

**Coleção Nuclear de Arroz
da Embrapa**

Caracterização Agronômica



*Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
Embrapa Arroz e Feijão
Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento*

ISSN 1678-9644

Dezembro, 2006

Documentos 189

Coleção Nuclear de Arroz da Embrapa

Caracterização Agronômica

Santo Antônio de Goiás, GO
2006

Exemplares desta publicação podem ser adquiridos na:

Embrapa Arroz e Feijão

Rod. GO 462, Km 12
Caixa Postal 179
75375-000 Santo Antônio de Goiás, GO
Fone: (0xx62) 3533 2123
Fax: (0xx62) 3533 2100
sac@cnpaf.embrapa.br
www.cnpaf.embrapa.br

Comitê de Publicações

Presidente: *Carlos Agustín Rava*
Secretário: *Luiz Roberto da Silva Rocha*
Membros: *Heloísa Torres da Silva*
Veridiano dos Anjos Cutrim

Supervisor editorial: *Marina A. Souza de Oliveira*
Normalização bibliográfica: *Ana Lúcia D. de Faria*
Revisão de texto: *Vera Maria T. Silva*
Capa: *Denise Xavier Lemes*
Editoração eletrônica: *Fabiano Severino*

1ª edição

1ª impressão (2006): 500 exemplares

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
Embrapa Arroz e Feijão

Coleção nuclear de arroz da Embrapa : caracterização
agronômica / Claudio Brondani ... [et al.]. - Santo Antônio
de Goiás : Embrapa Arroz e Feijão, 2006.
28 p. - (Documentos / Embrapa Arroz e Feijão, ISSN
1678-9644 ; 189)

1. Arroz – Banco de germoplasma. 2. Arroz – Características
agronômicas. 3. Arroz – Recurso genético. I. Brondani, Claudio.
II. Embrapa Arroz e Feijão. III. Série.

CDD 633.1823 (21. ed.)

© Embrapa 2006

Autores

Claudio Brondani

Engenheiro Agrônomo, Doutor em Biologia Molecular
Embrapa Arroz e Feijão
Rod. GO 462, Km 12
75375-000 Santo Antônio de Goiás, GO
brondani@cnpaf.embrapa.br

Paulo Hideo Nakano Rangel

Engenheiro Agrônomo, Doutor em Genética e
Melhoramento de plantas, Embrapa Arroz e Feijão
phrangel@cnpaf.embrapa.br

Rosana Pereira Vianello Brondani

Bióloga, Doutora em Biologia Molecular Vegetal
Embrapa Arroz e Feijão
rosanavb@cnpaf.embrapa.br

Tereza Cristina de Oliveira Borba

Bolsista, Embrapa Arroz e Feijão

João Antônio Mendonça

Técnico Agrícola
Embrapa Arroz e Feijão

Francisco Pereira de Moura Neto

Técnico de Nível Superior
Embrapa Arroz e Feijão

Daniel Fernandez Franco

Engenheiro Agrônomo, Mestre em Fitotecnia
Embrapa Clima Temperado
Caixa Postal 170 Pelotas, RS
daniel@cpact.embrapa.br

Marley Marico Utumi

Engenheira Agrônoma, Doutora em Fitotecnia
Embrapa Rondônia Porto Velho, RO
marleyutumi@netview.com.br

José Almeida Pereira

Engenheiro Agrônomo, Doutor em Genética e
Melhoramento de plantas
Embrapa Meio Norte Teresina, PI
almeida@cpamn.embrapa.br

Antônio Carlos Centeno Cordeiro

Engenheiro Agrônomo, Doutor em Genética e Melhoramento
de plantas, Embrapa Roraima Boa Vista, RR
acarlos@cpafrr.embrapa.br

Jaime Roberto Fonseca

Engenheiro Agrônomo, Doutor em Fitotecnia
Embrapa Arroz e Feijão
jfonseca@cnpaf.embrapa.br

Apresentação

Tem-se constatado que apenas um grupo restrito de genótipos geneticamente semelhantes vem sendo utilizado como genitores de programas de melhoramento genético do arroz de diversos países, apesar da extensa variabilidade genética disponível nos acessos armazenados nos Bancos de Germoplasma. Esta é a principal causa apontada para a estagnação do ganho genético em produção, em torno de 1% ao ano, das cultivares oriundas deste programa, em contraposição aos 5% anuais no início da década de 1970. A Coleção Nuclear de Arroz da Embrapa (CNAE) foi concebida para representar, em uma amostra da coleção de germoplasma, a maior parte de sua variabilidade genética. Dividida em três grupos (Variedades Tradicionais, Linhagens e Cultivares Brasileira, Linhagens e cultivares Introduzidas), esta coleção está sendo caracterizada agronomicamente em oito locais no Brasil. Esta Série Documentos reúne os principais resultados desta caracterização em ensaios conduzidos em Boa Vista (Roraima), Goianira (Goiás) e Uruguaiana (Rio Grande do Sul). Os resultados estão sendo utilizados por melhoristas para a escolha de acessos geneticamente divergentes e que possuam, ao mesmo tempo, boas características agrônômicas, possibilitando o surgimento de novas combinações gênicas, e diminuindo os efeitos do estreitamento da base genética nas novas linhagens e cultivares de arroz oriundas do programa de melhoramento genético de arroz da Embrapa.

