 20 a 30 % da produção total.

- Tolerância a baixa fertilidade do solo: Em geral, o arroz de sequeiro se cultiva em solos muito pobres.
- Produtividade: No arroz de sequeiro, deve ser acompanhada por vários fatores por estar sujeita a uma grande variação ambiental.
- Acamamento. É importante quando existe aumento na fertilidade do solo o que provoca crescimento excessivo da planta tendendo a acamar prejudicando a produção.

O aumento na produção não tem mostrado uma linha ascendente para as espécies cultivadas, e sim pequenos platôs que são superados com a introdução de novos genótipos. Desta forma, elas existem momentaneamente em uma determinada região e surgem quando se explora ao máximo um determinado caráter, razão pela qual definem-se novas estratégias para superá-los. No caso do arroz, o principal objetivo em todos os programas de melhoramento é alcançar o máximo progresso na produção num tempo relativamente curto. Isto tem sido conseguido através de um árduo trabalho nas condições ótimas de cultivo, através de precisos sistemas de irrigação e fertilização adequada. Também têm sido realizadas seleções para altura da plantas, folhas eretas, resistência ao fotoperíodo, e caracteres relacionados a percentagem de grãos na planta (Muralidharam et al.; 1996). Um fato importante ocorreu na década de sessenta, quando o IRRI lançou a variedade IR8, uma variedade semianã altamente produtiva para o sistema de irrigado. A partir desse momento, esta mudança marcou época na cultura do arroz e foi denominada de 'Revolução Verde'. Tanto a cultivar IR8 como linhagens descendentes dela foram introduzidas nos programas de melhoramento, como genitores das novas cultivares pela grande contribuição ao progresso genético que elas acarretavam.

Na América Latina e no Brasil, não foi diferente, porque uma grande percentagem das variedades descendem de alguns dos progenitores da IR8, como Deo Geo Woo Gen, Cina e Lati Sail (Cuevas-Perez et al.;1992). Diversos trabalhos relataram que, após a introdução deste material, o ganho genético através do tempo foi bastante limitado. Soares et al. (1994), analisaram o progresso genético para as cultivares de arroz irrigado recomendadas no Estado de Minas Gerais no período de 1980 a 1989, relatando que eles obtiveram um ganho médio anual de 1,6%, mostrando ser menor que o obtido para o arroz de sequeiro que foi de cerca de 3%. Estes resultados demonstram que, para o arroz irrigado, o aumento na produção se vê limitado devido a utilização repetida de progenitores ou de descendentes aparentados,

o que provocou um estreitamento na base genética limitando o conjunto gênico a ser explorado. Soares et al. (1994), também fazem referência que um manejo inadequado da cultura e a baixa fertilidade do solo na região provocam uma queda no rendimento total. A diferença encontrada em relação ao ganho genético do arroz de sequeiro se deve também ao fato desse sistema ser restrito à América Latina e África, portanto os programas de melhoramento ainda não exploraram todo o potencial existente nas variedade deste sistema.

2.3 Base genética do arroz

A variabilidade presente dentro de uma espécie cultivada tem diminuído com o passar do tempo. O risco na produção aumentou de forma considerável à medida que as atividades agrícolas modernas colocaram esta espécie sob situações de estresse. A busca de uniformidade que permita um melhor aproveitamento da cultura e maiores rendimentos provocaram uma redução na variabilidade genética existente nas cultivares modernas. Isto, a longo prazo, tornou-se um risco latente para a produção que cai drasticamente quando há uma mudança repentina no ambiente.

Ao redor dos anos 70, no sul de Estados Unidos houve uma quebra na resistência a helmintospório no milho, provocando uma acentuada queda na produção deste cereal. Isto alertou os melhoristas dos riscos que a excessiva uniformidade genética nas cultivares modernas representa, principalmente no que se refere a vulnerabilidade a pragas e doenças quando as fontes de variabilidade estão esgotadas. A quebra da resistência ocorrida foi atribuída ao uso indiscriminado de apenas um genoma citoplasmático na produção dos híbridos.

Este estreitamento também ocorreu em outras espécies cultivadas como a soja e o arroz, também como conseqüência dos sucessivos processos de seleção sem uma escolha adequada dos parentais. Durante muito tempo, a utilização de cultivares avançadas como fonte principal de genes provocou a diminuição de base genética destas espécies, sendo na atualidade um dos principais fatores que restringem os ganhos genéticos de produtividade

A redução da base genética registrada tanto no arroz como em outras culturas impulsionou o estudo sobre as genealogias das cultivares recomendadas em cada região ou pais. No arroz, um dos primeiros trabalhos foi realizado por Hargrove et al.

(1980), que estudaram a genealogia de cultivares asiáticas encontrando grande uniformidade no genoma citoplasmático.

Posteriormente, Dilday (1990), estudou a base genética das cultivares irrigadas de arroz lançadas nos Estados Unidos até o ano 1990. Ele traçou o pedigree de 140 acessos tanto do sul como oeste, comprovando que a base genética dessas cultivares era estreita. Para a Região Sul, 22 ancestrais são responsáveis por grande parte do conjunto gênico. Da mesma forma para a região ocidental, 23 ancestrais contribuem com alta percentagem dos genes das cultivares dessa região. Ele também estimou a percentagem de parentesco entre cultivares de grão do tipo longo, onde a relação de parentesco varia de 72 a 40%, já para cultivares de grão de tipo médio a relação é ainda mais estreita, de 90 a 40%.

Uma situação similar foi verificada para cultivares de arroz irrigado na América do Sul. Cuevas Perez et al. (1992), encontraram que a maioria das cultivares de arroz irrigado na América Latina se originaram das cultivares Deo Geo Woo Gen, Cina e Lati Sail (progenitores do IR8). Eles estudaram 143 cultivares, lançadas durante o período de 1971 a 1989, ao que separam em períodos menores de cinco anos. Durante os primeiros 15 anos, eles encontraram aumento discreto no número de parentais. Assim foi identificado um grupo de 14 ancestrais que contribuíram nas cultivares lançadas ao longo desses 19 anos. Elas eram originárias de seis países diferentes, tanto de Estados Unidos como países do Continente Asiático, contribuindo em média com 74% do conjunto gênico durante esse período. Parte desses ancestrais contribuiu com caracteres como resistência a doenças além de alta produtividade das mencionadas variedades. Nesse trabalho, foram designados 22 ancestrais como o conjunto base de todas as cultivares liberadas. Apesar deste número ser similar ao encontrado nos Estados Unidos, a base das cultivares latinas é mais ampla devido a esse conjunto principal, a qual devem somar-se 79 fontes adicionais, entretanto para as cultivares americanas, o número total de introduções foi apenas 38.

Estudos de genealogia também foram realizados para o sistema de sequeiro. Guimarães et al. (1996), verificaram um intenso estreitamento da base genética nas cultivares desenvolvidas pelo CIAT, decorrente das fortes pressões de seleção.

Esta mesma situação se estende às cultivares de arroz no Brasil, tanto para o sistema irrigado como para o de sequeiro. Em relação às cultivares irrigadas, Rangel et al. (1996), analisaram 42 cultivares verificando que apenas 10 ancestrais contribuíram

com 68% do conjunto gênico. Eles também observaram que, analisando separadamente as cultivares mais plantadas nos principais Estados produtores, sete ancestrais contribuíam com 70% do pool gênico. Por outro lado, Guimarães et al. (1993), relataram que, para o sistema de sequeiro, seis variedades locais (Dourado Precoce, Pratão, Pérola, Iguape Agulha, Jaguari e Yola) participaram na genealogia das cultivares modernas. Na luz desses resultados, tentou-se ampliar o pool gênico utilizando cultivares com distância genética maior. Num estudo posterior, Montalvan et al. (1998), observaram que, no período de 1991 a 1993, houve um aumento no número de ancestrais das cultivares modernas. Relataram também que dez ancestrais são responsáveis por 64,26% do pool gênico das mesmas.

Os diferentes estudos indicam que o aumento da base genética é uma prioridade nas estratégias de melhoramento para espécies com pouca fonte de variabilidade. A maior quantidade se encontra nas espécies que estão em estado selvagem e em espécies relacionadas. Por esta razão, a introgressão de genes de espécies silvestres deve ser considerada como uma alternativa viável com grande potencial para ampliar a base genética do arroz, como ocorre para outras espécies com base genética estreita como soja, trigo, entre outras.

2.4 Espécies do gênero Oryza

O gênero *Oryza* possui 23 espécies distribuídas na Ásia, África, Austrália, América Central e América doSul, sendo sete delas alotetraplóides. Ge et al. (1999), dividiram o gênero em três seções, segundo relações filogenéticas estabelecidas para a divergência encontrada no gene da enzima álcool desidrogenase e um gene do cloroplasto. A seção que compreende as espécies cultivadas se denomina *Oryza*, e nela se localizam espécies dos genomas A, B, C, D e E. Em relação ao grau de similaridade segue a seção *Ridleyanae* que possui as espécies dos genomas F, H, J e *Oryza schlechteri*, e por último a seção *Granulata* que compreende as espécies do genoma G. Os híbridos resultantes entre as diferentes espécies são total ou parcialmente estéreis independentemente da distancia genética.

Tabela 2. Espécies do gênero *Oryza* e sua constituição genômica.

Seção/Espécies	Genoma
Seção *Oryza*	
O. sativa	A A
O. glaberrima	$A^g A^g$
O. barthii	A A
O. glumaepatula	$A^{gp} A^{gp}$
O. longitaminata	$A^g A^g$
O. meridonalis	$A^m A^m$
O. nivara	A A
O. rufipogon	A A
O. punctata	B B
O. officinalis	C C
O. rhizomatis	C C
O. minuta	B B C C
O. eichingeri	B B C C
O. alta	C C D D
O. grandiglumis	C C D D
O. latifolia	C C D D
O. australiensis	E E
Seção *Ridleyanae*	
O. brachyantha	F F
O. longiglumis	H H J J
O. ridleyi	H H J J
O. schlechteri	
Seção *Granulata*	
O. granulata	G G
O. meyeriana	G G

Fonte: Khush (1997)

Desde algumas décadas atrás, estão sendo realizados esforços para introgredir genes das espécies selvagens do gênero nas espécies cultivadas através de hibridação interespecífica. Baseado na facilidade de transferência, Khush (1997)

dividiu as espécies em três grupos. O pool gênico primário está constituído por *O rufipogon*, *O nivara*, *O glumaepatula*, *O meridionalis*, *O breviligulata*, e *O. longistaminata*. O pool gênico secundário estaria compreendido pelas espécies dos genomas BB, BBCC, CC e CCDD, e a obtenção destes híbridos interespecíficos é realizada através de técnica de resgate de embriões. Por último, o pool gênico terciário, estão incluídas espécies de difícil cruzamento como as espécies dos genomas GG e HHJJ.

As espécies cultivadas deste gênero são um exemplo de evolução paralela. A via evolutiva para estas espécies está desenhada na Figura 3:

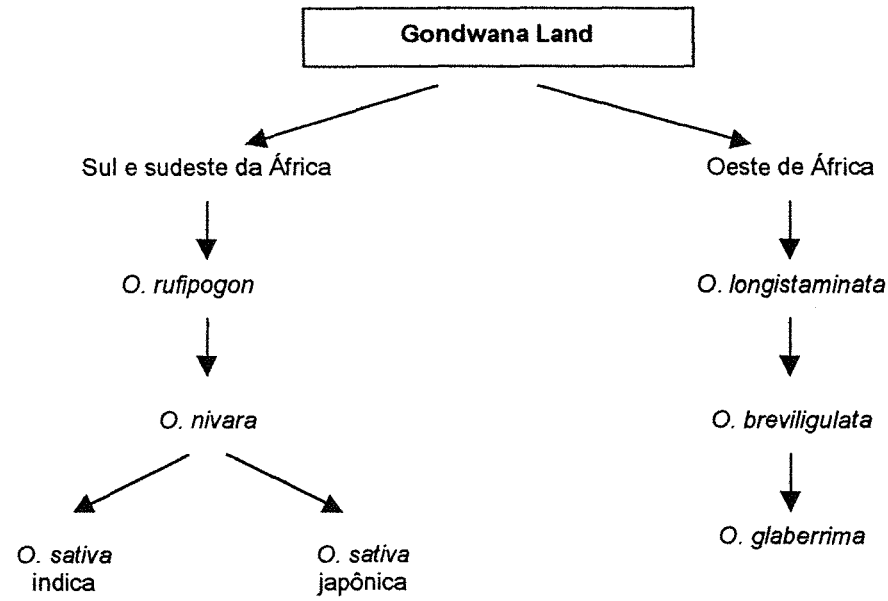


Figura 3 – Caminho evolutivo para as espécies cultivadas de arroz.
Fonte: Khush (1997)

A espécie *O. rufipogon* apresenta populações de tipo anual e de tipo perene. O tipo anual denominado *O. nivara* teria se tornado em *Oryza sativa* após a domesticação. Para a espécie *O. glaberrima*, a via evolutiva seria similar, pois descenderia de uma espécie tipo anual *O. breviligulata*, e da espécie perene *O. longistaminata*.

2.5 Melhoramento usando espécies selvagens

2.5.1 Espécies selvagens como fonte de variabilidade

Com o surgimento dos marcadores moleculares ao longo das últimas décadas tem sido possível podido quantificar, de forma precisa, a variabilidade genética existente entre as variedades de arroz cultivado. Eles se mostram eficientes na identificação de genótipos, e revelam que a base genética é estreita para esta espécie (Fuentes et al., 1999;Virk et al., 2000). Uma interessante comparação foi realizada por Sun et al. (2001), que estimaram a diversidade existente entre acessos de *Oryza rufipogon* e variedades de *Oryza sativa* tanto do tipo índica como japônica da China com o marcador de DNA , RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism). Dos 44 loci avaliados, 43 se mostraram polimórficos para os acessos de *O rifipogon* e 33 para as variedades de *Oryza sativa*. Eles também encontraram 78 alelos exclusivos da espécie selvagem e apenas quatro para o arroz cultivado, demonstrando que a maioria dos genes da espécie cultivada podem ser encontrados na espécie ancestral. Por outro lado, grande quantidade dos genes de *Oryza rufipogon* não pode ser encontrada nas variedades, provavelmente porque foram perdidos durante o processo de domesticação.

Diversos estudos referentes a divergência entre as espécies selvagens do complexo *Sativa* e a espécie cultivada revelam a potencialidade no que se refere a introgressão de variabilidade existente nelas. Isto constitui um grande auxilio na busca de novas variantes alélicas. A grande diversidade encontrada por Sun et al. (2001), pode ser atribuída ao hábito perene desta espécie associado a sua condição de alogamia, o que transforma esta espécie num grande reservatório de variabilidade (Morishima, 2000).

Apenas quatro das 23 espécies silvestres se distribuem no Brasil: *O. grandiglumis, O.latifolia, O. alta e O.glumaepatula* (Oliveira 1992, 1994). As três primeiras são alotetraploides pertencentes ao complexo *O. officinalis* com a fórmula genômica CCDD, a última é diplóide e pertence ao complexo *O. sativa* com o genoma A^{gp} A^{gp} . No Brasil, elas se distribuem amplamente nas margens do Rio Amazonas e dos afluentes e no Pantanal Matogrossense. *O. alta* foi registrada também no litoral paulista, junto com *O. gluamaepatula* no litoral bahiano (Oliveira, 1994).

As espécies brasileiras deste gênero não têm sido muito exploradas como fonte de variabilidade. Acredita-se que o material preservado nos bancos de germoplasmas não representa toda a variabilidade existente no Brasil. Na atualidade, há projetos em andamento tanto no Departamento de Genética, ESALQ/USP, como no Centro Nacional de Pesquisa de Arroz e Feijão, EMBRAPA, que visam estudar caracteres de interesse agronômico com o intuito de produzir linhagens com uma base genética mais ampla. Paralelamente, estão sendo realizados estudos populacionais para as diversas espécies silvestres brasileiras com o objetivo de estimar a variabilidade presente nas mesmas.

No que diz respeito ás outras espécies do gênero, foram descritos alguns caracteres de interesse agronômico como a resistência a estresse abiótico e principalmente a doenças (Sitch et al., 1989; Khush et al., 1990; Khush, 1997). O genoma C mostrou ser um grande reservatório de genes de resistência a brusone e *Xanthomonas* (Khush et al., 1990; Mariam, 1996). Romero et al. (1993), realizou estudos isoenzimáticos em cruzamentos interespecíficos entre *O. sativa* e *O. minuta,* encontrando níveis altos de homeologia entre os diferentes genomas A, B e C.

2.5.2 Híbridos interespecíficos

Segundo Jahuar & Chibbar (1999), para a obtenção de um híbrido interespecífico deve-se verificar as seguintes condições:

1- As relações genômicas entre as espécies a serem cruzadas. No caso das espécies de arroz, a existência de pareamento homeólogo entre genomas diferentes oferece maior flexibilidade na hora de introgredir caracteres de interesse (Romero et al., 1993).

2- Se as barreiras de esterilidade que impedem o fluxo gênico entre espécies podem ser ultrapassadas. As barreiras sexuais existentes entre as espécies deste gênero são mais flexíveis quando as espécies envolvidas possuem o mesmo tipo de genoma ou genomas similares. Já para obtenção de híbridos entre genomas diferentes, é necessário utilizar outros recursos, além das técnicas tradicionais de hibridação, como o resgate de embriões e a poliploidização com colchicina (Pickerrsgill, 1994; Amante-Bordeous et al., 1992).

Híbridos específicos entre espécies de diferentes genomas do gênero *Oryza* tem despertado interesse para o melhoramento desta cultura , principalmente quando identificou-se genes de resistência a doenças e pragas em algumas espécies

selvagens. A dificuldade existente na obtenção de híbridos estáveis não permitiram o lançamento de novas variedades com genes introgredidos a partir desta espécie. No entanto, a obtenção de indivíduos MAALs (Monosomic Alien Adition Lines) desde finais da década de 80 tem permitido localizar segmentos cromossômicos que possuem caracteres agronômicos de interesse. As espécies do gênero Oryza utilizadas para a obtenção de híbridos interespecíficos correspondem tanto ao pool gênico primário como ao secundário.

Jena & Khush (1989) obtiveram híbridos alodiplóides que apresentaram um fenótipo intermediário entre as espécies parentais Estes híbridos mostraram-se infértil ou seminférteis, após dois retrocruzamentos sucessivos com a espécie cultivada. Os indivíduos aneuplóides resultaram em número cromossômico que variou de 24 a 30. A instabilidade deste alotriplóide permitiu a obtenção de MAALs correspondentes a doze univalentes, com um fenótipo similar ao trisômicos de *Oryza sativa*. Assim, foram associados alguns caracteres a determinados cromossomos de *O. oficinalis* como ciclo de florescimento, nanismo, presença de arista, pericarpo vermelho, etc. Eles também observaram pareamento cromossômico nestes indivíduos encontrando tanto univalentes como trivalentes para os cromossomas de *O. oficinalis*. A baixa freqüência de trivalentes indica pouca homologia entre os genomas A e C.

