

## VARIABILIDADE GENÉTICA DE ACESSOS DE ARROZ (*Oryza sativa*) DETERMINADA POR MARCADORES SSR

Jacqueline Barbosa Nascimento<sup>1</sup>, Tereza Cristina de Oliveira Borba<sup>2</sup>, Raquel Neves de Mello<sup>3</sup>, José Alexandre de Freitas Barrigossi<sup>4</sup>, José Francisco da Silva Martins<sup>5</sup>, Paulo Marçal Fernandes<sup>6</sup>

Palavras-chave: marcador molecular, microssatélites e diversidade.

### INTRODUÇÃO

O uso de marcadores moleculares em arroz tem possibilitado o estudo da diversidade genética dentro da espécie, a identificação de subespécies, caracterização molecular de cultivares e a construção de mapas para a identificação de características importantes como a resistência a doenças e insetos-praga (LOPES, 2002). Em arroz os marcadores moleculares do tipo SSR estão distribuídos por todo o genoma e possuem um alto conteúdo de informação de polimorfismo. Essa classe de marcadores tem sido utilizada para caracterizar a diversidade genética de cultivares e variedades tradicionais de arroz em alguns países como no Brasil (BRONDANI ET AL., 2006; BORBA ET AL., 2009a) na Argentina (GIARROCCO ET AL., 2007), na Venezuela (HERRERA ET AL., 2008) e na Índia (PERVAIZ ET AL., 2009). Este trabalho teve como objetivo analisar, através de marcadores SSR, a diversidade genética dos acessos de arroz pertencentes à Coleção Nuclear de Arroz da Embrapa.

### MATERIAL E MÉTODOS

Foram analisados 34 acessos de arroz pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Arroz e Feijão (BAG) e componentes da Coleção Nuclear de Arroz da Embrapa (CNAE). Os acessos são integrantes dos estratos que compreendem as linhagens e cultivares introduzidas (LCI), linhagens e cultivares brasileiras (LCB) e variedades tradicionais (VT) de arroz denominadas de "Canelas de Ferro". As amostras de tecido foliar de quatro plantas por acesso foram coletadas para a caracterização da diversidade genética a extração e quantificação do DNA genômico foram conduzidas pelo método descrito por Doyle & Doyle (1987) citado por Brondani et al. (2002).

Para a análise molecular foi utilizado um painel composto por 24 marcadores SSR previamente desenvolvidos e publicados na literatura (BORBA ET AL., 2009a). As reações de PCR seguiram o seguinte padrão de amplificação para um volume final de 5 µL: 2,5 µL de Master Mix; 0,5 µL de Q solution; 0,1 µL de água RNase free (Kit comercial Qiagen® Multiplex PCR); 0,8 a 1,0 µL dos primers SSR (10 µM) e 1,0 µL de DNA (3 ng/ µL). O termociclador utilizado para a condução das reações de PCR foi GeneAmp PCR System 9700 (Applied Biosystems) e as condições das amplificações seguiram a seguinte programação: uma etapa de 95°C/15 segundos, seguida de 40 ciclos de 94°C/30 segundos, 56°C/90 segundos e 72°C/90 segundos e uma etapa final de 72°C por dez minutos. Os produtos amplificados foram diluídos para a obtenção de sinais uniformes e definidos no

<sup>1</sup>Doutoranda em Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Rodovia Goiânia - Nova Veneza, km zero. Campus Samambaia, Goiânia, GO, nascimentojb@hotmail.com

<sup>2</sup>Doutora em Genética e Melhoramento de Plantas, Pesquisadora, Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás-GO, tereza@cnpaf.embrapa.br

<sup>3</sup>Doutora em Agronomia, Pesquisadora, Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás-GO, raquelmello@cnpaf.embrapa.br

<sup>4</sup>Doutor em Entomologia Agrícola, Pesquisador, Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás-GO, alex@cnpaf.embrapa.br

<sup>5</sup>Doutor em Entomologia, Pesquisador, Embrapa Clima Temperado, Pelotas-RS, martins@cnpaf.embrapa.br

<sup>6</sup>Prof. e Doutor em Entomologia, Universidade Federal de Goiás, Rodovia Goiânia - Nova Veneza, km zero. Campus Samambaia, Goiânia, GO, pmarta@terra.com.br

analisador de fragmento automático ABI 3100 (Applied Biosystems). Os alelos foram identificados pelo software GeneMapper 3.5 (Applied Biosystems) utilizando o padrão GeneScan™ 500 Rox™ Size Standard (Applied Biosystems).