Beatriz da Silveira Pinheiro
Chefe-Geral da Embrapa Arroz e Feijão

Sumário

Introdução	11
Coleções Nucleares	12
Coleção Nuclear Brasileira do Arroz - CNAE	13
Experimentos Multi-Locais da CNAE	14
Experimento de Goianira (GO)	15
Experimento de Boa Vista (RR)	18
Experimento de Uruguaiana (RS)	20
Qualidade de grão dos acessos da CNAE	20
Considerações Finais	27
Referências Bibliográficas	28

Coleção Nuclear Brasileira do Arroz: Caracterização Agronômica

Claudio Brondani

Paulo Hideo Nakano Rangel

Rosana Pereira Vianello Brondani

Tereza Cristina de Oliveira Borba

João Antônio Mendonça

Francisco Pereira de Moura Neto

Daniel Fernandez Franco

Marley Marico Utumi

José Almeida Pereira

Antônio Carlos Centeno Cordeiro

Jaime Roberto Fonseca

Introdução

O acesso à variabilidade genética armazenada em bancos de germoplasma das culturas de importância econômica, como o arroz, tem sido incrementado nos últimos anos. Os dois principais motivos foram a necessidade de ampliação da base genética destas espécies, devido à estagnação dos patamares de produtividade alcançados justamente pela redução da variabilidade genética dos genitores elites dos programas de melhoramento, e o acesso a técnicas de caracterização por marcadores moleculares. Especificamente para os últimos, o acesso às informações da variabilidade genética ao nível de DNA tem permitido determinar com precisão o nível de similaridade entre genótipos e a possibilidade de se inferir o grau de relacionamento genético entre eles, antes impossível de ser determinado, utilizando apenas os descritores morfológicos mínimos. Contudo, somente a caracterização molecular não é o único componente de um catálogo preciso para a descrição dos genótipos de arroz. Na verdade, a completa radiografia para a descrição de um genótipo deve levar em consideração a expressão desta variabilidade ao nível de campo que, especificamente para o arroz, uma planta sensível ao fotoperíodo, possui diferenças fenotípicas marcantes quando o mesmo acesso é cultivado em ambientes diferenciados.

Como é praticamente impossível caracterizar detalhadamente todos os acessos de uma coleção de germoplasma de uma espécie como o arroz, que possui mais de 120.000 variedades armazenadas em bancos de germoplasma do mundo todo (Khush, 1997), amostras representativas da variabilidade genética da coleção completa devem ser obtidas. Com a finalidade de montar uma coleção que atendesse a esta necessidade, foi estabelecida a Coleção Nuclear Brasileira do Arroz - CNAE (Abadie et al., 2005). A caracterização agrônômica dos acessos desta coleção em três diferentes ambientes está descrita no presente trabalho. Boa Vista, Estado de Roraima (02° N, 60° W, 85 metros), Goianira, Estado de Goiás (16° S, 49° W, 720 metros), Uruguaiana, Estado do Rio Grande do Sul (29° S, 57° W, 74 metros) foram escolhidas por representarem três pontos distintos no Brasil no eixo Norte – Sul, com uma diferença de 31° de latitude entre os extremos. Além disto, existem fatores econômicos importantes relacionados a esses três locais: Boa Vista representa um pólo de cultivo do arroz em expansão, e um dos principais motivos é a baixa incidência de doenças, o que torna o cultivo economicamente viável pelo menor custo de produção. Goianira, onde está localizada a Fazenda Palmital, da Embrapa Arroz e Feijão, é o local onde tem sido desenvolvida grande parte das atividades do melhoramento genético de arroz conduzidas pela Embrapa nos últimos 30 anos. Uruguaiana é um dos principais municípios produtores de arroz do Rio Grande do Sul, Estado responsável por aproximadamente 60% da produção anual de arroz do Brasil. As implicações dos resultados de caracterização agrônômica da CNAE para o programa de melhoramento e conservação de germoplasma são discutidas neste trabalho.

Coleções Nucleares

De acordo com o conceito de Frankel (1984), as Coleções Nucleares são definidas como uma amostra da coleção completa de germoplasma de uma cultura, na qual se procura representar o máximo da variabilidade genética com um mínimo de genótipos geneticamente semelhantes. Em termos numéricos, equivaleria a 10% dos acessos da coleção completa, representativos de, no mínimo, 80% da variabilidade genética (Brown, 1989). As Coleções Nucleares não visam a substituir a coleção de germoplasma, e sim possibilitar que estudos de caracterização de uma série de variáveis sejam viabilizados pelo menor tamanho das coleções. Neste sentido, os estudos realizados em Coleções Nucleares possibilitam uma visão geral das propriedades encontradas na coleção completa (Hintum et al., 2000).

Coleção Nuclear Brasileira do Arroz - CNAE

Concluída em 2002, a CNAE foi concebida para representar a variabilidade genética da cultura do arroz, não sendo incluídas as espécies silvestres do gênero *Oryza*. Inicialmente foi estabelecido que uma coleção contendo 500 a 600 acessos poderia ser uma amostra representativa da variabilidade genética da coleção completa, bem como permitiria uma caracterização mais precisa do ponto de vista molecular e agrônomico. O segundo passo foi determinar que os acessos do Banco Ativo de Arroz (BAG) da Embrapa Arroz e Feijão seriam melhor classificados se fossem divididos em três estratos: a) Variedades Tradicionais (VT), que reúne acessos obtidos durante expedições de coleta de germoplasma realizadas nos últimos 40 anos, e incluem também variedades comerciais antigas, cultivadas por pequenos agricultores por mais de 30 anos; b) Linhagens e cultivares melhoradas, oriundas de programas de melhoramento da Embrapa e outras instituições brasileiras (LCB); e c) Linhagens e cultivares melhoradas, introduzidas de programas de melhoramento de outros países (LCI).