Cruzamentos interespecíficos entre espécies de genomas diferentes também se realizaram para as espécies tetraplóides. Os híbridos entre genomas distantes são altamente estéreis. Isto pode ser relacionado ao número cromossômico resultante do encontro dos dois genomas. A falta de homologia entre os cromossomos destes genomas resultou em gametas desbalanceados e consequentemente em abôrto do pólen. Mariam et al. (1996), observaram a presença de bivalentes entre cromossomos dos diferentes genomas a partir do cruzamento entre *Oryza sativa* e *Oryza minuta*, indicando que genes de genomas diferentes poderiam ser transferidos à espécie cultivada por recombinação homeóloga.

Por outro lado, Romero et al. (1993), avaliaram através de marcadores isoenzimáticos três retrocuzamentos sucessivos entre *O. sativa* e *O. minuta*, identificando grau de homeologia entre o genoma A e C.

Os híbridos interespecíficos entre genomas similares foram obtidos do cruzamento entre *O. sativa* e *O. glumaepatula* (que possuem genomas similares) e as

barreiras interespecíficas foram facilmente superadas mediante a aplicação de hormônios (Amante-Bordeous et al., 1992; Silva, 1997).

2.5.3 Introgressão de genes de espécies selvagens

Diversos trabalhos foram publicados mostrando a aplicabilidade da introgressão de caracteres a partir de genoma selvagem. Brar e Khush (1997), descreveram alguns dos resultados já obtidos que estão resumidos na Tabela 3:

Tabela 3. Relação de caracteres introgredidos das espécies silvestres do gênero *Oryza* na espécie cultivada *O. sativa.*

Caracteres	Espécies doadoras e fórmula genômica
Resistência a "bacterial blight"	*O.longistaminata* AA, *O. officinais* CC, *O. minuta* BBCC, *O. latifolia* CCDD, *O australiense* EE, *O. brachyantha* FF
Resistência a brusone	*O. officinalis* CC, *O. minuta* BBCC, *O. latifolia* CCDD, *O australiense* EE
Resistência a *Xanthomonas*	*O. minuta* BBCC
Macho esterilidade	*O. perennis* AA, *O. glumaepatula* AA
Tolerância a solo sulfuroso	*O. rufipogon* AA

Fonte: Bar & Khush, 1997

Por outro lado, Martinez et al. (1998), obtiveram RC_2F2 com genes introgredidos da espécie *O. rufipogon*, com rendimento de 5 a 15% maior que o parental cultivado e genótipos com resistência ao vírus da folha branca.

Estes resultados evidenciam que a introgressão de genes silvestres de espécies do gênero *Oryza* na espécie cultivada é uma ferramenta que oferece um grande potencial para superar as dificuldades encontradas pela falta de variabilidade presente nas cultivares modernas, também para obter os genótipos transgressivos com novas relações genéticas resultantes do encontro de genomas diferentes.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Material Genético

Foram avaliadas famílias RC_1F_3 originadas a partir do cruzamento interespecífico entre duas espécies do gênero *Oryza*. Este trabalho faz parte de uma extensa linha de pesquisa que visa ampliar a base genética de cultivares de arroz brasileiro. No início do projeto, foram obtidas plantas F_1 de um cruzamento interespecífico entre *Oryza sativa* e *Oryza glumaepatula*. As plantas de *O. glumaepatula* pertenciam a diferentes populações localizadas ao longo do Rio Negro e seu afluente o Rio Branco. Como parental da espécie cultivada, foi utilizada IAC 102, uma variedade moderna lançada pelo Instituto Agronômico de Campinas. Esta é uma cultivar de arroz irrigado de porte baixo, resistente ao acamamento, bom perfilhamento, folhas eretas, produção nédia de 6,3 Kg/ha, resistente à brusone nas panículas e moderadamente resistente nas folhas. Apresenta grão de tipo longo e longo-fino.

A Tabela 4 mostra o numero de plantas obtidas nos cruzamentos e retrocruzamentos.

Tabela 4. Relação das plantas obtidas no cruzamento interespecífico, plantas F_1 e RC_1 com variedades de arroz irrigado.

Identificação dos locais de coleta das pop. Utilizadas nos cruzamentos	Cruzamento ♀ ♂	N° de plantas F_1 obtidas	N° de sementes obtidas nos RC_1 com o cultivar IAC102
RN 2 (Rio Negro) S 2° 43'/ W 60° 44'	IAC 102/RN 2	104	68
RN 13 (Rio Negro) S 2° 49'/ W 60° 30'	IAC 102/RN 13	71	22
RB 6 (Rio Branco) S 1° 15'/ W 61° 50'	IAC 102/RB 6	16	1
RB 9 (Rio Branco) S 1° 58'/ W 61° 52'	IAC 102/RB 9	36	3
Total		227	94

As plantas F_1 apresentavam macho esterilidade. Para a obtenção de sementes de retrocruzamento. pulverizou-se as inflorescência com acido giberélico (GA_3) 75 ppm, após a polinização, e com a mistura de GA3 e ácido naftalenoacético (NAA), ambos a 75 ppm, diariamente durante 4 a 5 dias. (Mariam et al., 1996).

Do total de plantas RC_1F_1, 18 plantas produziram panículas com sementes. A fertilidade média destas plantas foi 2 a 20%, por esta razão poucas delas avançaram para a próxima geração. Oito indivíduos RC_1F_1 permitiram obter plantas RC_1F_2. Um total de 600 famílias RC_1F_3 foram conseguidas pela colheita individual das plantas RC_1F_2. Somente a partir desta geração se obteve uma quantidade de sementes suficiente para realizar análises a campo em condições de plantio comercial. Apenas 90 dessas famílias foram utilizadas para a montagem do experimento, alem de reunir a quantidade de semente necessária apresentavam sementes com casca de cor dourada.

O esquema de cruzamento está ilustrado na Figura 4.

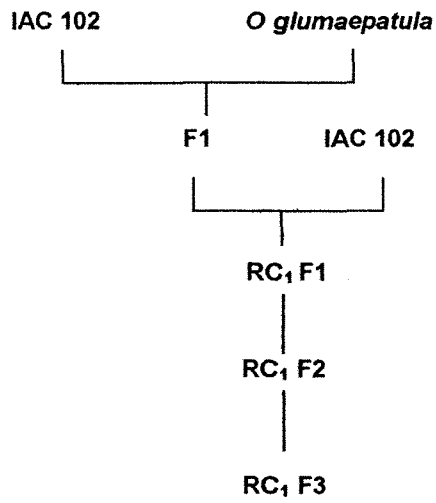


Figura 4 - Esquema de cruzamento para a obtenção das famílias RC_1F_3.

Os oito retrocruzamentos utilizados na formação da geração RC_1F_2 e consequentemente a geração RC_1F_3 podem ser observados na Tabela 5, onde também indica-se a origem do material. Sete deles provêm de plantas F_1 da mesma

população (RN2) e alguns deles pertencem ao mesmo cruzamento interespecífico, como por exemplo os $RC_1$12 e $RC_1$14. O $RC_1$59 pertence a uma outra população do Rio Negro, RN13.

Tabela 5. Retrocruzamentos utilizados na formação das gerações RC_1F_2 e RC_1F_3.

Etiqueta	Cruzamento interespecífico	Indetificação da pl. F1	Parental recorrente
$RC_1$08	RN2 x IAC 102	2	IAC 102
$RC_1$12	RN2 x IAC 102	1	IAC 102
$RC_1$14	RN2 x IAC 102	1	IAC 102
$RC_1$33	RN2 x IAC 102	110	IAC 102
$RC_1$41	RN2 x IAC 102	136	IAC 102
$RC_1$49	RN2 x IAC 102	163	IAC 102
$RC_1$52	RN2 x IAC 102	163	IAC 102
$RC_1$59	RN13 x IAC 102	207	IAC 102

O número das famílias pertencentes a mesma planta RC_1F_1 estão descritas na Tabela 6. O número variável em cada grupo deve-se as limitações na quantidade de sementes produzida na geração anterior.

Tabela 6. Número de famílias F3 avaliadas por cada RC1 inicial.

Retrocruzamentos	Número de famílias F3
$RC_1$08	12
$RC_1$12	10
$RC_1$14	16
$RC_1$33	6
$RC_1$41	10
$RC_1$49	15
$RC_1$52	17
$RC_1$59	4
Total	90

3.2 Delineamento experimental

As famílias RC_1F3 estudadas no presente trabalho foram avaliadas a partir de ensaio em blocos aumentados com três repetições em condições de campo irrigado na Área Experimental do Departamento de Genética ESLAQ-USP. As parcelas foram espaçadas a 35 cm. Foi realizada uma semeadura direta com uma densidade de 80 sementes por metro linear e como bordeadura utilizou-se sementes da variedade IAC102.

O delineamento em blocos aumentado é obtido escolhendo-se um delineamento experimental padrão para os tratamentos controle, aumentando-se aos blocos, parcelas com os tratamentos adicionais, estes usualmente aparecem uma vez só em todo o experimento (Duarte, 2000). Neste ensaio os tratamento adicionais correspondem às famílias RC_1F_3 e os tratamentos de ligação entre blocos foram as seguintes cultivares: IAC 101, IAC 102, IAC 103, IAC 4440 e Epagri 109. As características principais de todas elas se resumem na Tabela 7.

Tabela 7. Relação das cultivares utilizadas como controle no delineamento de blocos aumentados.

Cultivares	Origem	Porte	Tipo de grão	Floresc.	Perfilh.	Resistência	Prod.
IAC 101	Instituto Agronômico de Campinas	Baixo	Longo-fino	Precoce	Alto	Brusone	6,76 tn/ha.
IAC 102	Instituto Agronômico de Campinas	Baixo	Longo-fino	Precoce	Alto	Acamamento e Brusone	6,3 tn/ha.
IAC 103	Instituto Agronômico de Campinas	Baixo	Longo-fino	Longo	Alto		5,05 tn/ha.
IAC 4440	Instituto Agronômico de Campinas	Baixo	Longo-fino	Precoce	Alto		5,21 tn/ha.
Epagri 109	Empresa de Pesquisa Agropecuária Santa Catarina	Baixo	Longo-fino	Longo	Alto	Toxidez por Ferro, Acamamento, Brusone	Alta

Este experimento foi realizado no período de dezembro de 2001 até março de 2002. O sistema de cultivo aplicado foi o irrigado conforme o parental recorrente. As cultivares utilizadas como tratamentos controle também correspondem a este sistema, sendo que, quatro geradas no Instituto Agronômico de Campinas adaptadas para o

Estado de São Paulo e uma proveniente da Empresa de Pesquisa Agropecuária do Estado de Santa Catarina adaptada a Região Sul do Brasil.

3.3 Avaliação de caracteres agronômicos

Um total de 13 caracteres morfológicos foram avaliados em todos os tratamentos, sendo quatro avaliados antes da colheita e os outros nove pós-colheita. A avaliação se realizou segundo a descrição do IRRI (1980) e Fonseca et al. (1981).

Os caracteres pré-colheita foram os seguintes:

ALT: altura da planta. Corresponde a distância, em centímetros, do solo até a extremidade da panícula do perfilho mais alto. Neste experimento foram marcados pontos a cada 50 cm medindo-se um total de cinco plantas.

ARQ: arquitetura da planta. Refere-se ao angulo que o colmo forma entre eixo da planta e solo. Divide-se em cinco classes:

- ereto (1): ângulo menor de 30°
- intermediário (3): ângulo próximo a 45°
- aberto (5): ângulo próximo a 60°
- esparramado (7): maior a 60°
- deitado (9): o colmo esta em contato com o solo.

FLO: ciclo médio de floração: Do inicio da germinação até a emergência da antese presente em 50% das plantas.

NMPP: número médio de perfilho por planta. Estimado para todas as plantas da parcela.

Os caracteres pós-colheita foram:

CMP: comprimento médio de panícula. Corresponde a distância, em centímetros, do nó inferior à ponta da última espigueta. Foram avaliadas 30 panículas de perfilhos principais e secundários.

NE/P: número de espiguetas por panícula. Obteve-se o número total de espiguetas de 30 panículas para cada tratamento.

CFB: comprimento da folha bandeira. Foram medidas a folhas das 30 panículas separadas

LFB: largura de folha bandeira. Foram medidas a folhas das 30 panículas separadas

%GF: percentagem de grãos férteis por panícula. Corresponde a percentagem dos grãos férteis

PPSA: percentagem de panículas sem aristas. Das 30 panículas avaliadas foram consideradas panículas com arista aquelas que apresentavam 10% de espiguetas com aristas.

PROD: produção, em kg/ha

DEG: deiscência de grãos. Este caráter foi avaliado manualmente para cada tratamento. Se estabeleceram as seguintes classes:

- difícil (1): degranação dificultosa, sem deiscência.
- firme (2): degranação normal, sem deiscência.
- intermediário 2 (3): degranação fácil, sem deiscência.
- intermediário 1 (4): degranação fácil, com deiscência
- fácil (5): deiscência completa

PPCD: percentagem de panículas com casca de grão dourada. Se estimou a percentagem total de panículas colhidas na parcela.

3.4 Análise estatística

As análises realizadas no presente trabalho tiveram como objetivo mostrar, a divergência gerada a partir da utilização de uma espécie selvagem relacionada a espécie *Oryza sativa.* Com este intuito, foi realizada a analise de agrupamento, anáise estatística comumente utilizados na diferenciação de parentais divergentes.

3.4.1 Análise de agrupamento

A análise de agrupamento tem por finalidade reunir por algum critério de classificação, as unidades amostrais (neste caso variedades e famílias) em vários grupos, de tal forma que exista homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos (Cruz & Regazzi, 1997). A aplicação desta análise se realiza em duas etapas. A primeira consiste em determinar a distância entre as unidades amostrais e a segunda refere-se ao método de agrupamento a ser aplicado, este último permite visualizar graficamente os grupos diferenciados por alguns dos caracteres avaliados.

A análise de agrupamento das famílias RC_1F_3, no presente ensaio foi realizada em grupos. Sendo que, cada grupo cotem as famílias agrupadas segundo

seu retrocruzamento de origem, o parental recorrente (IAC 102) e as variedades controle. Os dendrogramas resultantes dessa análise foram confeccionados utilizando-se o *software* STATISTICA (STATSFOT, 1996).

3.4.1.1 Medidas de similaridade

As distâncias mais usadas no melhoramentos são a Distâncias Euclidiana e a Distancia Mahalanobis. Na análise destes dados será utilizada a Distância Euclidiana apesar de ser menos precisa que a Distância Mahalanobis. Esta última se aplica quando se dispõe da matriz de covariâncias residuais a partir de ensaios experimentais com repetições, mas deve-se levar em consideração, que nos blocos aumentados, usualmente os tratamentos adicionais não apresentam repetições.

A Distância Euclidiana entre dos unidades pode ser estimada pela seguinte expressão.

$$d_{ii'} = \sqrt{\sum_j (x_{ij} - x_{i'j})^2}$$

x_{ij} = observação do i-esimo tratamento no j-esimo caráter.

$d_{ii'}$ = distância euclidiana para a observação do i-ésimo tratamento no j-ésimo caráter.

Um dos inconvenientes apresentados pela Distância Euclidiana é o fato dela ser alterada com a mudança de escala de medições, com o numero de caracteres estudados e não leva em conta a correlação de caracteres (Cruz & Regazzi, 1997). A maneira de evitar isto é padronizando os dados em base ao desvio padrão com respeito a media de todos os tratamentos para cada caráter. Os caracteres avaliados neste ensaio apresentam escalas diferentes como percentagem, notas e valores absolutos, sendo necessário a padronização dos dados pela seguinte expressão:

$$z_{ij} = \frac{x_{ij} - \overline{x_j}}{s_j}$$

z_{ij} = valor transformado

$\overline{x_j}$ = media do j-esimo tratamento

s_j= desvio padrão do j-esimo tratamento

A Distância Euclidiana baseada nos dados padronizados pode ser apresentada pela seguinte expressão:

$$d_{ii'} = \sqrt{\sum_j \left(\frac{x_{ij} - x_{i'j}}{s_j} \right)^2}$$

$d_{ii'}$=Distância Euclidiana entre o i e i' tratamento

3.4.1.2 Método UPGMA

Os métodos de agrupamento mais comuns no melhoramento de plantas pode ser hierárquicos ou otimizados. O agrupamento hierárquico por sua vez pode ser aglomerativo o divisivo. No método de agrupamento hierárquico os tratamentos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis até estabelecer um diagrama de arvore. Neste caso, o maior interesse está nas ramificações e não nos grupos formados. Estes últimos são delimitados de forma visual a partir de pontos de alta mudança de nível (Cruz & Regazzi, 1997).

Para a obtenção dos dendrogramas para as famílias avaliadas neste ensaio foi aplicado o método hierárquico aglomerativo de ligação entre medias usando o algoritmo U.P.M.G.A. (uweighted pair-group method with aritmetic average). Segundo Curi (citado por Faraldo, 1999) esta é a metodologia mas usada para a obtenção de divergência entre parentais.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Caracteres Agronômicos

Durante o processo de domesticação das espécies cultivadas grande quantidade dos caracteres morfológicos e fisiológicos difere substancialmente das espécies ancestrais. A espécie domesticada atualmente se encontra numa estagnação em relação a produtividade. A causa desta situação está relacionada com o estreitamento da base genética devido a utilização de parentais com pouca divergência, ou uso repetido nos programas de melhoramento.

Quando se utiliza as espécies ancestrais ou espécies relacionadas no melhoramento, o objetivo é eliminar as características que foram sendo perdidas ao longo do processo de domesticação, pois são recuperadas quando se realiza um cruzamento interespecífico. Isto é para que o material resultante destes cruzamentos apresente a performance mas conveniente para o produtor. Entre as características indesejáveis podemos enumerar o hábito de crescimento, o gigantismo, a sensibilidade ao fotoperíodo, a deiscência, a presença de arista, entre outros.

Uma maneira de reduzir a quantidade de caracteres não desejáveis presentes nas espécies selvagens é mediante retrocruzamentos sucessivos até alcançar a performance desejada. Uma estratégia é a de AB-QTLs (Advanced Backcross QTL analysis) proposta por Tanksley & Nelson (1996) para os caracteres quantitativos. No caso dos caracteres mendelianos, a introdução de uma característica é realizada através da seleção direta da mesma ao longo das gerações. Ambas estratégias são aplicadas simultaneamente, por serem os caracteres agronômicos em *Oryza sativa* tanto quantitativos como qualitativos.

A espécie *O. glumaepátula* utilizada como parental selvagem no cruzamento interespecífico inicial, contribui com percentagem de seu genoma no material avaliado neste trabalho. Esta espécie apresenta adaptação ao fotoperíodo e condições

edafoclimáticas tropicais. Por esta razão e por ocorrer no território Brasileiro, não se fez necessário o estudo dessas características.

4.1.1 Altura de planta

Nas famílias avaliadas, observam-se valores para altura de plantas entre 62 e 122,4 cm. Os valores médios para cada família foram plotados num histograma (Figura 5), onde também esta representada a curva de distribuição normal esperada. A distribuição das classes não é próxima ao normal, no entanto mostra uma grande variabilidade para este caráter no material avaliado, embora se trate de uma geração F3 de autofecundação. Nesta figura também se aponta a classe onde se localizaria o parental recorrente (variedade IAC102), observando-se que para este caráter algumas das famílias apresentam valores maiores aos presentes nas variedades.