A determinação do número de alelos exclusivos (ou privados) foi obtida através do programa Genetic Data Analysis (GDA) (LEWIS & ZAYKIN, 2002). O número médio de alelos/locos e os valores de PIC (Polymorphism Information Content) foram calculados utilizando-se o programa PowerMarker versão 3.23 (LIU & MUSE, 2005). O programa Identity (WAGNER & SEFC, 1999) foi usado para obter a probabilidade de identidade (PI). A análise fatorial de correspondência (AFC) foi obtida através do programa Genetix versão 4.03 (BELKHIR ET AL., 2001).

### RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os 24 marcadores SSR utilizados para a caracterização molecular dos acessos de arroz identificaram 243 alelos variando de quatro (RM 171) a 28 (RM 14), com média de 10,12 alelos/marcador. Entre os alelos identificados, 92 (38%) foram privados ou exclusivos, ou seja, observados em um único acesso (Figura 1). O marcador que detectou o maior número de alelos privados foi o RM 14 com treze alelos (Figura 1). O PIC variou de 0,10 (RM 171) a 0,87 (OG 106), com média de 0,63. O conjunto de marcadores utilizados neste trabalho identificou uma probabilidade de identidade (P.I.) combinada de  $1,00 \times 10^{-18}$ . Este valor corresponde à probabilidade de se encontrar, ao acaso, dois indivíduos com o mesmo genótipo, quando analisados por um conjunto de marcadores.

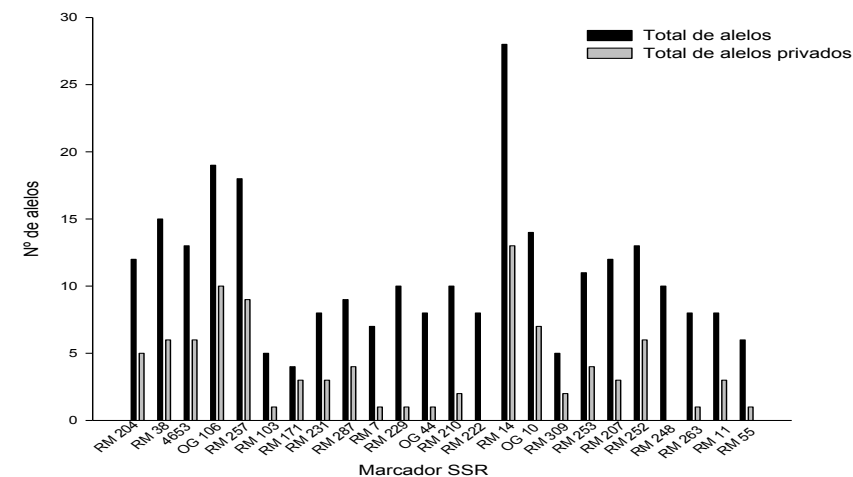
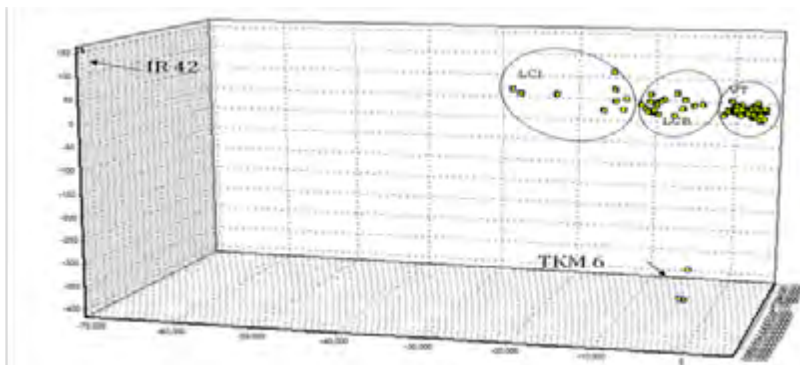


Figura 1. Número de alelos (totais e privados) detectados com 24 marcadores SSR nos diferentes acessos de arroz.

A distribuição espacial da variabilidade genética do conjunto de acessos analisados pode ser visualizada na Figura 2, através da análise fatorial de correspondência (AFC). Verificou-se que as cultivares introduzidas TKM 6 e IR 42 distinguiram-se geneticamente dos demais acessos. As demais cultivares e linhagens introduzidas formaram um grupo com maior similaridade genética entre si, da mesma maneira, as variedades tradicionais e as cultivares brasileiras encontraram-se mais próximas.



**Figura 2.** Análise fatorial de correspondência (AFC) demonstrando o padrão de distribuição espacial da variabilidade genética dos 34 acessos analisados.