Em seguida, definiu-se que a CNAE deveria ser composta por 50% dos acessos como VTs, 25% como LCB e 25% como LCI. A ênfase nas VTs deve-se ao fato de que este estrato representa o germoplasma adaptado às diferentes condições de cultivo no Brasil, obtido através de anos de plantio em sucessão, cujas sementes geralmente foram passadas de geração a geração, em um modelo de propriedade familiar. Dentro desses estratos, os acessos de arroz ainda foram divididos para os sistemas de cultivo de terras altas (ou sequeiro). No estrato VT, ainda foram incluídos acessos que podem ser cultivados tanto no sistema de terras altas quanto irrigado, e cujo sistema de cultivo foi denominado facultativo. Para os estratos LCB e LCI, procurou-se manter metade dos acessos do sistema de cultivo de terras altas e metade do sistema de cultivo irrigado. Para o estrato VT, utilizou-se o critério de manutenção da proporcionalidade existente na coleção do BAG, o que resultou em um maior número de acessos selecionados para o sistema de cultivo de terras altas. Outro critério adotado para a seleção dos genótipos de VTs foi o local de coleta, a fim de garantir a máxima representatividade de todos os ambientes onde o arroz é cultivado no Brasil. Assim, procurou-se assegurar uma distribuição geográfica proporcional ao número de VTs coletadas em cada Unidade de Federação, respeitando o número de acessos definido para cada sistema de cultivo (Abadie et al., 2005). Utilizando estes critérios, chegou-se ao número de 550 genótipos (Tabela 1), o que equivale a cerca de 5% da coleção completa do BAG.

Tabela 1. Composição dos estratos da Coleção Nuclear Brasileira do Arroz, de acordo com o sistema de cultivo.

<i>Estratos</i>	<i>Sistema de Cultivo</i>			<i>Total</i>
	<i>Irrigado</i>	<i>Sequeiro</i>	<i>Facultativo</i>	
Variedades Tradicionais	77	148	83	308
Linhagens e Cultivares Brasileiras	37	57	-	94
Linhagens e Cultivares Introduzidas	73	75	-	148
Total	187	280	83	550

Experimentos Multi-Locais da CNAE

A composição da CNAE com 550 acessos permitiu uma detalhada avaliação das seguintes características de interesse agrônomo em ensaios conduzidos em Goianira (GO) (Figura 1), Boa Vista (RR) e Uruguaiana (RS): produtividade, altura, ciclo e características relacionadas com a qualidade de grão: percentagem de grãos inteiros, teor de amilose, comprimento e largura do grão e presença de centro branco. Os experimentos foram conduzidos na safra 2003/2004, no delineamento de Blocos Aumentados de Federer (Federer, 1956), em parcelas constituídas de 3 linhas de 4 metros, com espaçamento de 30 cm entre linhas e densidade de plantio de 100 sementes por metro. Com relação à avaliação da produtividade nestes locais, as médias dos acessos mais produtivos não foram significativamente diferentes das testemunhas, mas foram significativamente diferentes dos acessos menos, de acordo com o teste de Tukey (5%).



Fig. 1. Experimento para caracterização agrônomo da CNAE conduzido na Fazenda Palmital, da Embrapa Arroz e Feijão, localizada no município de Goianira (GO).

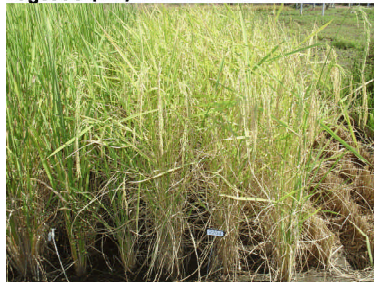
Experimento de Goianira (GO)

Os genótipos mais produtivos, com suas respectivas alturas, dias até o florescimento, teores de amilose e percentagem de grãos inteiros são apresentados na Tabela 2. Os três melhores acessos da CNAE quanto à produtividade foram VTs. Isto pode ser explicado pela maior capacidade de produzir sob algum efeito limitante da produtividade que, no caso da safra 2003/2004, foi a alta incidência de doenças, sobretudo da brusone do arroz, causada pelo fungo *Magnaporthe grisea*. Com relação às VTs, sabe-se que, apesar de seu menor potencial produtivo, possuem alta estabilidade da produtividade, por serem geralmente constituídas por uma mistura de genótipos, resultantes da mistura ao acaso de sementes de outras variedades tradicionais ou cultivares comerciais, ou até mesmo resultante do fluxo de pólen de genótipos plantados em áreas adjacentes à área sob cultivo de determinada VT.