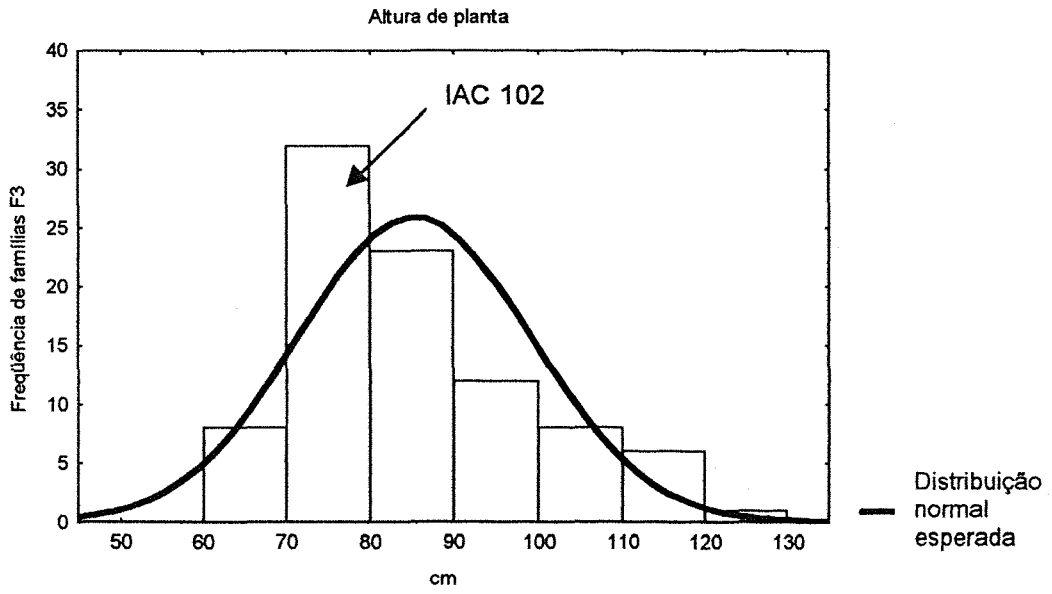


Figura 5 - Histograma para altura de plantas para o total de famílias avaliadas. A seta indica a classe onde se localizaria o parental recorrente, variedade IAC102.

Uma discriminação posterior foi realizada agrupando-se as famílias segundo o RC1, permitiu observar, detalhadamente, como se comporta este material em relação a

altura da planta. Se estimaram as médias e os desvios padrão para cada grupo, observando-se que os valores não diferem substancialmente entre eles, com exceção dos grupos RC_1-08 e RC_1-41. Para estes grupos, os valores de desvio padrão(SD) são 27.32 e 30.21 como se mostra na Tabela 8. No caso do grupo RC1-08 isto ocorreu porque entre os materiais se encontra uma família de porte baixo (77cm) quando a maioria das famílias apresentam um valor próximo ou superior a um metro de altura. Para o grupo RC1-41 os valores são intermediários entre os dois extremos de 69,8 e 122,4 cm.

Tabela 8. Valores médios de altura de plantas (em cm) para cada família, a média e o desvio padrão para cada grupo segundo o RC_1.

	RC_1-08	RC_1-12	RC_1-14	RC_1-33	RC_1-41	RC_1-49	RC_1-52	RC_1-59
	114,6	71,4	90,8	83,25	104,8	92,6	71,7	74,2
	104,6	81,8	89,2	77,6	108,2	74,8	85,6	72,2
	103	80,6	90,2	88,8	87,2	80,2	77,8	89,8
	111,4	73,6	99,8	85,75	76	67	65,4	88,4
	113	111,2	77,75	92,4	108,4	78,2	69,2	-
	97,5	85,6	86,2	85,8	69,8	74,2	73,75	-
	77	84,4	75,8	-	86,8	78,6	78,8	-
	105,2	81,8	89,4	-	72	67,2	78,4	-
	118	66,25	82,8	-	122,4	73,2	72,8	-
	93,6	92	89,75	-	100,6	72	77,25	-
	104,8	-	94	-	-	79,75	75,8	-
	118,4	-	91,2	-	-	70,4	79	-
	-	-	80,4	-	-	75	62	-
	-	-	98,2	-	-	73,2	68,4	-
	-	-	80,8	-	-	70,8	82,8	-
	-	-	95,6	-	-	-	75,8	-
	-	-	-	-	-	-	78,4	-
Média	105,10	82,87	88,24	85,60	93,62	75,14	74,88	81,15
SD	27,32	12,46	7,11	5,02	30,21	6,34	6,11	9,23

A altura de planta é um caráter de grande importância na espécie cultivada *O. sativa*, por estar relacionada a produção e facilitar a colheita de sementes. A espécie *O. glumaepatula* cresce na beira dos rios parcialmente submergida. Propaga-se por sementes, germinando na estação seca, com uma rápida elongação dos entrenós como resposta à elevação dos níveis de água, chegando atingir grandes alturas e algumas vezes formando populações flutuantes (Rangel, 1998).

Veasey (2001), observa que os valores médios para altura de planta em diversas populações de *O. glumaepatula* apresentam valores que vão de 1,5 a 2,4 m. O material estudado apresenta valores menores em relação a espécie selvagem e a maioria das famílias possui valores próximos ao do parental recorrente, indicando recuperação da performance desejada ao longo das gerações. Para formar as famílias RC_1F3 foram utilizadas plantas que produziram valores superiores a 10 gramas. Na espécie cultivada existe uma relação inversa entre a produtividade e a altura da planta. A seleção das plantas mais produtivas na geração anterior pode ter tido como conseqüência uma seleção contraria a altura, havendo uma seleção indireta e inconsciente para este caráter.

Em trabalhos sobre mapeamento de QTLs para este caráter utilizando a espécie ancestral *O. rufipogon* observam-se vários QTLs para gigantismo. Foi observado que em alguns genótipos a altura atinge 2,18 m em indivíduos F2 (Xiong et al., 1999) e 1,55 nas famílias RC_2 (Xiao et al. 1998), indicando que quando diminui a percentagem de genoma silvestre a altura também diminui.. Os mapas de marcadores revelaram que os genes de *O. rufipogon* foram responsáveis pelo incremento da altura da planta. Isto também se estende a espécie *O. glumaepatula* devido ao rápida elongação dos entrenós que apresenta em condições naturais.

4.1.2 Ângulo do colmo

No total de famílias observaram-se quatro classes diferentes para o ângulo do colmo: ereto, intermediário, aberto e esparramado. Quarenta e quatro das noventa famílias apresentaram o tipo ereto, 24 o tipo intermediário, 21 do tipo aberto e apenas um do tipo esparramado. Na Figura 6 estão representadas a freqüência de famílias para cada classe divididas em grupos segundo o RC1 de origem. Não são todas as classes que estão presentes em cada grupo, com exceção do RC1-08. Em alguns grupos predomina o tipo ereto que corresponde ao parental recorrente, em outros o tipo aberto como o parental selvagem.

VEASEY, E.A. **Estrutura genética de populações de espécies selvagens brasileiras de *Oryza* baseada em caracteres morfofenológicos e isoenzimáticos.** Piracicaba: FAPESP, 2001. 57p. (Processo Nº 1999/12144-8).

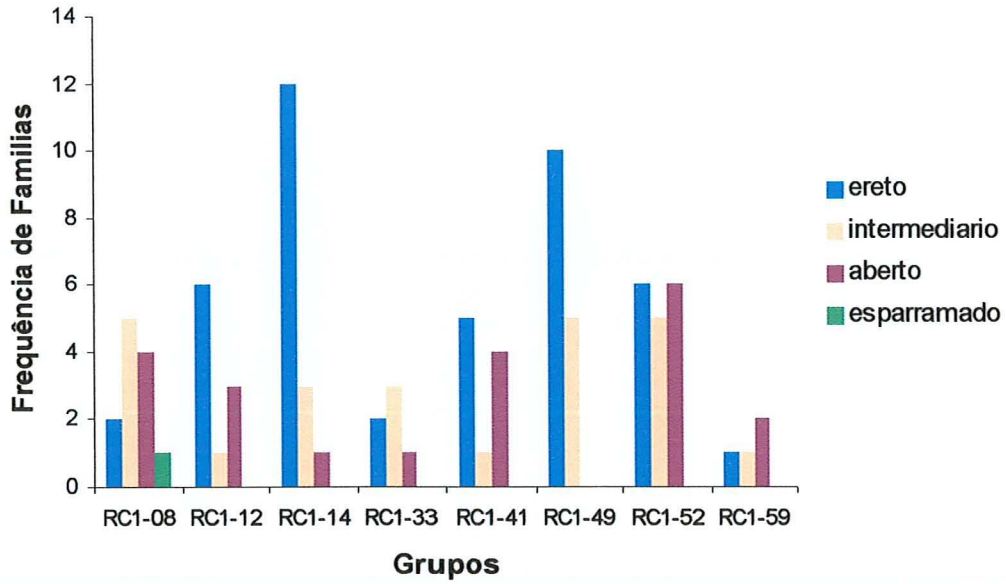


Figura 6 – Freqüência de famílias para os diferentes tipos de arquitetura dentro de cada grupo.

O tipo aberto pode ser explicado em parte porque, em algumas famílias, a altura superou um metro e o colmo era muito flexível para suportar os cachos, e em outras apenas o colmo flexível. Algumas das famílias classificadas como tipo ereto ou intermediário apresentavam colmos grossos, como ocorre no parental recorrente ou na maioria das variedades modernas, onde ambos caracteres se encontram correlacionados. As restantes apresentaram o colmo fino.

4.1.3 Ciclo de florescimento

O tempo entre a emergência da plántula e o florescimento variou de 62 a 91 dias. Nas variedades sensíveis ao fotoperíodo existe uma relação inversa com o florescimento, à medida que o primeiro diminui o outro se acelera (Grist, 1975). Para a variedade IAC 102, o ciclo de florescimento estimado varia entre 88 e 97 dias, no entanto no presente ensaio floresceu a 78 dias. Isto provavelmente está relacionado ao fato de ter sido instalado o ensaio na primeira quinzena de dezembro, justificando um ciclo de florescimento menor que o esperado. Na Figura 7, está representado o histograma com os dias de florescimento para as noventa famílias avaliadas e também se aponta com uma seta a classe do parental recorrente. Comparando os valores

obtidos para as famílias e o obtido experimentalmente para o parental recorrente, observa-se valores inferiores ou superiores a 78 dias, indicando uma grande sensibilidade ao fotoperíodo dentro do material avaliado.

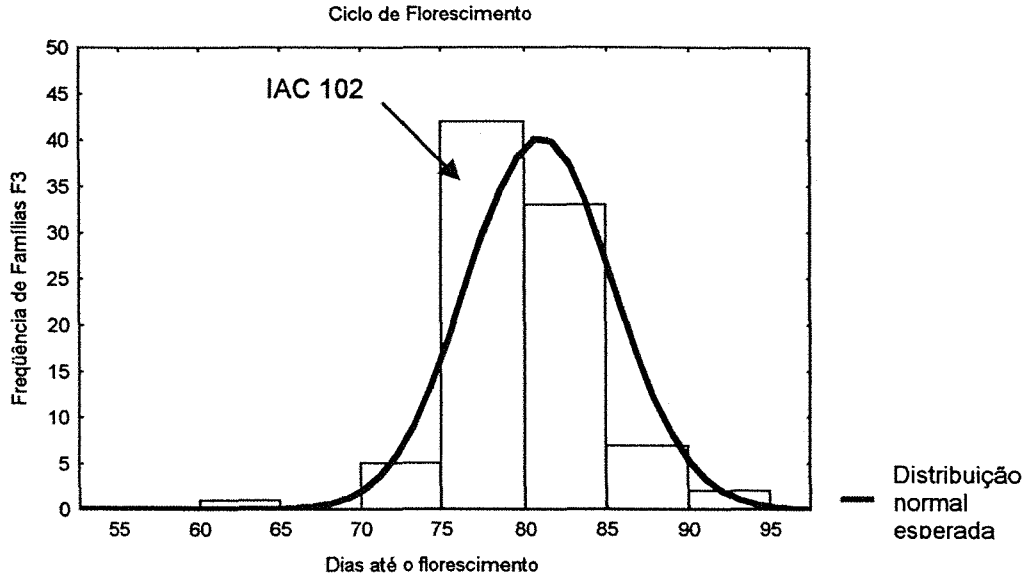


Figura 7 - Histograma do ciclo de florescimento para o total de famílias avaliadas. A seta indica a classe onde se localizaria o parental recorrente, a variedade IAC102.

Para o ciclo de florescimento, as famílias foram separadas segundo o retrocruzamento de origem, es os dados são mostrados na Tabela 9. Observa-se que existe variação dentro de cada grupo para os dias de florescimento. No grupo RC_1-52 a família mais precoce floresceu a os 62 dias e a família mais tardia a 91 dias, dando uma diferencia de 29 dias. Nos demais grupos, esta diferencia não ultrapassou 13 dias. Devido a sensibilidade deste caráter às condições ambientais, os valores obtidos não podem ser considerados de conclusivos, pois estes poderiam ser diferentes em condições mais adequadas. Em geral, a maioria das famílias se comporta como as variedades controle e o parental recorrente. De acordo com o observado por Veasey (2001), para vàrias populações de *O. glumaepatula* o ciclo de florescimento é de 122 a 192 dias, sendo valores muito superiores a os observados na Tabela 9.

Tabela 9. Valores médios de dias até o florescimento para cada família, a média e o desvio padrão por cada grupo segundo o RC1 de origem.

	RC1-08	RC1-12	RC1-14	RC1-33	RC1-41	RC1-49	RC1-52	RC1-59
	85	73	80	73	84	85	80	85
	83	80	84	78	82	82	82	74
	80	80	81	80	88	91	91	79
	83	78	80	78	84	80	78	76
	82	79	90	73	80	85	81	-
	80	80	83	78	78	80	80	-
	80	76	88	-	78	85	85	-
	89	73	78	-	80	78	62	-
	80	85	80	-	79	78	83	-
	84	78	89	-	82	82	84	-
	89	-	81	-	-	76	81	-
	80	-	85	-	-	82	80	-
	-	-	81	-	-	78	88	-
	-	-	80	-	-	84	80	-
	-	-	83	-	-	84	76	-
	-	-	79	-	-	-	78	-
	-	-	-	-	-	-	85	-
Media	82.92	78.20	82.63	76.67	81.50	82	80.82	78.5
SD	3.34	3.58	3.67	2.94	3.17	3.86	6.14	4.80

O ciclo de florescimento é um caráter quantitativo e os genes que contribuem com maior efeito no caráter se localizam no cromossoma 6 (Kikuchi, 1997). No trabalho realizado por Xiao et al.(1998), utilizando famílias RC_2 provenientes de um cruzamento entre *O. sativa* e *O. rufipogon,* os valores encontrados para este caráter são intermediários entre os dois parentais. Por outro lado, Xiong et al.(1999), avaliaram indivíduos F2 para o mesmo cruzamento encontrando ciclos de florescimento maiores ao parental selvagem. Mostrando que existe uma diminuição do ciclo quando a quantidade de genoma da variedade cultivar é maior. Xiong et al. (1999) encontraram quatro QTLs responsáveis pelo 65% da variação, sendo um deles localizado no cromossoma 8 presente na espécie ancestral que não tinha sido reportado anteriormente na espécie cultivada, mostrando que existiria uma maior sensibilidade ao fotoperíodo nas espécies selvagens.

4.1.4 Dregranação

O material avaliado apresentou quatro das cinco classes diferentes estabelecidas para a degranação manual: difícil, firme, intermediário 2 e intermediário1. No total de famílias, 28 famílias mostraram degranação do tipo intermediário 1, 26 o tipo intermediário 2, 23 do tipo firme e 13 para o tipo difícil. O parental recorrente e as variedades controle pertencem a classe firme.

Quando as famílias são separadas segundo a origem dentro de cada grupo podem observar-se de 3 a 4 classes diferentes de degranação. A Figura 8 apresenta as freqüências de famílias para cada classe. Os grupos RC_1-41 e RC_1-52 apresentaram as quatro classes encontradas no total de famílias. No primeiro, houve a mesma quantidade de tipo difícil e intermediário 1, no RC_1-52 o tipo predominante foi o firme.

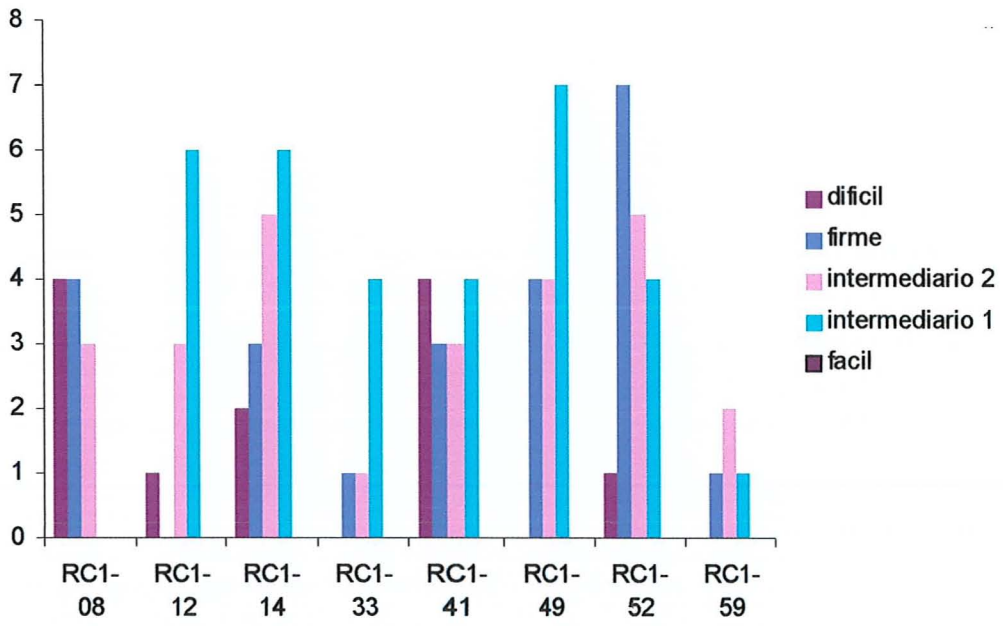


Figura 8 – Freqüência de famílias para os diferentes tipo de degranação dentro de cada grupo.

No cruzamento interespecífico inicial, foram utilizados diferentes indivíduos de *O. glumaepatula* por população. Ao avançar as gerações, algumas famílias possuem a

mesma origem tanto para o parental recorrente como para o parental selvagem. Interessante notar que os pares RC_1-12e RC_1-14, e RC_1-49 e RC_1-52 além de possuírem o mesmo parental recorrente e como parental selvagem a mesma planta de *O. glumaepatula*, apresentaram freqüências diferentes para cada classe de degranação. Nos grupos RC_1-12 e RC_1-14 o tipo predominante foi o intermediário 1. Ao contrario do par anterior nos grupos RC_1-49 e RC_1-52, observa-se tipos predominantes diferentes, sendo para o primeiro e para o segundo é o intermediário 1 e é o tipo firme, respectivamente.