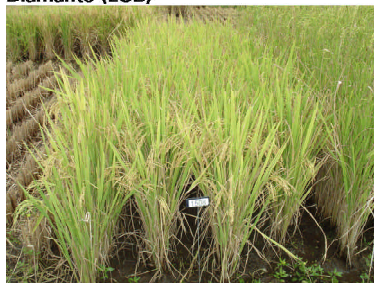
Após anos de cultivo, os melhores genes e suas combinações, são selecionados na população. Esta é a característica mais relevante das variedades tradicionais, que representam uma combinação gênica única, fundamental para a busca futura por variabilidade genética e adaptabilidade a ambientes específicos. No caso do ataque de uma raça de brusone, por exemplo, alguns indivíduos podem ser dizimados pela doença, enquanto outros podem apresentar diferentes graus de resistência. Neste exemplo, a VT apresenta um comportamento semelhante ao de uma população natural de qualquer espécie vegetal. Por esta razão, as VTs possuem um importante papel na produtividade obtida em pequenas propriedades, onde normalmente as lavouras são conduzidas com baixo uso de insumos, como fungicidas e adubos. Após a etapa de caracterização agrônômica da CNAE, VTs estarão sendo estudadas quanto a sua capacidade em transferir estas características favoráveis a linhagens e cultivares elites de arroz. A necessidade de transferir estas características ao conjunto gênico presente em genótipos elite do arroz advém da necessidade de melhorar alguns atributos indesejáveis presentes nas VTs, como maior porte de planta, ciclo longo, desuniformidade do grão, centro branco, dentre outros (Figura 2).

A distribuição de frequência das classes de produtividade de grãos dos acessos esteve de acordo com a distribuição normal (Figura 3), sendo a que apresentou 3 t/ha, a classe com maior frequência, para os três estratos.

Lageado (VT)



Diamante (LCB)



Maninjau (LCI)



Fig. 2. Arquitetura de planta e grãos com casca e polido dos acessos mais produtivos (para cada estrato) da CNAE no experimento de Goianira, safra 2003/2004.

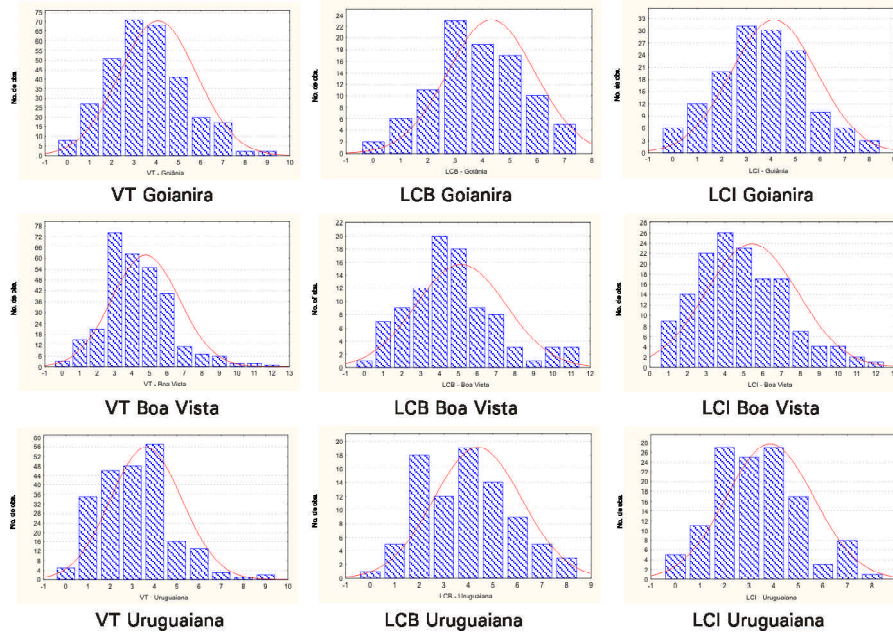


Fig. 3. Distribuição de frequências das classes de produtividade de grãos (em T/ha) dos acessos da CNAE, por local e por estrato.

Experimento de Boa Vista (RR)

A maior média geral de produtividade, considerando os três locais de avaliação dos ensaios da CNAE, foi obtida em Boa Vista. Grande parte deste sucesso pode ser creditada ao excelente clima para desenvolvimento da cultura do arroz, em adição à baixa incidência de doenças, sobretudo a brusone. Variedades tradicionais, a exemplo do ensaio de Goianira, também apresentaram boa produtividade em Boa Vista, apesar de que o maior número de acessos esteve presente na classe com 3 T/ha de média, ao passo que nos estratos LCB e LCI a classe com maior número de acessos apresentou 4 T/ha de média (Figura 3). Dentre os 30 acessos mais produtivos de Boa Vista, apenas um foi coincidente com os 30 mais produtivos de Goianira (VT Canela Curta) (Tabela 3). Outro aspecto interessante foi que a média de DAF e ALT dos dez acessos mais produtivos para os três estratos foi menor que os respectivos resultados obtidos em Goianira. Além disto, a menor média de altura entre os estratos foi do estrato VT, seguido por LCB e LCI (Tabela 3). Estes resultados são um claro indicativo de ocorrência de interação genótipo x ambiente, e da necessidade de serem desenvolvidas e avaliadas linhagens e cultivares em base regional, devido à grande diversidade climática, edáfica e de relevo encontradas no Brasil.

Tabela 3. Avaliação de algumas características agrônomicas dos dez acessos mais produtivos de cada estrato, no experimento de Boa Vista, safra 2003/2004. PROD= Produção (Kg/ha), DAF= Dias até o florescimento, ALT= Altura, TA= teor de amilose (A= alto, B= baixo, I= intermediário), %I= Percentagem de grãos inteiros após o descasque e polimento do grão. Acesso: I= irrigado, S= sequeiro, I/S= facultativo.

Acesso	VT				LCB				LCI											
	No.	PROD	DAF	ALT TA %I	Acesso	No.	PROD	DAF	ALT TA %I	Acesso	No.	PROD	DAF	ALT TA %I						
Anãozinho I	CA960030	12797	83	72	A	57	Mearim S	CNA0003490	11701	73	92	I	60	Melica I I	CNA0004566	12792	79	100	A	63
Anão I	CA960023	11373	83	75	A	66	BRS Jaburu I	-	11270	80	88	A	62	IR 54 I	CNA0006943	11899	80	88	A	59
Camela Curta S	CA830125	11053	78	108	I	63	RS16PL5 I	CNA9930	11039	78	88	A	57	Oryzica Llanos4 I	-	11714	77	98	I	59
Saquarema SI	CA840018	10975	81	87	I	57	BRS Biguaí I	-	10660	81	83	I	61	BG 90 2 I	CNA0000586	10974	80	93	A	58
Chillica I	CNA0003857	10189	83	69	I	52	Empasc 104 I	CNA0006130	10170	81	80	B	47	TOX 514 S	CNA0004759	10941	76	99	I	51
Ilaqui S/I	CA780409	9776	78	103	I	60	Iapar L99 S	CNA0006422	10022	83	76	A	57	Kaohsiung I	CNA0003665	10586	80	101	A	61
Chilliqui SI	CA870179	9712	77	81	B	63	Marajó I	-	9540	92	76	I	63	UPR 79 I	CNA0003602	10517	79	81	A	58
IR8 I	CA840077	9624	90	78	I	59	IPSL 0970 I	CNA0001413	8921	35	109	I	52	Nahng Faya I	CNA0002672	9717	81	93	I	45
Murum Branco S	CA790241	9277	79	108	I	68	RS16PL1 I	CNA9924	8412	78	85	A	55	IRAT 122 S	CNA0004752	9638	70	99	I	51
Anão SI	CA780307	9223	79	70	I	64	RS16PL12 I	CNA9931	8208	70	103	A	57	IET 2881 I	CNA0001467	9508	76	92	I	52
Média		10400	81	85	-	61		9994	75	88	-	57			10829	78	94	-	56	

Experimento de Uruguaiana (RS)

Devido ao fotoperíodo, genótipos de arroz que possuem mais de 120 de DAF em Goianira normalmente não chegam a florescer no Rio Grande do Sul. Por este motivo, 82 genótipos não completaram o ciclo em Uruguaiana. A classe com 4 T/ha de média foi a mais freqüente para os três estratos (Figura 3). Dentre os 30 acessos mais produtivos de Uruguaiana, somente dois foram coincidentes com os mais produtivos nos outros dois experimentos: a VT Itaqui, no experimento de Boa Vista, e a LCB Epagri 108, no experimento de Goianira (Tabela 4). A tendência de alongar o ciclo ficou evidenciada na comparação do DAF médio das dez plantas mais produtivas dos estratos LCB e LCI, em relação aos experimentos de Goianira e Boa Vista. Houve uma diminuição no DAF médio para o estrato VT em Uruguaiana, devido ao não florescimento dos genótipos mais tardios e produtivos observados em Goianira e Boa Vista.

O Rio Grande do Sul é um Estado de grande relevância na produção nacional de arroz. Além de ter sido um dos pioneiros na implantação de programas de melhoramento da cultura no País, hoje é responsável pela produção de aproximadamente 60% do total nacional. Neste ensaio, as cultivares desenvolvidas e lançadas prioritariamente para cultivo no Rio Grande do Sul tiveram um desempenho comparável aos melhores genótipos dos estratos VT e LCI. Deste modo, é de se supor que o potencial produtivo do arroz ainda não foi totalmente explorado para atingir maiores patamares de produtividade no Rio Grande do Sul.

O primeiro passo para introduzir a variabilidade genética dos genótipos de VTs e LCIs será a escolha dos genótipos mais produtivos destes estratos da CNAE e utilizá-los como genitores do programa de melhoramento genético para o Sul do Brasil, permitindo com isto o surgimento de novas combinações gênicas, passíveis de serem identificadas através da seleção genética. Outro aspecto relevante é de que a CNAE será novamente avaliada no Rio Grande do Sul, no município de Pelotas. A comparação dos resultados dos dois experimentos do Rio Grande do Sul permitirá saber se existe ou não coincidência no desempenho dos acessos da CNAE.

Qualidade de grão dos acessos da CNAE

Uma das características mais importantes a serem avaliadas durante o processo de desenvolvimento de linhagens e cultivares de arroz é a qualidade