A deiscência é de vital importância na dispersão de sementes nas espécie selvagens, mas é um caráter perdido no processo de domesticação por estar negativamente correlacionado a produtividade. Este caráter surge novamente quando se confrontam ambos genomas: o da espécie domesticada e o da espécie selvagem como se observa no material proveniente deste cruzamento interespecífico. Nas plantas obtidas a partir do RC_1, a deiscência dos grãos era total, já na geração seguinte (RC_1F_2) foram observadas plantas com deiscência e outras sem deiscência. As plantas sem deiscência apresentavam graus intermediários de união a panícula sendo evidente durante a manipulação. Em conseqüência desta observação foram estabelecidas as classes de degranação mencionadas anteriormente.

Na classe intermediário 1 mais de 50% dos grãos cairam durante a manipulação, e este valor diminuiu para 10% no intermediário 2. Porém, a classe desejada é a do tipo firme devido a que os grãos não se soltem durante o a amadurecimento ou durante a manipulação das panículas, podendo ser facilmente liberados sob pressão. No caso do tipo difícil, este pode provocar quebra do grão durante o debrulhamento do cacho.

4.1.5 Número médio de panículas por plantas

Na maioria das famílias a numero médio de panicula por planta foi igual a um, mas nem todas elas produziram grão. Por esta razão, o valor médio de panicula por planta é um numero fracionário. O histograma da Figura 9 representa os valores médios de panículas por planta para as 90 famílias. Foi observado que uma família do RC_1-33 e RC_1-59 apresentaram plantas com duas panículas. Este fato não é evidente no histograma devido a maneira como foi avaliado o parâmetro, pois estimou-se uma

média por parcela. O número de panículas por plantas para o parental recorrente foi de 1.1, observando-se indivíduos com valores maiores a variedade IAC 102.

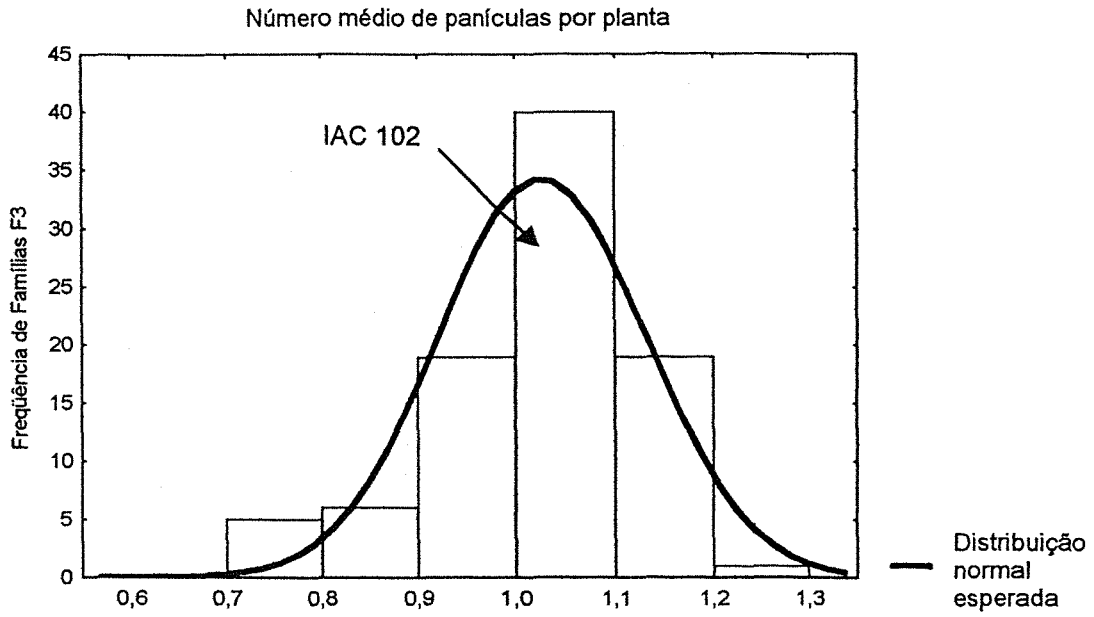


Figura 9 - Histograma para o numero médio de panículas por plantas do total de famílias avaliadas. A seta indica a classe onde se localizaria o parental recorrente, a variedade IAC102.

Na geração anterior, as plantas individuais que originaram estas famílias produziam ao redor de 10 panículas por planta. A produção de panículas é estimulada quando se aumenta o espaçamento entre plantas. Segundo Veasey (2001), algumas populações de *Oryza glumaepatula* chegam a produzir em média 15 panículas por planta. Brondani et al. (2001) relatam que, nos indivíduos RC_1F2 de um cruzamento entre *Oryza sativa* e *O. glumaepatula,* os alelos de efeitos positivos para este caráter provem do parental silvestre. Do total de famílias avaliadas por eles muitas apresentavam numeros de panículas maiores ao parental recorrente, até 158% acima deste valor. Xiao et al.(1998) também encontraram um aumento significativo nas famílias RC2 quando estavam presentes alelos da espécie ancestral *Oryza rufipogon.*

4.1.6 Comprimento da panícula

No material avaliado existe grande variabilidade quanto a este caráter. Os valores mínimo e máximo foram de 17,73 e 33,37 cm, já o valor observado para o parental recorrente foi de 23,24 cm. No histograma da Figura 10, estão distribuídas as freqüência de famílias para cada classe.

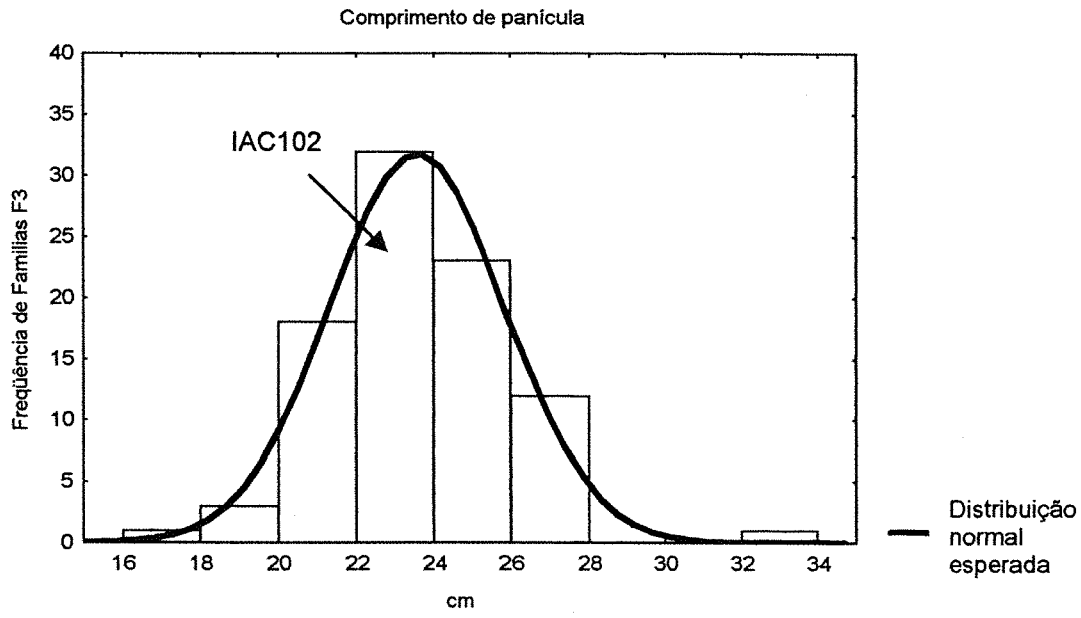


Figura 10 - Histograma para o comprimento da panícula do total de famílias avaliadas. A seta indica a classe onde se localizaria o parental recorrente, a variedade IAC102.

A maioria das famílias avaliadas apresentaram um comprimento de panícula entre 22 e 24 cm. Os valores maiores estão no grupo RC_1-08 no entanto uma família do grupo RC_1-41 apresentou o valor mais alto, 33,4 cm (Tabela 9). Para os indivíduos F_2 do cruzamento entre *O. sativa* e *O. rufipogon* (Xiong et al., 1999) este caráter apresenta valores entre 17 e 35 cm. Xiao et al. (1998) nos indivíduos RC_2 para o mesmo cruzamento, encontraram valores transgressivos a respeito do parental recorrente, embora os valores não foram maiores a 28 cm. Este caráter também foi avaliado por Veasey (2001) em diferentes populações de *O. glumaepatula*, encontrando valores entre 16 e 36 cm.

Tem sido estudado que o comprimento da panícula apresenta uma forte associação com a altura da planta. Segundo Sasahara (1997) existe sobre este caráter um efeito pleiotrópico de diversos alelos relacionados a altura do caule, numero de grãos por panícula e comprimento do grão. Na Tabela 10, estão descritos os valores médios para cada família separados em grupos segundo o RC1, associados aos valores de altura de plantas.

Tabela 10. Valores médios para comprimento de panícula e altura de plantas (em cm) para cada família. Média (M) e Desvio Padrão (SD) para comprimento de panícula em cada grupo segundo o RC1.

	RC1-08		RC1-12		RC1-14		RC1-33		RC1-41		RC1-49		RC1-52		RC1-59	
	CP	ALT	CP	ALT	CP	ALT	CP	ALT	CP	ALT	CP	ALT	CP	ALT	CP	ALT
	26,1	115	19,0	71	21,3	91	23,7	83	23,4	105	25,5	93	23,4	72	22,1	74
	25,3	105	21,9	82	26,1	89	21,6	78	23,3	108	21,6	75	25,0	86	20,1	72
	25,6	103	22,9	81	26,7	90	22,8	89	24,2	87	25,2	80	22,1	78	23,7	90
	26,7	111	21,4	74	23,3	100	24,3	86	21,0	76	24,7	67	20,2	65	21,8	88
	26,7	113	23,8	111	23,6	78	24,6	92	24,5	108	24,7	78	19,5	69	-	-
	25,2	98	25,1	86	21,3	86	25,9	86	22,4	70	24,3	74	25,2	74	-	-
	24,5	77	23,3	84	23,7	76	-	-	21,0	87	22,6	79	21,6	79	-	-
	25,4	105	22,6	82	25,0	89	-	-	21,6	72	23,4	67	22,9	78	-	-
	26,7	118	17,7	66	22,1	83	-	-	33,4	122	23,2	73	21,2	73	-	-
	24,7	94	23,7	92	24,5	90	-	-	26,8	101	22,5	72	21,8	77	-	-
	26,1	105	-	-	24,9	94	-	-	-	-	23,6	80	23,6	76	-	-
	27,1	118	-	-	26,3	91	-	-	-	-	22,3	70	21,7	79	-	-
	-	-	-	-	22,7	80	-	-	-	-	24,3	75	19,9	62	-	-
	-	-	-	-	26,9	98	-	-	-	-	23,4	73	20,3	68	-	-
	-	-	-	-	23,8	81	-	-	-	-	23,1	71	22,8	83	-	-
	-	-	-	-	26,9	96	-	-	-	-	-	-	22,2	76	-	-
	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	21,7	78	-	-
M	25,8	-	22,2	-	24,3	-	23,8	-	24,2	-	23,6	-	22,1	-	21,9	-
SD	0,86	-	2,27	-	1,91	-	1,51	-	3,69	-	1,15	-	1,63	-	1,46	-

Existe uma correlação positiva entre o comprimento da panícula e a altura da planta. Para a maioria das famílias que apresentaram valores superiores de comprimento de panicula, também observa-se comprimentos superiores de altura, como se observa na Tabela 10. Entretanto, em algumas famílias do grupos RC1-49 os valores de comprimento são maiores e altura é ao redor de 80 cm. Estes valores permitem inferir que as associações entre os dois caracteres foram quebradas durante

o cruzamento interespecífico. No entanto, estes valores não são conclusivos devido a que seria necessária uma análise com marcadores de DNA para determinar a origem destes locus e os locos de efeitos pleiotrópicos sobre ele.

Brondani et al. (2001), através da análise de associação de marcadores do tipo SSR para QTLs relacionados a produção num cruzamento entre *O. sativa e O. glumaepatula*, observaram uma forte associação do marcador RM4B aos caracteres para a produção por planta, comprimento da panícula, número e percentagem de grãos cheios por panícula. Estes avanços, na seleção assistida por marcadores para esta cultura, permitirão no futuro a localização e seguimento de combinações alélicas transgressivas com um só marcador facilitando os processos de seleção. No entanto, antes devem desvendar-se a relações génicas entre estes locos.

4.1.7 Comprimento e largura de folha bandeira

Existe grande correlação entre a produtividade e algumas características das folhas. A terceira folha do perfilho da planta de arroz é a folha bandeira e se encontra paralela a panícula. O correto desenvolvimento desta folha é importante devido a grande influência que ela possui sobre a produção do grão, pois a fotosíntese provê a energia para o desenvolvimento do grão. Várias medições podem ser efetuada nela: comprimento, largura e angulo de inserção com respeito a panícula. No presente trabalho, foram avaliados o comprimento e largura da folha bandeira.

O comprimento nas noventa famílias estudadas foi de 13,0 a 29,8 cm. Na Tabela 11, estão agrupadas as famílias segundo o RC_1, e os valores observados para cada uma delas. As médias para cada grupo estão em torno de 20 cm, com exceção do grupo RC1-52 onde a média foi de 16,9 cm. O valor para o comprimento da folha bandeira observado no parental recorrente foi de 21,2 cm. Trinta e quatro das noventa famílias apresentaram valores entre 20 e 23 cm, como as variedades controle e parental recorrente

Tabela 11. Valores médios para comprimento da folha bandeira, em cm, para cada família. Média e Desvio Padrão para cada grupo segundo o RC1 de origem.

	RC1-08	RC1-12	RC1-14	RC1-33	RC1-41	RC1-49	RC1-52	RC1-59
	19,8	14,3	18,5	20,4	18,7	25,0	14,8	26,1
	20,4	19,7	22,0	18,6	18,9	17,9	18,8	13,8
	21,3	20,7	22,3	22,3	20,7	24,9	17,6	22,1
	23,3	16,4	19,7	22,0	15,1	22,6	19,8	18,2
	20,7	16,8	19,4	22,1	20,8	22,4	14,6	
	20,5	19,9	15,6	22,0	17,7	22,9	18,5	
	18,0	20,2	18,8		17,2	22,2	17,8	
	22,5	22,3	17,9		18,6	21,4	18,3	
	24,7	14,2	17,7		22,3	20,7	16,0	
	21,9	22,1	19,2		24,5	17,3	19,2	
	23,0		18,4			20,4	16,4	
	29,8		25,6			22,9	15,8	
			18,5			20,3	13,0	
			23,1			19,5	13,9	
			17,2			19,1	16,6	
			24,4				16,4	
							20,3	
Média	22,2	18,7	19,9	21,2	19,4	21,3	16,9	20,0
SD	3,0	3,0	2,8	1,5	2,7	2,3	2,1	5,2

Veasey (2001), encontrou valores entre 13,76 e 33,05 cm para diferentes populações de *O. glumaepatula*, mostrando que existe grande variabilidade para este caracter dentro desta espécie. O grupo RC1-52 apresentou valores menores ao parental recorrente, mas semelhantes aos presentes na espécie selvagem utilizada no cruzamento inicial. Valores maiores também foram encontrados no presente ensaio, mostrando que o material no seu conjunto possui grande variabilidade para este caráter. Se comparados os valores de comprimento da panícula com os de comprimento da folha bandeira observamos que o primeiro apresenta valor menor. Em algumas famílias esta diferencia foi bastante pronunciada , o comprimento da panícula foi maior a 5 cm em relação a folha bandeira quando no parental recorrente é apenas de 2 cm.

No que se refere a largura da folha bandeira, os valores observados nas noventa famílias variaram entre 0,8 e 1,8 cm. A Tabela 12 mostra os valores de cada famílias agrupadas segundo o RC1.

Tabela 12. Valores médios para largura da folha bandeira (em cm) para cada família. Média e o Desvio Padrão para cada grupo segundo o RC1 de origem.

	RC1-08	RC1-12	RC1-14	RC1-33	RC1-41	RC1-49	RC1-52	RC1-59
	1,1	1,1	1,0	1,3	1,4	1,1	1,0	0,8
	1,0	1,1	1,0	0,9	0,9	0,9	1,0	1,3
	0,9	1,0	1,1	0,9	0,9	1,0	1,0	1,1
	1,0	1,0	1,0	1,0	0,8	1,1	1,1	1,0
	0,9	1,0	1,0	1,1	0,9	1,1	0,9	
	0,9	1,2	1,0	1,0	1,0	1,1	1,8	
	1,0	1,1	1,0		0,9	1,0	1,1	
	1,1	1,4	1,1		0,8	1,0	1,0	
	1,0	1,0	1,2		1,3	1,1	1,0	
	0,9	1,0	1,0		0,9	0,9	1,0	
	1,0		1,1			1,0	1,0	
	1,1		1,3			1,1	1,0	
			1,4			1,0	0,8	
			1,1			0,9	1,0	
			1,2			0,9	1,1	
			1,3				1,0	
							0,9	
Média	1,0	1,1	1,1	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0
SD	0,1	0,1	0,1	0,2	0,2	0,1	0,2	0,2

O valor obtido no parental recorrente foi de 1 cm, a maioria das famílias apresentou um valor entre 1,0 e 1,1 cm, valores semelhantes ao parental recorrente. Veasey (2001), observou para este caráter valores entre 1,18 e 2,27 cm nas populações de *O. glumaepatula*, valores superiores aos observados no presente trabalho.

Para ambos parâmetros, os valores obtidos são mais próximos ao parental recorrente que a espécie *O. glumaepatula*, mostrando que existe grande variabilidade entre o material avaliado. Tanto o comprimento como a largura da folha bandeira são caracteres quantitativos constituídos por grupos génicos diferentes, mas as relações genéticas entres eles não são muito claras (Yamagata, 1997). Isto é visível se

reparamos que a família com maior comprimento não apresentou a largura de valor maior. No material avaliado, provavelmente existam mais alelos de *O. glumaepatula* para o comprimento da folha bandeira do que para a largura. Uma análise com marcadores moleculares de DNA poderia revelar se estes alelos selvagens estão presentes em este material.

4.1.8 Numero de espiguetas por panículas

O número de espiguetas por panícula é uma caráter relacionado a produtividade porque cada espigueta pode potencialmente formar um grão. Apesar de no ser a forma de avaliar densidade da panícula, este parâmetro permite inferir sobre a ela. O valores mínimo e máximo encontrados no total de famílias avaliadas foram 44 e 158 espiguetas por panícula. Na Figura 11 estão representado o histograma formado pela freqüência de famílias para cada classe, com uma seta se indica a classe onde se localizaria o parental recorrente.