de grão. Por este motivo, a qualidade de grão tem sido avaliada nos acessos da CNAE, inclusive em diferentes ambientes, a fim de estimar o efeito ambiental na expressão de características relacionadas à qualidade de grão. Em Goianira e Boa Vista, todos os estratos apresentaram a maioria dos acessos com teor de amilose (TA) intermediário, o qual é correlacionado com o estado de grãos soltos após o cozimento, que é o padrão de consumo de arroz no Brasil (Figura 4). Contudo, em Uruguaiana, a maioria dos acessos, para todos os estratos, apresentou teor de amilose baixo, que é correlacionado com grãos no estado pegajoso após o cozimento (Figura 4). Este resultado indica claramente o comportamento diferenciado de alguns genótipos com relação a esta característica, em comparação com seus padrões apresentados em Goianira e Boa Vista. Quando analisado o TA dos dez genótipos mais produtivos de cada estrato, observa-se a mesma tendência para Goianira e Boa Vista: a maior parte dos genótipos possui TA intermediário. Por outro lado, em Uruguaiana, os genótipos LCB e LCI mais produtivos apresentaram em sua maioria TA intermediário, enquanto os acessos de VTs, em sua maioria, apresentaram TA baixo (Tabela 4). A utilização de genitores mais divergentes geneticamente dos genótipos elite de arroz pode requerer que as linhagens derivadas de seus cruzamentos devam ser melhoradas para suprir outras deficiências, como, por exemplo, o teor de amilose baixo. Entre os acessos mais produtivos, em todos os locais, o percentual de grãos inteiros foi bastante satisfatório, à exceção de IPSL 169 (49%, LCB) e IRAT 122 (48%, LCI) em Goianira, Empasc 104 (47%, LCB) e Nahng Paya (45%, LCI), em Boa Vista, Chatinho (48%, VT) e IR 36 (49%, LCI), em Uruguaiana (Tabelas 2, 3 e 4).

O padrão visual de comprimento e largura de grãos permitiu uma ampla diferenciação entre genótipos da CNAE. Entre os acessos de VTs foram identificadas 16 classes, sendo a de grão longo e extra longo com maior número de acessos (60), e curto e fino, e extra-longo e largo, com o menor número de acessos (dois) (Figura 5). Entre os acessos de LCB, foram identificadas 14 classes, sendo os acessos mais freqüentemente classificados como longo e extra-longo e longo e largo (16 acessos), e menos freqüentemente como curto e fino e curto e largo (um acesso) (Figura 5). Entre os acessos de LCI, foram identificadas 16 classes, e a que apresentou o maior número de acessos foi a longo e fino (24 acessos). As que apresentaram menor número de acessos foram extra-longo e largo, longo a extra-longo e extra-fino, e longo a extra-longo e largo (um acesso).

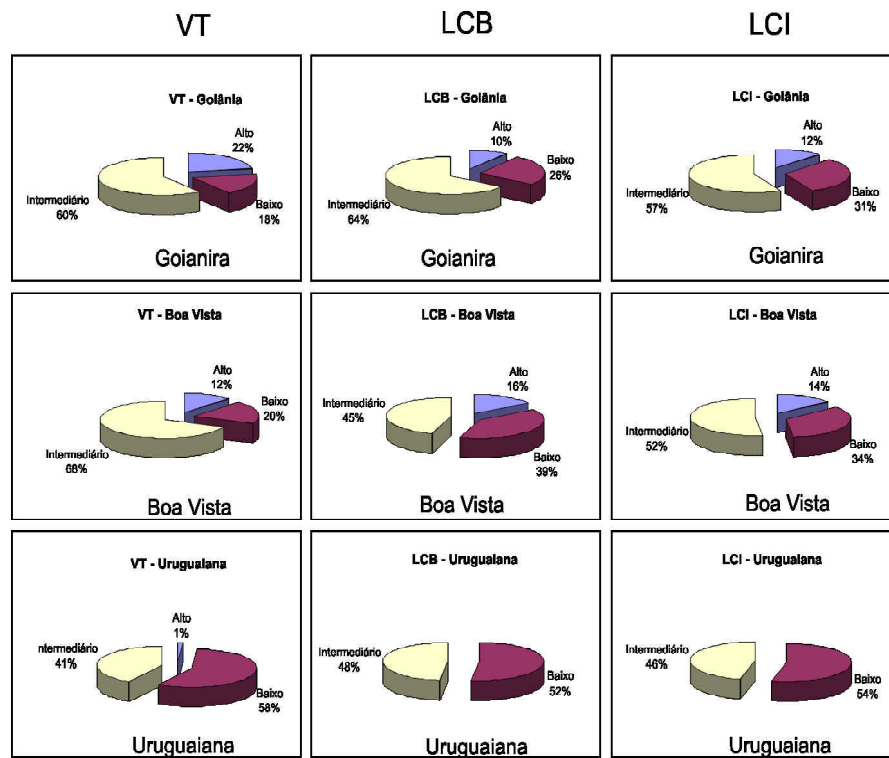


Fig. 4. Distribuição de freqüências das classes de teor de amilose dos acessos da CNAE, em cada estrato, e em cada local.

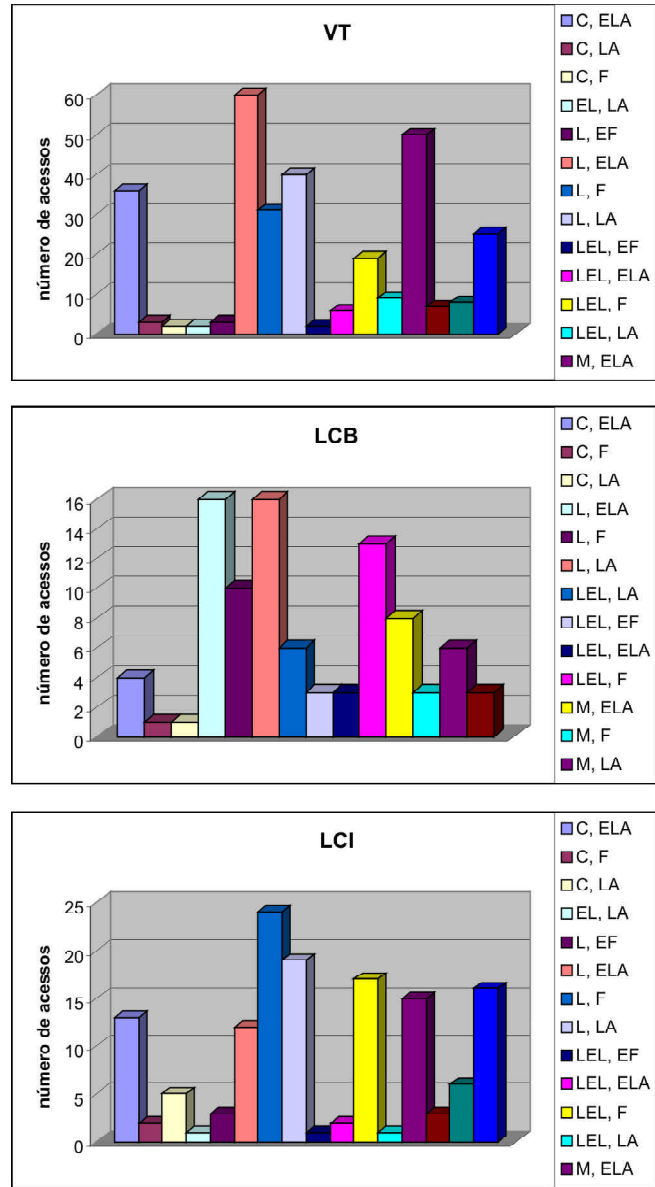


Fig. 5. Distribuição de freqüências das classes de dimensões do grão de arroz dos acessos da CNAE. Classes de comprimento de grão: C= curto, M= médio, L= longo, LEL= longo a extra-longo. Classes de largura de grão: ELA= extra-largo, LA= largo, F= fino, EF= extra-fino.

A classe de grão longo e fino, considerada ideal para o padrão brasileiro de consumo, foi representada em todos os estratos: 31 acessos (ou 10%) em VTs, dez acessos (ou 11%) em LCB e 24 acessos (ou 17%) em LCI. Isto significa que é possível encontrar a classe comercial de grão em acessos possuindo diferentes conjuntos gênicos. Estes acessos podem ser utilizados como genitores em programas de melhoramento para a ampliação da base genética do arroz e ser cruzados entre si para ampliar a base genética para a obtenção de genótipos elite de arroz, sem comprometer a qualidade em relação às dimensões do grão.

Os acessos que continham grãos com formatos diferentes foram reunidos na classe "mistura", e o estrato VT apresentou o maior número de acessos nesta classe (25, ou 8% do total), seguido do LCI (16 acessos, ou 11%) e LCB (três acessos, ou 3%). Proporcionalmente, genótipos oriundos do exterior apresentaram maior desuniformidade de grão do que as VTs, onde se esperaria a maior frequência, devido a serem em sua maioria oriundas de coletas, normalmente realizadas em pequenas propriedades rurais, onde são comuns a mistura de sementes de diferentes genótipos, hibridação via polinização cruzada, etc.

A presença de centro branco é outra característica associada a qualidade de grão que é utilizada na avaliação de genótipos do programa de melhoramento de arroz. As classes, em número de dez, procuram dividir os genótipos de acordo com o tamanho do centro branco do grão, cuja nota varia de 1 a 5, com uma classe adicional para agrupar os acessos totalmente opacos. A maior parte dos acessos estiveram agrupados na classe 3,5 para os estratos VT (116 acessos, ou 38% do total) e LCI (55 acessos, ou 39%), e na classe 3 para LCB (27 acessos, ou 29%). Como estas classes são consideradas classes-limite para aceitação do centro branco, o total de acessos nestas classes, ou com notas inferiores, alcançou 82% para VTs, 85% para LCB e 83% para LCI (Figura 6). Este resultado tem implicação direta no melhoramento, pois significa que a utilização da maioria dos genótipos de ampla base genética da CNAE não irá influir negativamente na expressão da característica centro branco nas linhagens derivadas dos cruzamentos onde aqueles genótipos poderiam ser utilizados como genitores. A classe Opaco foi encontrada em apenas sete acessos de VTs (2%), cinco acessos de LCI (3,5%) e um acesso de LCB (1%).