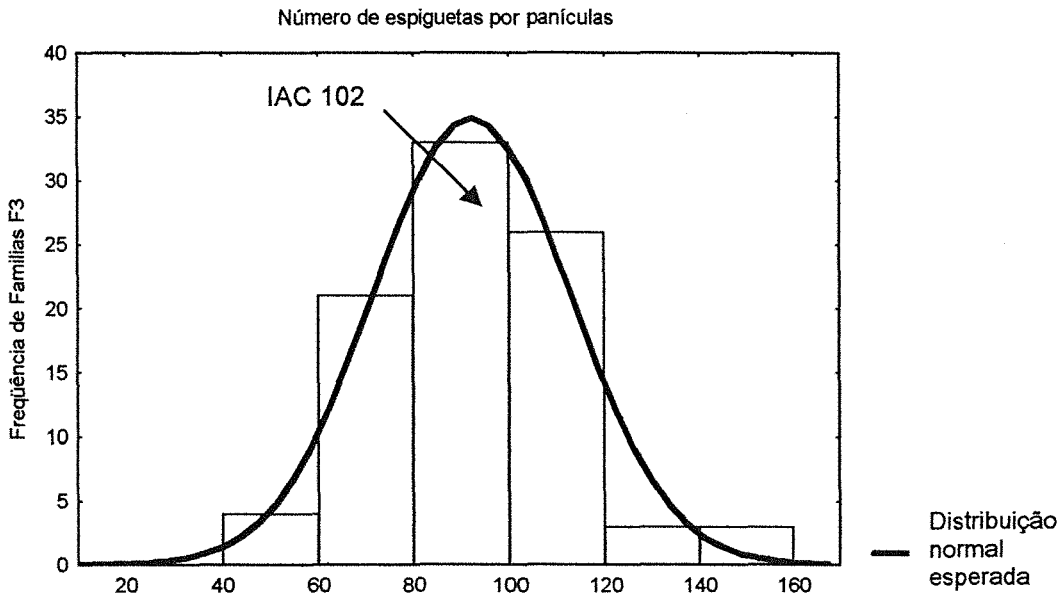


Figura 11 - Histograma para o número de espiguetas por panícula para o total de famílias avaliadas. A seta indica a classe onde se localizaria o parental recorrente, a variedade IAC102.

No histograma observa-se que algumas famílias apresentaram valores superiores ao presente no parental recorrente. Uma alta quantidade de espiguetas na panícula é uma característica presente na espécie cultivada, enquanto que a espécie *O. glumaepatula* apresenta paniculas pouco densas. Xiong et al (1999) observou que os indivíduos F1 e alguns indivíduos F2 do cruzamento entre *O. rufipogon* e *O. sativa* apresentaram valores muitos superiores a ambos parentais, inferindo-se que existiria um efeito heterótico quando alelos da espécie domesticada e alelos de espécies selvagens se confrontam. Brondani et al. (2001), também relatam valores transgressivos para este caráter em famílias de RC2 envolvendo a espécie *O. glumaepatula*.

Na Tabela 13, as 90 famílias estão separadas em grupos de acordo com o seu respectivo RC1. Em todos os grupos observa-se grande variabilidade para este caráter.

Tabela 13. Valores médios para número de espiguetas por panícula para cada família, e média e desvio padrão para cada grupo segundo o RC1 de origem.

	RC1-08	RC1-12	RC1-14	RC1-33	RC1-41	RC1-49	RC1-52	RC1-59
	87	44	97	86	75	100	116	66
	94	62	107	79	81	81	112	65
	103	83	102	89	85	99	84	111
	110	60	91	118	67	100	76	96
	93	69	90	93	115	107	61	
	88	115	77	113	92	117	111	
	109	77	76		79	94	83	
	103	87	107		84	90	97	
	125	48	76		111	158	79	
	97	74	102		120	87	102	
	101		85			107	102	
	148		126			86	87	
			68			94	60	
			145			71	73	
			70			91	83	
			121				86	
							73	
Média	105	72	96	96	91	99	87	84
SD	17	21	22	16	18	20	17	23

A média por grupo mais alta corresponde ao grupo RC1-08 que também apresenta uma média alta para altura de planta e comprimento da panícula. Brondani et al. (2001), observou alguns marcadores de DNA fortemente associados tanto ao número de espiguetas como à produtividade. Xiao et al (1998), observou que alelos do parental selvagem de caracteres relacionados à produtividade que produzem um aumento dela, muitas vezes encontram-se associados a alelos que incrementam a altura da planta, sendo que valores elevados para este último caráter não são desejável nas variedades modernas.

4.1.9 Ausência de arista

A presença da arista é uma característica selvagem que protege os grãos do ataque dos pássaros, mas é indesejável nas variedades modernas do arroz por dificultar o debrulhamento e a retirada da casca. Nas espécies selvagens do gênero *Oryza* este caráter varia em comprimento e cor.

Na Figura 12 estão representadas o número de famílias que apresentaram presença ou ausência de arista, que por sua vez, foram agrupadas segundo sua origem (RC_1).

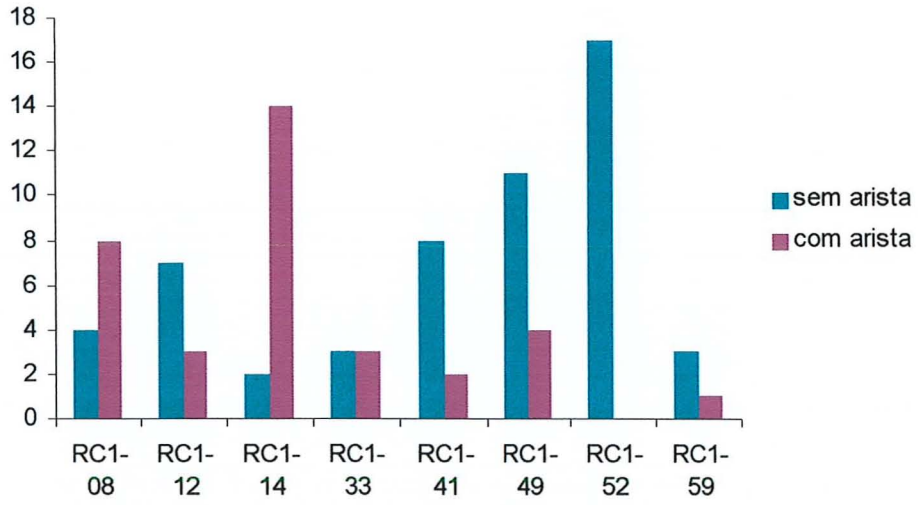


Figura 12 – Freqüência das família para presença e ausência de arista dentro de cada grupo.

O número de famílias em cada classe foi diferente para cada grupo. Apesar dos grupos RC_1-12 e RC_1-14 apresentarem a mesma origem, a freqüência de famílias com e sem arista foi diferente. Nos grupos RC_1-49 e RC_1-52, que possuem também uma origem em comum tanto para o ancestral selvagem como o parental recorrente, a maioria das famílias não apresentaram aristas, Já no grupo RC1-52 nenhuma delas.

O comprimento da arista foi variável entre as famílias com arista. Em algumas, este variou entre panículas dentro da família e em outras também houve variação entre as espiguetas da mesma panícula. A cor das aristas em todos os casos foi amarela.

Devido ao fato de que nas famílias com arista nem todas as plantas dentro da parcela apresentaram este caráter, estimou-se a percentagem de panículas sem arista. Na Tabela 14, estão representados os valores obtidos para a percentagem de panículas sem aristas, alem das famílias estarem agrupadas segundo sua origem (RC_1).

Tabela 14. Valores médios para panícula sem arista para cada família, média e desvio padrão para cada grupo segundo o RC_1 de origem.

	RC_1-08	RC_1-12	RC_1-14	RC_1-33	RC_1-41	RC_1-49	RC_1-52	RC_1-59
	26	100	18	21	100	88	100	100
	33	100	36	100	100	27	100	91
	50	100	37	41	100	100	100	100
	25	100	0	68	100	100	100	100
	21	38	67	100	100	100	100	
	7	100	18	100	100	98	100	
	100	100	100		82	100	100	
	41	21	100		100	87	100	
	90	100	0		78	100	100	
	100	92	66		100	100	100	
	100		69			100	100	
	100		0			100	100	
			17			100	100	
			97			100	100	
			22			100	100	
			0				100	
							100	
Média	58	85	40	72	96	93	100	98
SD	37,1	29,6	37,4	34,6	8,4	18,9	0,0	4,7

Os valores menores que 100 correspondem às famílias com arista que não tiveram uniformidade deste caráter dentro da parcela. Das 90 famílias, duas delas apresentaram todas as plantas com arista (PPSA=0), ambas pertencentes ao grupo RC_1-14. A variação encontrada entre esses dois extremos deve-se ao fato de que este caráter está governado por quatro genes e que a presença da arista é dominante sobre a ausência. A grande segregação encontrada nas famílias pode ser explicada pela prescencia alelos provenientes de *O. glumaepatula* que contribuem para este caráter. As plantas da geração anterior que formaram estas famílias não foram selecionadas para ausência de arista. Na Figura 13, se observam panículas com aristas na família $RC_1$0806, onde podem observar-se diferentes comprimentos da arista entre duas panículas e também percentagens diferentes de espiguetas com arista.

Figura 13 – Panículas da família $RC_1$0806. a- panículas com comprimento de arista diferente, b- panícula com arista curta, c e d- panículas com arista comprida.

Arista é um caráter que foi perdido durante o processo de domesticação. Veasey (2001), relata que as populações de *O. glumaepatula* apresentam grande variabilidade tanto em comprimento como em cor da arista. Os valores obtidos para

estas populações vão de 3,5 cm a 6,5 cm de comprimento. Nas famílias avaliadas neste trabalho observa-se que o comprimento da arista é menor que os valores obtidos para populações naturais, indicando uma rápida redução ao passar das gerações.

4.1.10 Cor da casca

As variedades cultivadas apresentam casca de cor dourada, enquanto que na espécie selvagem *O. glumaepatula* a cor da casca é preta. Nas sementes RC_1F1 algumas eram de cor marrom e outras de cor dourada. As sementes produzidas por plantas RC_1F2 selecionadas para formar a geração RC_1F3 não apresentavam casca de cor preta. No entanto, algumas famílias F3 apresentaram panículas com espiguetas de casca de cor preta. Das 90 famílias avaliadas no presente trabalho, seis apresentaram esta característica. A produção de espigueta com casca de cor preta não foi uniforme dentro da parcela, indicando segregação do caráter dentro da família.

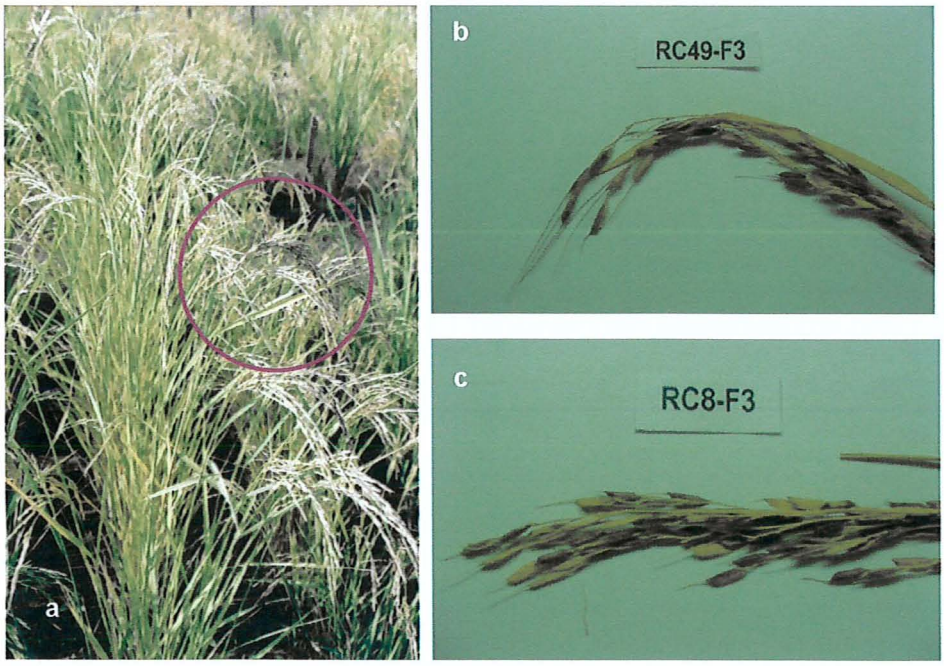


Figura 14 – Panículas como espiguetas de casca cor preta a- parcela da família F3, RC_10830. b e c- panícula com espiguetas de casca cor preta.

Quando as famílias são separadas em grupos, nem todos eles apresentam famílias segregantes para a cor da casca, como se observa na Tabela 15.

Tabela 15. Número de famílias com espiguetas de casca dourada e preta para cada grupo segundo o RC1 de origem.

	RC1-08	RC1-12	RC1-14	RC1-33	RC1-41	RC1-49	RC1-52	RC1-59
casca dourada	11	10	16	5	10	13	16	4
casca preta	1	0	0	1	0	2	1	0

Segundo Sasahara (1997), a coloração preta estaria controlada por três genes, um deles estaria relacionado a uma reação química de compostos fenólicos que provocariam esta cor. A análise da herança deste caráter na RC_1F2 permitirá entender a segregação do caráter nas famílias RC_1F3.

4.1.11 Fertilidade

A fertilidade é um caráter relacionado a produtividade, por referir-se à formação do grão. Para uma variedade, a fertilidade não pode ser menor que 90%. Num cruzamento interespecífico a fertilidade é afetada por problemas na formação de gametas e, consequentemente, na formação do grão. O encontro de dois genomas provoca instabilidade na segregação do material genético e esterilidade. No cruzamento interespecífico inicial, as plantas resultantes foram macho estéreis. A aplicação de hormônios foi necessária para a obtenção dos indivíduos RC_1F1. A partir desta geração a fertilidade foi aumentando. Na geração RC_1F2 o aumento na produção de grãos permitiu formar a próxima geração (RC_1F3) para uma avaliação a campo.

No princípio o aumento foi porque no RC1, 75% do genoma provem da espécie *O. sativa* , 25% a mais que no híbrido interespecífico, onde cada espécie contribui com 50% do material genético. As gerações posteriores formaram-se por indivíduos que produziram uma quantidade de semente significativa para passar para a próxima geração. Estes indivíduos provavelmente apresentam uma pequena quantidade de genoma da espécie *O. glumaepatula* aumentando a estabilidade na segregação do material genético. A recuperação da fertilidade ao longo das gerações

deve-se ao fato de que a quantidade de material genético de *O. sativa* nos indivíduos foi cada vez maior.

Para o material avaliado no presente trabalho, a fertilidade foi estimada pela percentagem de grãos por panícula. Esta percentagem variou de 50,5 até 95,8 %. Das 90 famílias RC_1F3, 16 apresentaram uma percentagem de grãos maior que 90 %, mas a maioria delas apresentou um valor entre 80 e 90 %.

Na Tabela 16, as famílias foram reunidas em grupos originadas a partir do mesmo RC1, estimando-se as média e o desvio padrão para cada grupo. A média para cada grupo foi cerca de 80%, mas as famílias com percentagem maior que 90% se distribuíram nos grupos RC_1-08, RC_1-12, RC_1-14, RC_1-33 e RC_1-52.

Tabela 16. Percentagem de grãos por panícula obtida em cada família agrupada em grupos segundo o RC_1 de origem. Média e Desvio Padrão para cada grupo.

	RC_1-08	RC_1-12	RC_1-14	RC_1-33	RC_1-41	RC_1-49	RC_1-52	RC_1-59
	78,7	72,1	90,7	74,9	78,4	72,3	91,9	61,1
	50,5	78,2	82,5	94,5	82,0	83,4	90,9	84,1
	74,9	86,7	84,3	93,6	77,9	61,4	90,1	89,1
	88,3	72,5	91,6	90,0	60,2	81,5	65,9	86,9
	69,5	73,7	69,7	89,3	75,8	76,1	82,6	
	71,4	90,5	89,8	95,8	75,6	59,8	90,4	
	91,9	80,1	90,3		88,1	70,9	92,3	
	91,5	83,0	60,1		73,4	88,1	82,3	
	77,9	66,6	82,0		88,0	81,3	88,7	
	88,3	79,5	76,9		64,1	72,1	89,4	
	81,3		76,7			72,3	88,1	
	88,4		70,3			72,1	82,4	
			82,7			82,9	69,7	
			81,9			70,7	65,1	
			88,1			60,2	90,6	
			88,3				89,9	
							78,0	
Média	79,4	78,3	81,6	89,7	76,3	73,7	84,0	80,3
SD	11,9	7,3	8,9	7,7	9,0	8,7	9,1	12,9

Xiao et al (1998), em famílias RC_2 oriundas de um cruzamento entre *O. sativa* e *O. rufipogon*, encontrou valores entre 35 e 85 % para a percentagem de grãos por panícula. Eles encontraram sete QTLs para este caráter neste material, sendo que dois

deles possuíam alelos que incrementavam a percentagem e os outros cinco estavam constituídos por genes de efeitos negativos. A percentagem de genoma de *O. rufipogon* neste material teve uma média de 4,5 %, estimada por análise de marcadores de DNA.

4.1.12 Produtividade

A produtividade no arroz está determinada por vários fatores como número de panículas por planta , número de espiguetas por panícula, fertilidade, altura da planta, entre outros. Nas famílias avaliadas no presente trabalho foi estimada a produtividade para cada uma delas. Na Figura 15 está representado o histograma de produtividade para estas famílias, onde se indica a classe fenotípica para o parental recorrente.

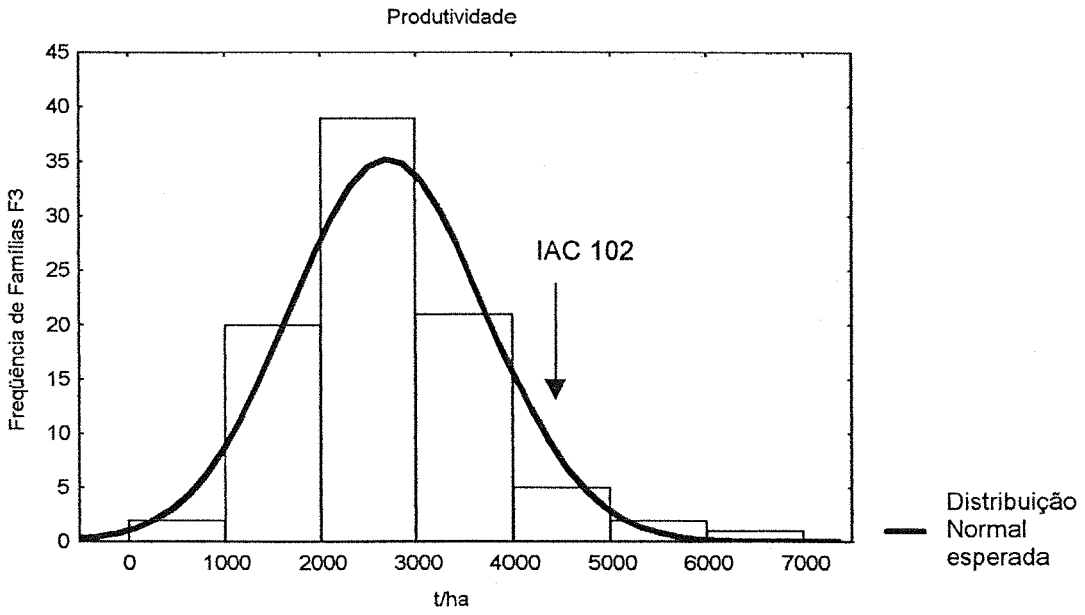


Figura 15 - Histograma para produtividade para o total de famílias avaliadas. A seta indica a classe onde se localizaria o parental recorrente, a variedade IAC102.

No histograma observa-se que uma pequena parte das famílias apresenta valores superiores ao parental recorrente, até uns 45% a mais. As famílias foram agrupadas pelo RC1 que as originaram, como se observa na Tabela 17. Também foram estimados a média e o desvio padrão para cada grupo. O valor mínimo para

produtividade foi 714 t/ha e máximo foi 6,286 t/ha, sendo que o valor obtido para o parental recorrente foi de 4,381 t/ha. Um total de 10 famílias tiveram produtividade similar ou superior ao parental recorrente. A maioria das famílias se comportou com uma performance menor que o parental para este caráter.

Tabela 17. Produtividade (t/ha) em cada família agrupada em grupos segundo o RC_1 de origem. Média e Desvio Padrão para cada grupo.

	RC_1-08	RC_1-12	RC_1-14	RC_1-33	RC_1-41	RC_1-49	RC_1-52	RC_1-59
	1571	1714	2857	2429	2143	2429	4571	2143
	1714	1286	3429	2714	2143	2000	2571	2714
	2429	2714	3714	2857	2000	1286	3286	4429
	3571	1857	4286	3143	714	1857	1857	2286
	2429	2714	857	6286	2714	2143	2000	
	1714	3286	2143	4429	3286	2429	3857	
	5000	2143	3000		2429	2857	2714	
	4000	3143	1571		2143	3000	3143	
	2714	1143	2143		3857	3571	2286	
	2286	2000	2143		2286	1571	3857	
	2286		2143			2286	3143	
	5429		2857			3286	3286	
			3286			2286	1714	
			3857			2143	1714	
			3286			1143	2714	
			5143				3714	
							2000	
Media	2929	2200	2920	3643	2371	2286	2849	2893
SD	1289	741	1075	1470	831	689	856	1052

Xiao et al. (1996), encontraram dois QTLs provenientes da espécie selvagem *O. rufipogom* que incrementaram a produtividade para famílias RC_2. Estes não mostraram efeitos sobre outros caracteres relacionados, tais como para de peso de 1000 grãos ou altura da planta. Brondani et al. (2001), também relata uma superioridade da produtividade de algumas famílias RC_2 originarias de um cruzamento interespecífico entre *O. sativa* e *O. glumaepatula* em relação ao parental recorrente.

Estes resultados revelam que genes presentes nas espécies selvagens que incrementam a produtividade estariam mascarados por outros caracteres indesejáveis no melhoramento, mas poderiam ser detectados por marcadores de DNA e posteriormente introgredidos nas variedades modernas de arroz. As famílias que

apresentaram maior produtividade poderão ser selecionadas como possíveis progenitores ou material melhorado, dependendo da presença de caracteres indesejáveis como altura elevada, algum resquício de deiscência, presença de arista, entre outros.

4.2 Divergência entre famílias pela análise de agrupamento

A análise de agrupamento quando aplicada no melhoramento, permite estabelecer distâncias entre variedades e separar grupos heteróticos para posteriores cruzamentos. No presente trabalho realizou-se esta análise com o intuito de visualizar a divergência entre as famílias avaliadas e as variedades de arroz irrigado. Para facilitar a análise de agrupamento, as 90 famílias foram divididas em grupos segundo o RC_1 da qual se originaram. Esta divisão permitiu identificar os caracteres que separaram as famílias dentro de cada grupo. Para a obtenção dos dendrogramas utilizaram-se o total de caracteres agronômicos avaliados.

4.2.1 Grupo RC_1-08

Na Figura 16 está representado o dendrograma resultante do agrupamento entre as famílias originadas do RC_1-08, o parental recorrente e as variedades controle. Para facilitar a visualização do gráfico as famílias foram identificadas com o último par de números, o que indica a planta da geração RC_1F_2 de qual se originou.

A análise de agrupamento discriminou cinco grupos diferentes. O grupo I esta formado pelas variedades controle e o parental recorrente e a disposição deste grupo se manteve constante em vários dendrogramas. A variedade IAC 4440 ficou separada das outras quatro variedades, esta é uma variedade com alta produtividade lançada no ano de 1982, e é freqüentemente utilizada como progenitora nos programas de melhoramento. O grupo II está constituído por 9 famílias; neste grupo as famílias estão associadas por várias características, que diferem substancialmente do parental como a presença de arista, altura de planta, arquitetura de planta ou menor produtividade, mas em outras são bastante similares como largura e comprimento da folha bandeira, cor da casca, número de panículas por planta ou número de espiguetas por planta.

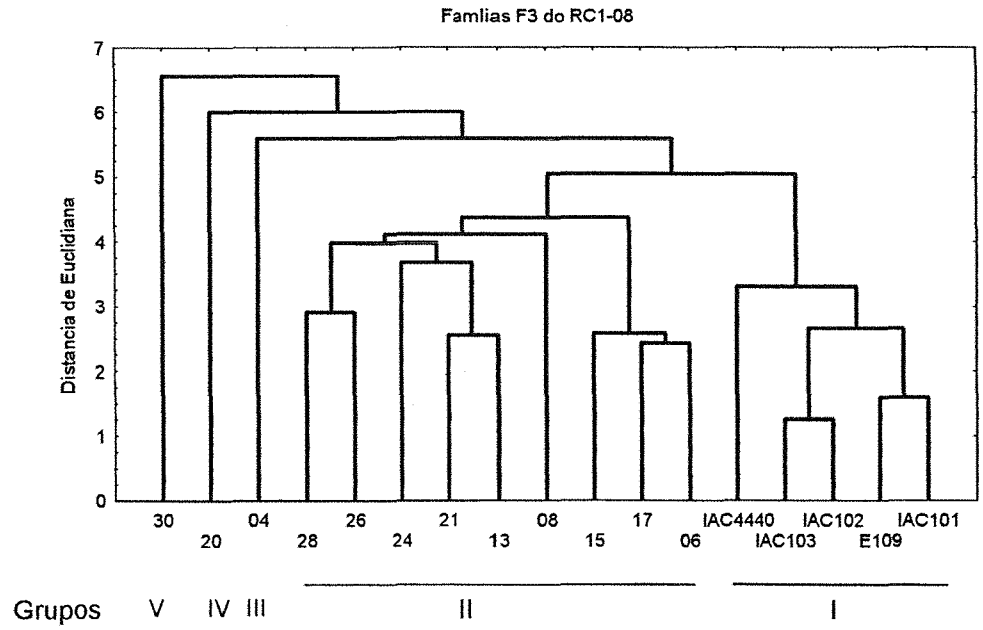


Figura 16 - Dendrograma obtido pela análise de agrupamento com 13 caracteres agronômico, utilizando a distancia Euclidiana e método UPGMA para famílias F_3 do $RC_1$08 e variedades de arroz irrigado.

O grupo IV formado pela família 20, apresenta porte baixo mas casca de grão de cor preta e presença de arista nas espiguetas; no entanto para o grupo III (família 4) a distância está explicada pela menor largura e menor comprimento da panícula. O grupo V, constituído pela família 30, é o mais distante porque apresenta algumas características bastante diferentes das variedades, tais como maior altura, alta produtividade (maior que o parental recorrente), número maior de espiguetas por panículas e também o maior comprimento de panícula.

4.2.2 Grupo RC_1-12

No dendrograma da Figura 17, a análise de agrupamento divide as famílias do RC_1-12 e as variedades em cinco grupos. O grupo I corresponde às variedades controle e ao parental recorrente. O grupo II corresponde a famílias, com uma performance semelhante ao parental, mas com um grau de degranação intermediário e baixa produtividade quando comparada com o a variedade IAC 102. O grupo V está constituído por duas famílias que apresentam arquitetura mais próxima ao parental

selvagem, tipo aberto. As famílias 14, 11 e 16 apresentaram arista, encontrando-se mais distantes das variedades de arroz irrigado.

A família 12, é a mais produtiva das famílias oriundas do RC_1-12 está associada ao grupo das variedades de arroz, não superando, no entanto, o parental recorrente, e se diferencia dele por possuir um comprimento de folha bandeira maior que o observado nas variedades.

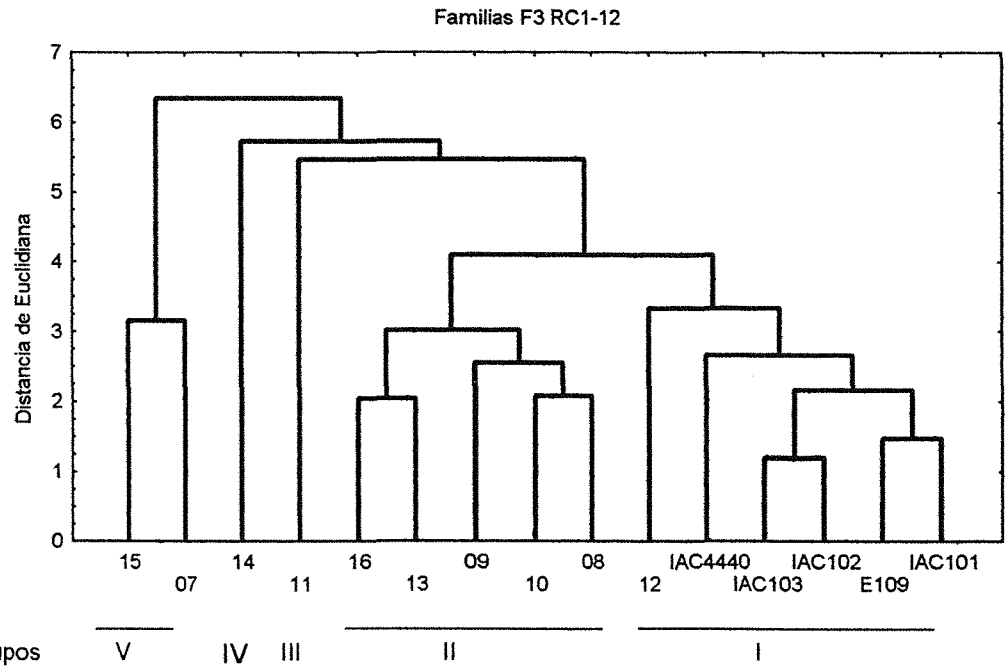


Figura 17 - Dendrograma obtido pela análise de agrupamento com 13 caracteres agronômico, utilizando a distancia Euclidiana e método UPGMA para famílias F_3 do $RC_1$12 e variedades de arroz irrigado.

4.2.3 Grupo RC1-14

A análise de agrupamento das famílias originadas do RC_1-14, o parental recorrente e as variedades controle, separou quatro grupos como se observa na Figura 18.

O grupo I está constituído pelo parental recorrente, as variedades controle e as famílias 12, 15 e 20. Este grupo é bastante heterogêneo, apresenta caracteres semelhantes ao parental recorrente como altura de planta, número de panícula por planta, cor da casca, arquitetura, mas diferem quanto à presença de arista. A família

15, que foi a mais produtiva do grupo, apresenta caracteres como menor comprimento da folha bandeira e maior comprimento da panícula.

O grupo II também apresenta famílias com arista e como fator comum possuem baixa percentagem de espigueta por panícula; a família 20 apresenta fertilidade mais baixa. Já o grupo III se distingue por apresentar famílias com produtividade e fertilidade alta, mas difere das variedades por apresentar arista, grau de degranação intermediário e panículas mais longas. Por último, o grupo V está constituído pela família 9 que apresenta arista, arquitetura do tipo aberto, altura maior e alta produtividade.

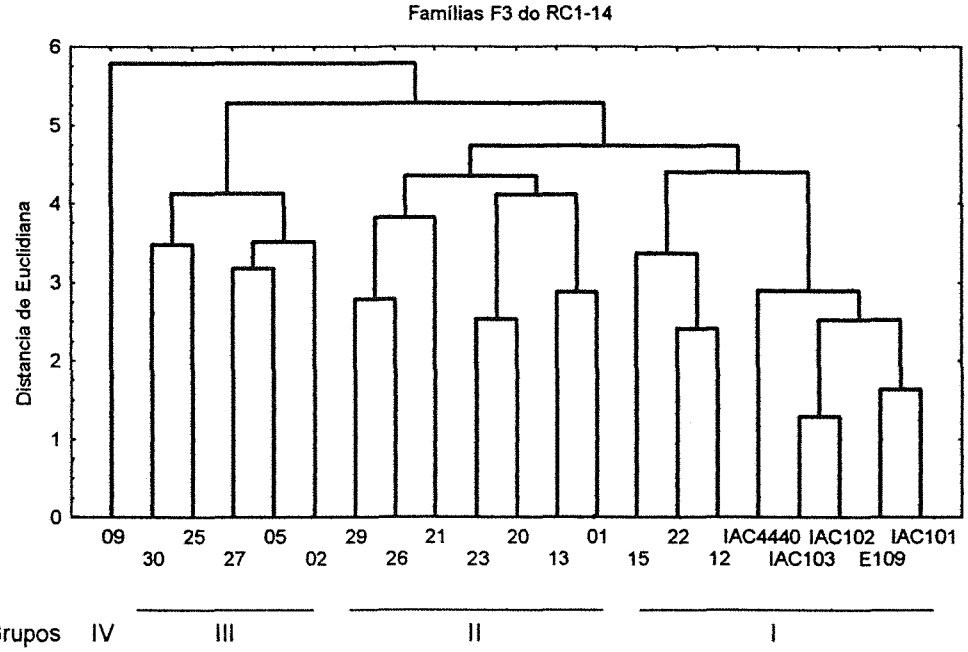


Figura 18 - Dendrograma obtido pela análise de agrupamento com 13 caracteres agronômico, utilizando a distancia Euclidiana e método UPGMA para famílias F_3 do $RC_1$14 e variedades de arroz irrigado.

4.2.4 Grupo RC_1-33

Como nos grupos anteriores, este está constituído pelas famílias originadas do RC_1-33, pelo parental recorrente e pelas variedades controle. A análise realizada separou os indivíduos em oito grupos (Figura 19). O grupo I corresponde às variedades

de arroz irrigado, e mantêm a disposição semelhante aos dendogramas anteriores. O grupo II está constituído pela família 10 que apresenta alta fertilidade mas um número baixo de espiguetas e degranação intermediária. O grupo III, formado pelas famílias 12 e 13, apresenta arista e alta fertilidade (maior que 90%).

Os grupos IV, V e VI, estão formados por uma família cada um. O grupo IV, família 17, apresenta maior comprimento de panícula, uma degrana firme, mas arquitetura do tipo esparramado. O grupo V, apresenta comprimento de panícula maior e a casca do grão de cor preta. O grupo VI, o mais distante, apresenta arista, baixa fertilidade e baixa produtividade, maior largura da folha bandeira, ou seja, todas as caraterísticas mais próximas à espécie selvagem.

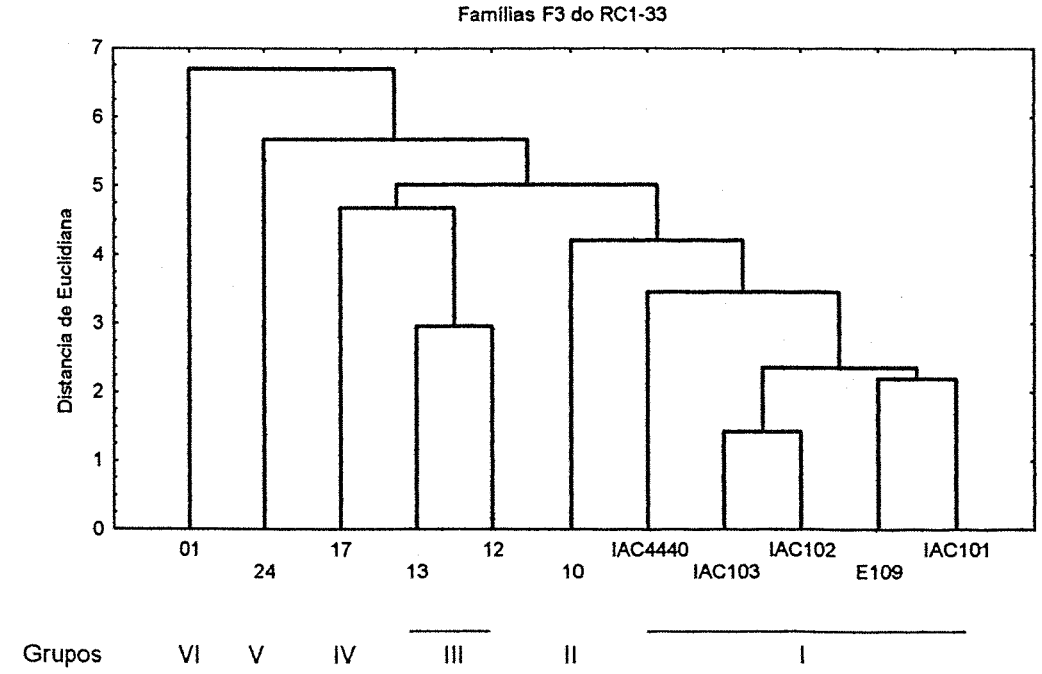


Figura 19 - Dendrograma obtido pela análise de agrupamento com 13 caracteres agronômico, utilizando a distancia Euclidiana e método UPGMA para famílias F_3 do $RC_1$33 e variedades de arroz irrigado.

4.2.5 Grupo RC1-41

A análise de agrupamento para as famílias de RC_1-41, o parental recorrente, e as variedades controle, separou os indivíduos em seis grupos (Figura 20).

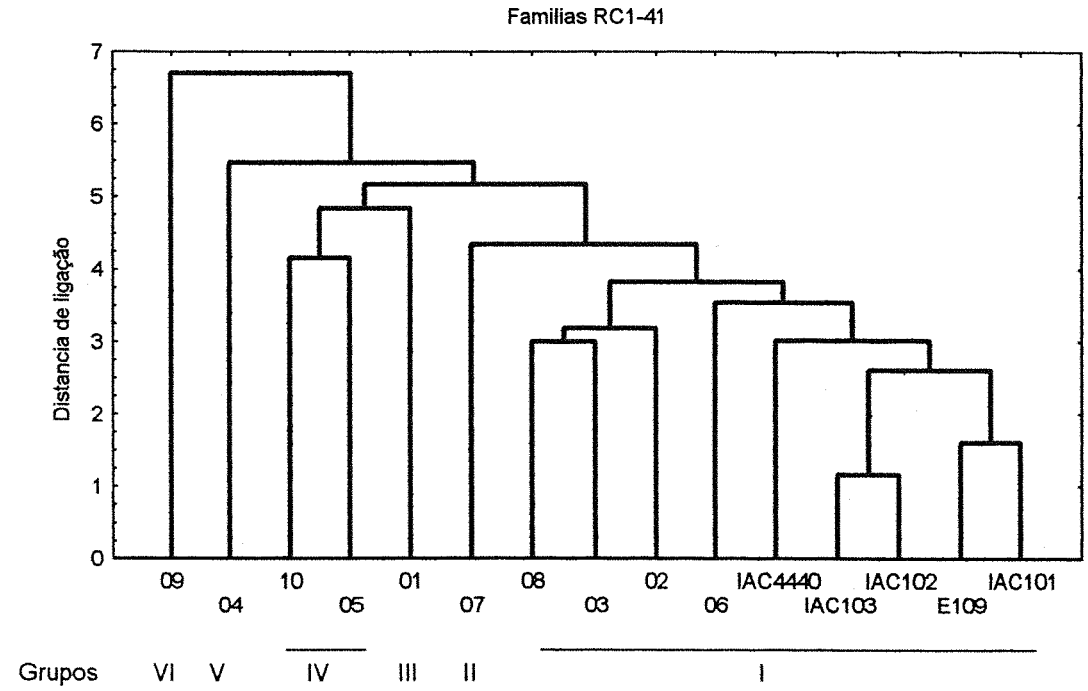


Figura 20 - Dendrograma obtido pela análise de agrupamento com 13 caracteres agronômico, utilizando a distancia Euclidiana e método UPGMA para famílias F_3 do $RC_1$41 e variedades de arroz irrigado.