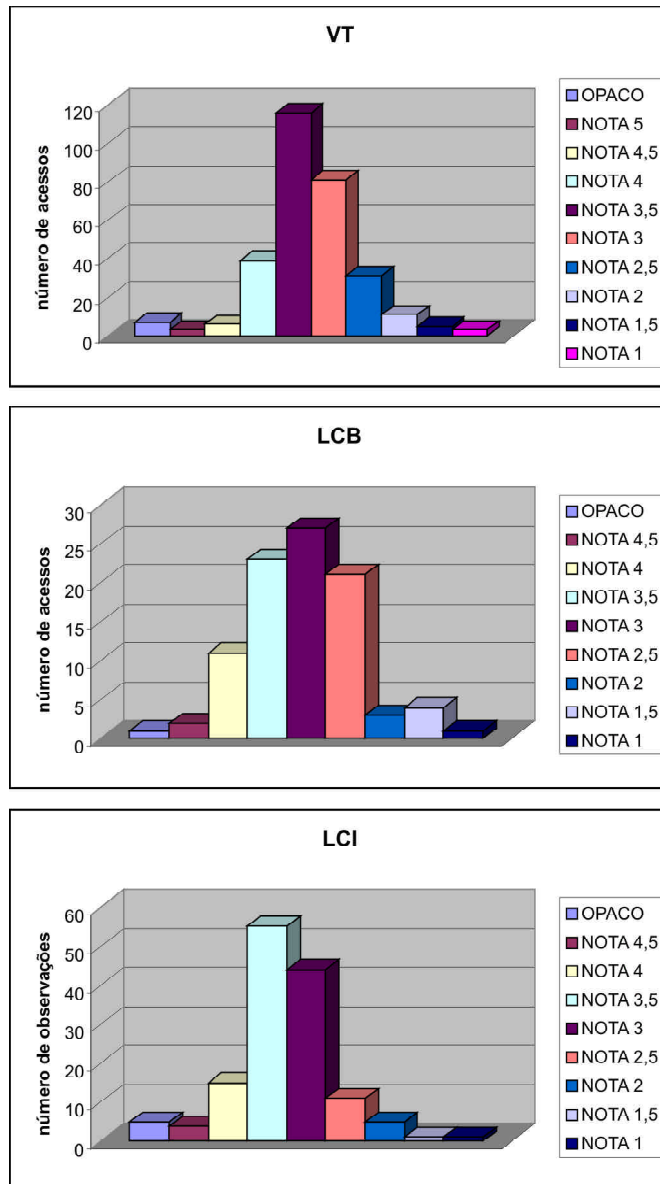


Fig. 6. Distribuição de freqüências das classes de centro branco de grãos de arroz dos acessos da CNAE.

Considerações Finais

Para completar a caracterização agronômica a nível nacional, estão sendo conduzidos ensaios em Pelotas (RS), Vilhena (RO), Sinop (MT), Teresina (PI) e Formoso do Araguaia (TO). As informações geradas pela caracterização agronômica da CNAE podem indicar os genótipos mais produtivos, os que possuem maior estabilidade da produção e os que possuem melhor qualidade de grão, para cada local e sua região de abrangência. Além da caracterização agronômica, também estão sendo realizadas outras análises: teste de cocção, em que grãos estarão sendo avaliados por um painel de provadores treinados em análise sensorial, quantificação do teor protéico e determinação de frações protéicas do grão, e caracterização molecular, com uma série de 90 marcadores microssatélites.

O conjunto de dados obtidos pela caracterização agronômica, protéica e molecular será reunido em um banco de dados. Além de orientar o enriquecimento da CNAE pela adição de novos genótipos que venham a acrescentar variabilidade genética, a utilização das informações do banco de dados permitirá um planejamento mais eficiente dos cruzamentos, através da seleção dos acessos da CNAE geneticamente divergentes, como novos genitores do programa, para o desenvolvimento de linhagens e cultivares com características agronômicas favoráveis. A divergência genética é importante para a ampliação da base genética das novas linhagens, com a finalidade de dar oportunidade ao surgimento de novas combinações alélicas e, com isto, aumentar as chances de incrementar os ganhos obtidos com a seleção. Para auxiliar na escolha dos genitores, estão sendo realizados cruzamentos em dialelo, para estimar a capacidade combinatória dos genótipos mais produtivos de cada um dos estratos, com a finalidade de identificar os melhores genitores e as melhores combinações de genitores para os novos cruzamentos do programa de melhoramento. Em síntese, a CNAE, além de ser uma amostra representativa do banco de germoplasma de arroz, também representa uma fonte de variabilidade genética útil para o programa de melhoramento genético do arroz.

Referências Bibliográficas

ABADIE, T. E.; CORDEIRO, C. M. T.; FONSECA, J. R.; ALVES, R. de B. das N.; BURLE, M. L.; BRONDANI, C.; RANGEL, P. H. N.; CASTRO, E. da M. de; SILVA, H. T. da; FREIRE, M. S.; ZIMMERMANN, F. J. P.; MAGALHÃES, J. R. Construção de uma coleção nuclear de arroz para o Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 40, n. 2, p. 129-136, fev. 2005.

BROWN, A. H. D. Core collections: a practical approach to genetic resources management. **Genome**, Ottawa, v. 31, n. 2, p. 818-824, 1989.

FEDERER, W. T. Augmented (or hoonuiaku) designs. **Hawaiian Planters Record**, Honolulu, v. 55, p. 191-208, 1956.

FRANKEL, O. H. Genetic perspectives of germplasm conservation. In: ARBER, W.; LIMENSEE, K.; PEACOCK, W. J.; STARLINGER, P. (Ed.). **Genetic manipulation: impact on man and society**. Cambridge: Cambridge University Press, 1984. p. 161-170.

HINTUM, Th. J. L. van; BROWN, A. H. D.; SPILLANE, C.; HODGKIN, T. **Core collections of plant genetic resources**. Rome: International Plant Genetic Resources Institute, 2000. 48 p. (IPGRI. Technical Bulletin, 3).

KHUSH, G. S. Origin, dispersal, cultivation and variation of rice. **Plant Molecular Biology**, Dordrecht, v. 35, n. 1/2, p. 25-34, Sept. 1997.