O grupo I está constituído tanto pelas variedades de arroz irrigado como pelas famílias 2, 3, 6 e 8. Estas famílias apresentam uma morfologia semelhante ao parental; entretanto, apresentam baixa fertilidade e produtividade. O grupo II, formado pela família 7, também apresenta uma morfologia semelhante à cultivar IAC 102, mas possui arista. O grupo III apresenta características que se assemelham ao parental selvagem como arquitetura do tipo aberto, e grupo IV alem de apresentar esse tipo de arquitetura, também apresenta maior número de espiguetas mas baixa fertilidade. O grupo V apresenta um baixo número de panículas e menor comprimento da folha bandeira. Por último, o grupo VI, apresenta maior altura, maior produtividade, maior

comprimento de panícula, maior largura da folha bandeira e maior número de espiguetas por panícula.

4.2.6 Grupo RC_1-49

O dendrograma resultante das análises de agrupamento para as famílias originarias do RC_1-49, se observa na Figura 21. Nele se identificam oito grupos.

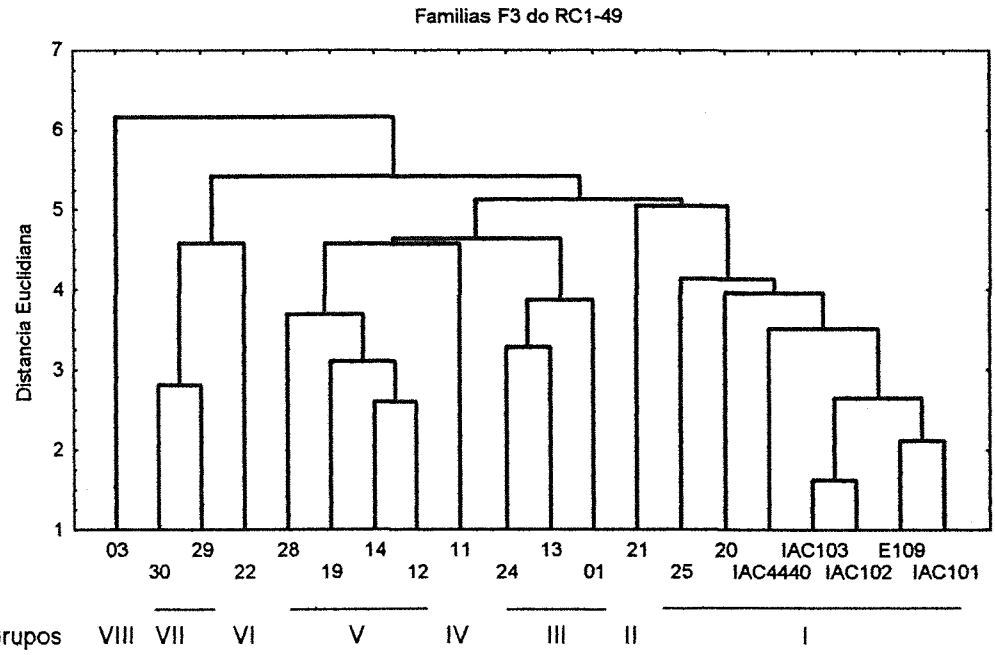


Figura 21 - Dendrograma obtido pela análise de agrupamento com 13 caracteres agronômico, utilizando a distancia Euclidiana e método UPGMA para famílias F3 do $RC_1$49 e variedades de arroz irrigado.

O grupo I está constituído pelas variedades controle, pelo parental recorrente e pelas famílias 20 e 25. Na maioria dos caracteres estas famílias são similares ao parental recorrente, apresentando, no entanto, menor produtividade e degrana intermediária. A família 25 apresenta algumas panículas com casca de cor preta, mas sua percentagem é pequena. O grupo II, constituído pela família 21, apresenta a maior produtividade entre as famílias originadas do RC_1-49 e o maior número de espiguetas,

embora a fertilidade seja media. O grupo III, que inclui a família 1, 13 e 24, apresenta maior número de espiguetas e baixa fertilidade; as famílias 1 e 13 apresentam maior comprimento de panícula. O grupo IV apresenta maior comprimento de panícula que o parental. O grupo V esta constituído por famílias que apresentam degranação média, maior comprimento de panícula, maior número de espiguetas e baixa produtividade. O grupo VI apresenta casca do grão de cor preta. Os grupos VII e VIII estão mais distantes das variedades por apresentarem menor número de panícula, menor fertilidade e menor comprimento da folha bandeira.

4.2.7 Grupo RC_1-52

A análise de agrupamento separou o material em cinco grupos (Figura 22). O grupo I corresponde ao parental recorrente e às variedades cultivadas. As famílias do grupo II possuem características semelhantes para comprimento de panícula, comprimento e largura da folha bandeira, cor da casca do grão., mas é heterogêneo para outros caracteres porque agrupa indivíduos com diferenças de altura (aproximadamente 10 cm), e diferentes ângulos para o colmo (de ereto até aberto). O grupo III também é semelhante ao parental recorrente apresentando diferenças no ângulo do colmo e maior comprimento da panícula. O grupo IV, constituído pela família 1, apresenta maior número de espiguetas e degrana do tipo difícil.

Os mais distantes são os grupos V, VI, VII e VIII. O grupo V, está constituído por famílias de baixa produtividade. Entretanto, uma é de tipo aberto e as outras duas apresentam tipo ereto. O grupo VI apresenta as menores alturas, os menores comprimentos de panícula e menores números de espigueta. Os grupos VII e VIII estão constituídos por uma família. A família 11 (grupo VII) tem fertilidade alta e apresenta largura da folha bandeira e comprimento de panícula maiores. O grupo VIII é o único em apresentar cor de casca preta.

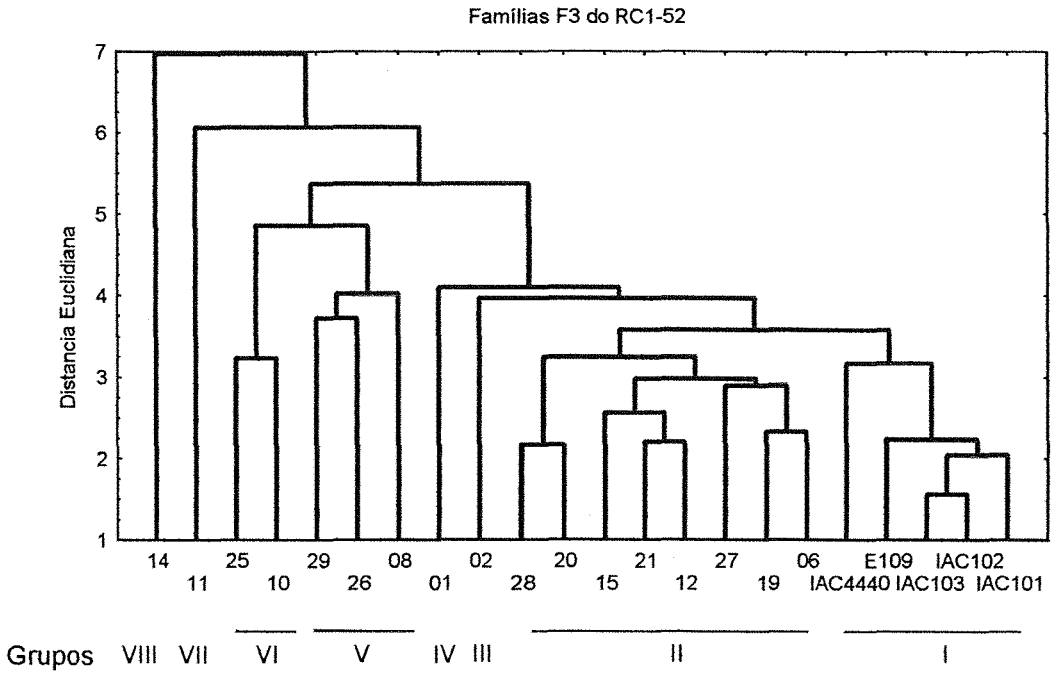


Figura 22 - Dendrograma obtido pela análise de agrupamento com 13 caracteres agronômico, utilizando a distancia Euclidiana e método UPGMA para famílias F_3 do $RC_1$52 e variedades de arroz irrigado.

4.2.8 Grupo RC_1-59

Na Figura 21, esta representado o histograma resultante da análises de agrupamento para as famílias oriundas do RC_1-59 e variedades avaliadas no presente trabalho. Em geral as famílias incluídas nesta análise apresentam semelhança com as variedades na maioria dos caracteres avaliados, como fertilidade, comprimento de panícula, comprimento e largura de folha bandeira numero de panícula por plantas entre outros.

Esta analise separou três grupos, o primeiro corresponde as variedades controles, o parental recorrente e família 20. Esta família apresenta semelhança com as variedades cultivadas e uma produtividade igual ao parental, mas um ângulo do colmo maior a 30°, já o grupo II apresenta o tipo aberto e é menor produtividade. O grupo III se distancia das variedades por apresentar menor número de espiguetas por

panícula e uma degrana intermediária. O grupo IV apresenta percentagem de panículas com espiguetas de cor preta.

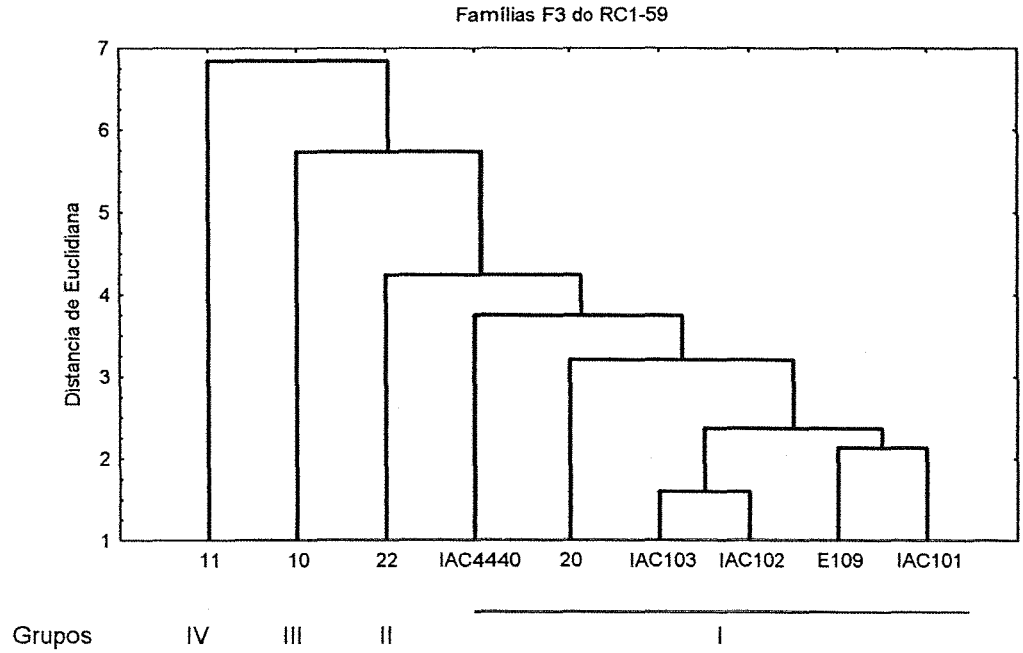


Figura 23 - Dendrograma obtido pela análise de agrupamento com 13 caracteres agronômico, utilizando a distancia Euclidiana e método UPGMA para famílias F_3 do $RC_1$59 e variedades de arroz irrigado.

4.2.9 Considerações gerais sobre a análise de agrupamento

A obtenção de grupos dentro de cada dendrograma revelou que as distância entres famílias e as variedades de arroz cultivada é importante. Mas a dificuldade de definir cada grupo por algum caráter que o excluísse do outro, indica que a contribuição do parental selvagem foi diferente para cada família. Quanto maior o número de famílias oriundas do mesmo RC_1 maior a discriminação de grupos. Interessante notar, que muitas vezes os grupos foram definidos por um ou dois famílias, isto revela que combinações únicas foram obtidas ao longo destas poucas gerações.

As famílias mais distantes as variedades não sempre foram as que apresentavam caracteres exclusivos da espécie selvagem como presencia de arista ou casca do grão de cor preta, e sem as que apresentavam maior acumulo de caracteres contrastantes. Como por exemplo nas famílias oriundas do RC_1-08, as famílias mas distantes apresentavam maior altura, maior comprimento e largura de panicula, arquitetura do tipo aberto, e produtividade superior que o parental. Muitas das famílias próximas as variedades apresentaram caracteres indesejável como degranação intermediária ou presencia de arista.

As variedades mantiveram a mesma disposição na maioria dos dendrogramas mas não foram separadas num grupo aparte, inferindo-se que para muitas famílias a quantidade do genoma de *O. glumaepatula* é pequena.

Outro ponto a remarcar são as famílias que provem do mesmo parental selvagem, é dizer, aqueles retrocruzamentos que provem da mesma planta F1, como são os pares RC_1-12 e RC_1-14, e RC_1-49 e RC_1-52. Eles apresentaram a mesma quantidade de grupos, mas a distancia entre eles foi diferentes, isto também seria um indicio que a contribuição do genoma de *O. glumaepatula* foi diferente para ambos grupos, como por exemplo nos grupos RC_1-49 e RC_1-52 que diferem com respeito a arquitetura e comprimento de folha bandeira.

4.3 Seleção visual de Famílias promissoras

Do total de 90 famílias, foram selecionadas 27 famílias que apresentaram uma performance semelhante ao parental, as que se enumeram na Tabela 18.

Tabela 18. Relação da famílias selecionadas visualmente.

RC1-08	RC1-12	RC1-14	RC1-33	RC1-41	RC1-49	RC1-52	RC1-59
RC0820F3	RC1210F3	RC1405F3	RC3310F3	RC4106F3	RC4914F3	RC5201F3	RC5910F3
RC0830F3	RC1212F3	RC1415F3	RC3312F3	RC4108F3	RC4919F3	RC5206F3	RC5920F3
	RC1213F3		RC3313F3	RC4109F3	RC4920F3	RC5228F3	
			RC3317F3		RC4921F3	RC5229F3	
			RC3324F3		RC4925F3		
					RC4929F3		

Estas famílias, com exceção da família F_3 RC0830 (Figura 24), apresentaram porte baixo, angulo do colmo do tipo ereta ou intermediária, casca do grão cor dourada, ausência de arista. Nem todas as famílias selecionadas visualmente foram as mais produtivas de cada grupo, pois algumas delas apresentaram arista, ou ângulo de colmo muito aberto.

As famílias selecionadas pertencentes ao grupo RC_1-08, apresentaram produtividade maior que o parental recorrente. A família RC0830F3, não apresentam uma altura desejável, mas caracteres de interesse para serem transmitidos as variedades modernas como maior número de espiguetas. No caso da família RC0820F3 apresentou alem destas características porte baixo.

Para os grupos RC_1-12 e RC_1-14 que apresenta a mesma origem para o parental selvagem (ambos provem da mesma planta F_1) a performance das famílias selecionadas foram semelhantes ao parental recorrente (Figura 25), entretanto a produtividade foi menor em relação a variedade IAC102.

Todas as famílias selecionadas do grupo RC_1-33 (Figura 26), apresentaram porte baixo. As famílias RC3313F3, RC3317F3 e RC3324F3, apresentaram panículas de comprimento maior e elevado número de espiguetas nas famílias RC3313F3 e RC3324F3. A família RC3317F3 foi a mais produtiva das 90 famílias avaliadas no presente trabalho mas ela apresentou um angulo do colmo do tipo aberto (Tabela 19).

As famílias selecionadas do grupo RC_1-41 foram todas de porte baixo a exceção da família RC4109F3 que apresentava caracteres indesejáveis como altura ou angulo do colmo aberto, mas elevado número de espiguetas, tornando-se um possível progenitor em posteriores cruzamentos.

Nos grupos RC_1-49 e RC_1-52, as famílias selecionadas apesar de serem semelhantes ao parental recorrente na maioria dos caracteres avaliados, ele apresentaram baixa fertilidade e produtividade. Já a família RC5920F3 pertencente ao grupo RC_1-59, apresentou uma produtividade igual ao parental recorrente.

Tabela 19. Valores obtidos nas famílias selecionadas para todos os caracteres morfo-agronômicos avaliados.

Família	ARQ	ALT	FLO	DEG	NMPP	PPSA	PCD	CP	CFB	LFB	NE/P	%GC	PROD
RC0820F3	4	77	80	2	1.09	100	95	24.48	18.00	1.03	109	92	5000
RC0830F3	3	118.4	80	3	1.08	100	100	27.06	29.75	1.08	148	88	5429
RC1210F3	1	73.6	78	4	1.18	100	100	21.38	16.41	0.98	60	72	1857
RC1212F3	1	85.6	80	1	1.08	100	100	25.13	19.88	1.17	115	90	3286
RC1213F3	1	84.4	76	3	0.85	100	100	23.33	20.21	1.08	77	80	2143
RC1405F3	1	90.2	81	4	1.14	37	100	26.65	22.31	1.11	102	84	3714
RC1415F3	1	75.8	88	4	1.10	100	100	23.70	18.81	0.99	76	90	3000
RC3310F3	1	77.6	78	4	1.09	100	100	21.56	18.63	0.86	79	94	2714
RC3312F3	4	88.8	80	4	1.16	41	100	22.79	22.33	0.95	89	94	2857
RC3313F3	3	85.75	78	4	1.11	68	100	24.32	21.98	1.04	118	90	3143
RC3317F3	5	92.4	73	2	1.19	100	100	24.62	22.06	1.09	93	89	6286
RC3324F4	1	85.8	78	3	0.95	100	97	25.94	22.02	1.04	113	96	4429
RC4106F3	1	69.8	78	3	1.08	100	100	22.44	17.73	1.01	92	76	3286
RC4108F3	2	72	80	1	1.06	100	100	21.60	18.57	0.84	84	73	2143
RC4109F3	5	122.4	79	2	1.03	78	100	33.37	22.25	1.30	111	88	3857
RC4914F3	3	74.2	80	4	1.02	98	100	24.33	22.91	1.07	117	60	2429
RC4919F3	3	78.6	85	4	0.98	100	100	22.58	22.16	1.00	94	71	2857
RC4920F3	1	67.2	78	4	1.18	87	100	23.42	21.44	0.95	90	88	3000
RC4921F3	1	73.2	78	4	1.01	100	100	23.23	20.69	1.06	158	81	3571
RC4925F3	1	70.4	82	2	0.96	100	98	22.31	22.92	1.07	86	72	3286
RC4929F3	1	73.2	84	4	0.88	100	100	23.43	19.52	0.85	71	71	2143
RC5201F3	3	71.7	80	1	1.01	100	100	23.39	14.77	1.04	116	92	4571
RC5206F3	6	77.8	91	2	1.08	100	100	22.09	17.56	1.05	84	90	3286
RC5228F3	1	75.8	78	4	0.99	100	100	22.23	16.39	0.97	86	90	3714
RC5229F3	1	78.4	85	4	1.12	100	100	21.74	20.32	0.87	73	78	2000
RC5910F3	1	74.2	85	4	1.05	100	100	22.13	26.07	0.83	66	61	2143
RC5920F3	3	89.8	79	2	1.07	100	100	23.65	22.06	1.09	111	89	4429

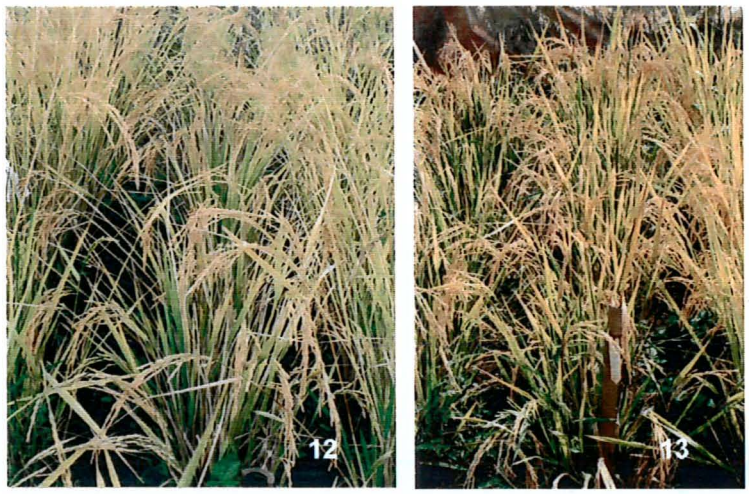
A divergência destas famílias em relação as variedades de arroz cultivado foi variável. Algumas delas foram agrupadas no mesmo cluster nos dendrogramas obtidos pela analise de agrupamento, outras foram localizadas muitos distantes, como por exemplo as famílias RC0820F3 e RC0830F3 no grupo RC_1-08.

A ampliação da base genética, através de cruzamentos interespecíficos, resulta de uma ferramenta útil, para a obtenção de material superior, como se observa em algumas famílias do presente trabalho. A incorporação de alelos de efeitos favoráveis provenientes de *O. glumaepatula* (Brondani et al., 2001) indicam o alto potencial da espécie nos programas de melhoramento como fonte de caracteres de interesse.

Famílias F_3 oriundas do $RC_1$08

Figura 24 - Famílias F3 do RC1-08, a família 20 selecionada visualmente, as famílias 4 e 21 apresentam comprimento de panícula superiores.

Famílias F_3 oriundas do $RC_1$12



Famílias F_3 oriundas do $RC_1$14

Figura 25 - Famílias F3 do RC1-12 e do RC1-14 que foram selecionadas, apresentam baixa fertilidade.

Famílias F_3 oriundas do $RC_1$33

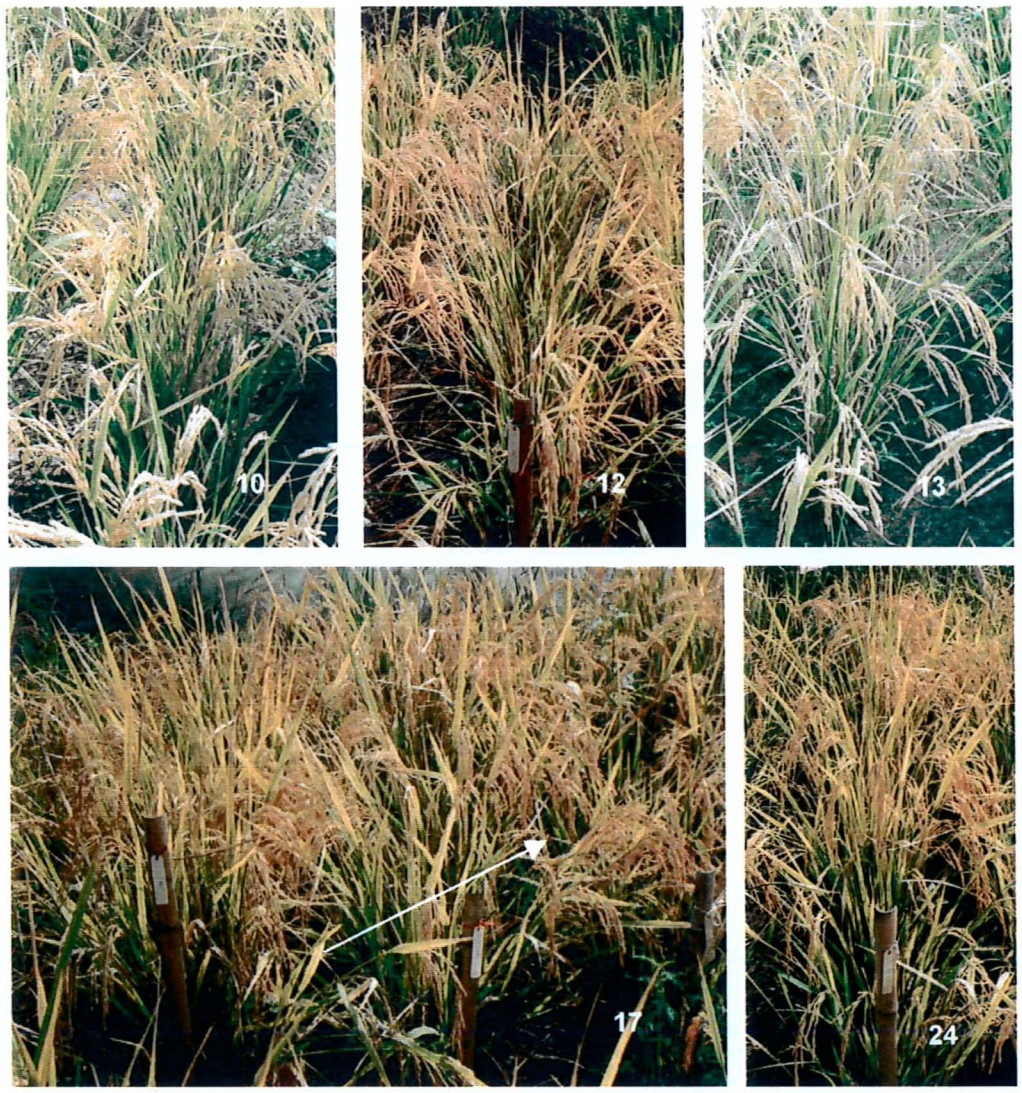


Figura 26 – Famílias F3 originarias do RC1-33. A família 17 indicada com uma seta apresentou produtividade superior ao parental recorrente.

5 CONCLUSÕES

Os resultados obtidos no presente trabalho permitem obter as seguintes conclusões:

- Houve uma rápida recuperação da fertilidade na geração RC1-F3 em relação a geração anterior, permitindo o avanço de gerações.

- As famílias avaliadas no presente trabalho apresentam divergência em relação ao parental recorrente em todos para todos os caracteres avaliados

- As famílias apresentam fenótipos transgressivos, positivos e negativos, em relação ao parental recorrente.

- Existe divergência entre as famílias e as cultivares avaliadas no presente trabalho, comprovadas pelas análises de agrupamento.

- Identificou-se de famílias com produtividade superior ao parental recorrente.

- Observou-se a presença de caracteres de interesse relacionado a produção, como o número elevado de espiguetas, que podem potencialmente ser transferidos às variedades de arroz cultivado.

- Existe um grande potencial na espécie *O. glumaepatula* como fonte de caracteres de interesse no melhoramento do arroz.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AMANTES-BORDEOS, A.D.; SITCH, L.A.; NELSON, R.; DALMACIO, R.D.; OLIVCA, N.P.; ASWIDINOOR, H.; LEUNG, H. Transfer of bacterial blight and blst resitence from the tetraploid wild rice *Oryza minuta* to cultivated rice, *Oryza sativa*. **Theoretical and Applied Genetics**, v.84, p.345-354, 1992.

ANDO, A. Coletas de germoplasme de esoecies de slvagens e relativas ao genero Oryza no Brasil, Paraguai e Argentina. In: ENCONTRO SOBRE TEMAS DE GENÉTICA E MELHORAMENTO, 15., Piracicaba, 1998, **Anais.** Piracicaba: ESALQ/USP, 1998. p.22-26.

ANDO, A.; MORISHIMA, H.; SILVA, E.F; AKIMOTO, M.; CHAIBUB, E.N.; MARTINS, P.S. Collecting wild relatives of rice in Paraguay and northeastern Argentina. **Plant Genetic Resources Newsletter**, v.118, p.51-52, 1999.

BRAR, D.S.; KHUSH, G.S. Alian introgretion in rice. **Plant Molecular Biology**, v.35, p.35-47, 1997.

BRONDANI, C.; FERREIRA, M.E.; RANGEL, P.H.N. Ampliação da base genética de populações de arroz irrigado por cruzamento interespecífico com a espécie silvestre *Oryza glumaepatula* e análise de AB-QTL. /Apresentado ao 1° Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas. Goiânia, 2001/ http://www.sbmp.org.br (13 dez. 2002)

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 1994. 390p.

CUEVAS-PEREZ, F.E.; GUIMARÃES, E.P.; BERRÍO, L..E.; GONZÁLEZ, D.I. Genetic base of irrigated rice in Latin America and the Caribean, 1971 to 1989. **Crop Science**, v.32, p.1054-1059, 1992.

DILDAY, P.H. Constributions of ancestral lines in the develompent of new cultivars of rice. **Crop Science**, v.30, p.905-911, 1990.

DUARTE, J.B. Sobre o emprego e análise estatística do delineamento em blocos aumentados no melhoramento genético vegetal. Piracicaba, 2000. 293p. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo.

FARALDO, M.I.F. Distribuição da variabilidade genética e caracterização isoenzimática de etnovariedades em roças de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) do brasil, 1999. 117p. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo.

FONSECA, J.R.; RANGEL, P.H.N.; PABHU, A..S. **Características botânicas e agronômicas de cultivares de arroz (*Oryza sativa* L.)**. Goiânia: EMBRAPA, 1981, 32p. (Circular Tecnica, 14)

FUENTES, J.L.; ESCOBAR, F.; ALVAREZ, A.; GALLEGO, G.; DUQUE, M.C.; FERRER, M.; DEUS, J.E., TOHME J.M. Anallyse of genetic diversity in cuban rice varieties using isozyme, RAPD and AFLP markers. **Euphytica**, v.109, p.107-115, 1999.

FUTSUHARA, Y.; KIKUCHI, F. Dwarf characters. In: MATSUO, T.; FUTSUHARA, Y.; KIKUCHI, F.; YAMAGUCHI, H. (Ed.). **Science of the rice plant**. Tokio: Food and Agriculture Policy Research Center, 1997. v.2, cap.2, p.300-317.

GE, S.; SANG, T.; LU, B.R.; HONG, D.Y. Phylogeny of rice genomes whit emphasis on origins of allotetraploid species. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v.96, n.25, p.14400-14405, 1999.

GRIST, D.H. **Rice**. London: Logman, 1975. 601p.

GUIMARÃES, E.P.; BORRERO, J.; OSPINA-REY, Y. Genetic diversity of upland rice germoplasm distributed in Latin America. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.31, n.3, p.187-194, 1996.

GUIMARÃES, E.P. Genealogy of brazilian upland rice. **International Rice Resarch Newslleter- Notes**, v.18, n.1, p.6, 1993.

GUIMARAES, E.P.; BORRERO, J.; OSPINA-REY, Y. Gentic diversity of uplnad rice. **International Rice Reasearch Newsletter- notes**, v.18, n.1, p.6, 1996.

GUIMARÃES, E.P.; SANT'ANA, E.P. Sistemas de cultivo. In: VIEIRA, N.R. de A.; SANTOS, A.B. dos; SANT'ANA, E.P. (Ed.). **A cultura de arroz no Brasil**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 1999. cap.1, p.17-35.

HARGROVE, T.R.; COFFMAN, W.R.; CABANILLA, V. L. Ancestry of improved cultivars of asian rice. **Crop Science**, v.20, p.721-727, 1980.

INTERANATIONAL RICE RESEARCH INSTITUTE. **Descriptors for rice Oryza sativa L.** Philippines, 1980. 21p.

JAUHAR, P.P.; CHIBBAR N.R. Cromosome-mediated and direct gene transfers in wheat. **Genome**, v.42, p.570-583, 1999.

JENA, K.K.; KHUSH G.S. Monosomic alien addition lines of rice: production, morphology, cytology, and breeding behavior. **Genome**, v.32, p.449-455, 1989.

JENA, K.K.; KHUSH, G.S. Introgression of genes from *Oryza officinalis* Well ex Watt to cultivated rice, *O. sativa*. **Theoretical and Applied Genetics**, v.80, p.737-745, 1990.

KAUSHAL, P.; SIDHU, R.J.S.; DHALIWAL, H.S. Introgression of isizyme genes utilizing monosomic alien addtion lines (MAALs) of *Oryza officinalis* in *O. sativa*. **Journal of Agricultural Science**, v.136, p.393-397, 2001.

KHUSH, G.S. Origin dispersal, cutivation and variation of rice. **Plant Molecular Biology**, v.35, p.25-34, 1997.

KHUSH, G.S.; BACALANGCO, E.; OGAWA, T. A new gene for resistence to bacterial blight from *O. longistaminata*. **Rice Genetic Newsletter**, v.7, p.121-123, 1990

KIKUCHI, F. Heading time and flowering. In: MATSUO, T.; FUTSUHARA, Y.; KIKUCHI, F.; YAMAGUCHI, H. **Science of the rice plant**:: genetics. Tokyo: Nobunkyo, 1997. v.3, cap.3, p.359-366.

MARIAM, A.L.; ZAKRI, A.H.; MAHAM, M.C.; NORMAH, M.N. Iterespecific hybridization of cultivated rice, *Oryza sativa* L. with the wild rice, *O. minuta* prest. **Theoretical and Applied Genetics**, v.93, p.664-671, 1996.

MARTINEZ, C.P.; TOHME, J.; LOPEZ, J.; BORRERO, S.R.; MECOUCH, S.R.; ROCA, W.; CHATEL, M.; GUIMARÃRES, E.P. Estado actual del mejoramiento del arroz mediante la utilización de especies silvestres de arroz en CIAT. **Agronomia Mesoamericana**, v.9, n.1, p.10-17, 1998.

MONTALVÁN, R.; DESTRO, D.; SILVA E.F.; MONTANO, D.C. Genetic base of Brazilian upland rice cultivar. **Journal Genetic and Breeding**, v.53, n.3, p.63-69, 1998.

MORISHIMA, H. Evolution and domestication of rice. In: INTERNATIONAL RICE GENETICS SYMPOSIUM, 4., Philipine, 2000. **Rice Genetics IV**. Philippines: International Rice Research Institute, 2001. p.63-75.

MURALIDHARAN, K.; PRASAD, G.S.V.; RAO, C.S. Breeding for rice improvement: where do we stand ? **Current Science**, v.71, n.6, p.438-448, 1996.

OLIVEIRA, G.C.X. Observations on wilde rice-Geografic distributions of wild *Oryza* species in Brasil. In: MORISSHIMA, H.; MARTINS, P.S. (Ed.). **Investigations of plants genetic resources in the Amazon Basin with enphasis on the genus *Oryza*.** Mishima Japan: The Monbsho International Scientific Reaserch Program, p.10-15, 1994.

OLIVEIRA, G.C.X. Padrões da variação fenotipica e ecologica de Oryza (Poaceae) selvagens da Amazonia. Piracicaba, 1992. 303p. Tese (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo.

PEREIRA, J.A. **Cultura do arroz no Brasil.** Teresina: Embrapa Meia Norte, 2002. 226p.

PICKERSGILL, B. Interespecific hybridization by sexual means. In: HAYWARD, M.D. **Breeding**: principles and prospects. London: Chapman and Hall, 1994. p.63-77.

RANGEL, P.H.N.; GUIMARÃES, E.P.; NEVES, P.C.F. Base genética das cultivares de arroz (*Oryza sativa* L.) irrigado do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.31, n.5, p.349-357, 1996.

ROMERO, G.O.; AMANTE-BORDEOS, A.D.; DALMACIO, R.E.; SITCH, L.A. Comparative studies of isozymes in Oryza sativa, O. minuta, and their interespecific derivatives: evidence for homoelogy and recombination. **Theoretical Applied Genetic**, v.87, p.609-615, 1993.

SASAHARA, T. Panicles IN: MATSUO, T.; FUTSUHARA, Y.; KIKUCHI, F.; YAMAGUCHI, H. **Science of The Rice Plant**: genetics. Tokyo: Nobunkyo, 1997. v.3, cap.2, p.275-294.

SILVA, E.F.; ANDO, A. Hibridação interespecifica entre *Oryza glumaepatula* e *Oryza sativa*. **Revista Brasileira de Genética**, v.20, n.3, 1997. /Apresentado ao 43.Congreso de Genética, Águas de Lindoia, 1997/

SITCH, L.A.; DALMACIO, R.D.; ROMERO, G.O. Crossability of wild Oryza species and their petencial use for improvement of cultivated rice. **Rice Genetic Newsletter**, v.6, p.58-60, 1989.

SOARES, A.A.; RAMALHO, M.A.P.; SOUSA, A.F. de. Estimativa do progresso genético obtido pelo programa de melhoramento de arroz irrigado da epamig, na época de oitenta. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.29, n.1, p.97-104, 1994.

STATSOFT. **Statistica for windows**: computer program manual. Tulsa: StatSoft Inco., 1996.

SUN, C.Q.; WANG, K.X.; LI, Z. C., YOSHIMURA, N.I. **Theoretical Applied Genetic**, v.102, p.157-162, 2001.

TANKSLEY, S.D.; NELSOM, J.C. Advanced backcross QTL analysis: a method for the simultaneaus discovery and tranfer of valueble QTLs from germoplasm into elite breeding lines. **Theoretical Applied Genetic**, v.92, p.191-203, 1996.

VIRK, P.S.; NEWBURY, H.J.; JACKSON, M.T.; FORD-LLOYD, B.V. Are mapped markers more useful for assessing genetic diversity ? **Theoretical Applied Genetic**, v.100, p.607-613, 2000.

XIAO, J.; GRANDILLO, S.; AHN, S.N.; McCOUCH, S.R.; TANKSLEY, S.D. Genes from wild rice improved yeild. **Nature**, v.384, p.223-224, 1996.

XIAO, J.; LI, J.; GRANDILLO, S.; AHN, S.N.; YUAN, L.; TANKSLEY, S.D.; MCCOUCH, S.R. Identification of trait-improving quantitative trait loci alleles from a wild rice relative, *Oryza rufipogon*. **Genetics**, v.150, p.899-909, 1998.

XIONG, L.Z.; LIU, K.D.; DAÍ, X.K.; XU, C.G.; ZHANG, Q. Identification of genetic factors controlling domestication-related traits of rice using na F_2 population of a croos

between Oryza sativa and O. rufipogon. **Theoretical Applied Genetic**, v.98, p.243-251, 1999.

YAMAGATA, H. Leaf. In: MATSUO, T.; FUTSUHARA, Y.; KIKUCHI, F.; YAMAGUCHI, H. **Science of the rice plant**: genetics. Tokyo: Nobunkyo, 1997. cap.2, p.277-285.