Em comparação com estudos que analisaram a divergência existente em germoplasma de arroz, o número médio de alelos por loco (10,12) e PIC (0,63) encontrados neste estudo foram superiores aos detectados por Giarrocco et al. (2007) e Pervaiz et al. (2009) que detectaram 8,4 e 4,5 alelos/locos e PIC igual a 0,69 e 0,60, respectivamente. Brondani et al. (2006) e Borba et al. (2009b) encontraram um número médio de alelos por loco de 14,7 e 12,4 e valores de PIC iguais a 0,73 e 0,75, respectivamente. O número de alelos privados encontrado neste trabalho foi superior ao encontrado em Borba et al. (2009a) que obteve 41 alelos privados ou exclusivos. As informações quanto à presença de alelos privados podem ser úteis na identificação de genótipos com variabilidade genética exclusiva, ou seja, com caracteres expressos diferencialmente.

Na análise fatorial de correspondência foi observada a divisão de grupos distintos e este fato pode estar relacionada com a origem dos acessos, já que estes são oriundos de programas de melhoramento de arroz do exterior e do Brasil. A verificação da presença de variabilidade genética expressiva entre os 34 acessos fornece indícios de que estes podem ser utilizados pelos programas de melhoramento do arroz no Brasil como fonte de variabilidade.

## CONCLUSÃO

A utilização de marcadores SSR com marcação fluorescente foi bastante eficaz para a análise da diversidade genética dos acessos de arroz avaliados. Essa análise permitiu a identificação de acessos de arroz mais divergentes geneticamente, que poderão ser utilizados como fonte de variabilidade para a ampliação da base genética do arroz melhorado brasileiro.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BELKHIR, K.; BORSA, P.; CHIKHI, L.; RAUFASTE, N.; BONHOMME, F. **Genetix** Version 4.05.2. Université de Montpellier. 2001. Disponível em: <<http://www.univ-montp2.fr/~genetix/genetix/genetix.htm>>
- BORBA, T. C. de O.; BRONDANI, R. V.; RANGEL, P. H. N.; BRONDANI, C. Microsatellite marker-mediated analysis of the Embrapa rice core collection genetic diversity. **Genetica**, v. 137, p.293-304, 2009a.
- BORBA, T. C. de O.; MENDES, C. dos A.; GUIMARÃES, E. P.; BRUNES, T. O.; FONSECA, J. R.; BRONDANI, R. V.; BRONDANI, C. Genetic variability of Brazilian rice landraces determined by SSR markers. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, v.44, p.706-712, 2009b.

BRONDANI, C.; RANGEL, P. H. N.; BRONDANI, R. P. V.; FERREIRA, M. E. QTL mapping and introgression of yield related traits from *Oryza glumaepatula* to cultivated rice (*Oryza sativa*) using microsatellite markers. **Theor. Appl. Genet.**, v. 104, p.1192- 1203, 2002.

BRONDANI, C.; BORBA, T. C. de O.; RANGEL, P. N.; BRONDANI, R. P. V. Determination of genetic variability of traditional varieties of Brazilian rice using microsatellite markers. **Genetics and Molecular Biology**, v. 29, n. 4, p.676-684, 2006.

GIARROCCO, L. E.; MARASSI, M. A.; SALERNO, G. L. Assessment of the genetic diversity in Argentine rice cultivars with SSR markers. **Crop Science**, v. 47, p. 853-860, 2007.

HERRERA, T. G.; DUQUE, D. P.; Almeida, I. P.; Núñez, G. T., Pieter, A. J.; Martinez, C. P.; Tohme, J. M. Assessment of genetic diversity in Venezuelan rice cultivars using simple sequence repeats markers. **Journal of Biotechnology**, v. 11, n. 5, p.1-14, 2008.

LEWIS, P.O.; ZAYKIN, D. **Genetic Data Analysis**: Computer program for the analysis of allelic data. Version 1.0, 2002. Disponível em: <http://lewis.eeb.uconn.edu/lewishome/software.html>.

LIU, K.; MUSE, S.V. **Power marker**: an integrated analysis environment for genetic marker analysis. **Bioinformatics** v.21, p.2128–2129, 2005.

LOPES, M. C. B. **Caracterização fenotípica e molecular de genótipos de arroz irrigado**. 2002. 100 p. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2002.

PERVAIZ, Z. H.; RABBANI, M. A.; PEARCE, S. R.; MALIK, S. A. Determination of genetic variability of Asian rice (*Oryza sativa* L.) varieties using microsatellite markers. **African Journal of Biotechnology**, v. 8, p. 5641-5651, 2009.

WAGNER, H. W.; SEFC, K. M. **IDENTITY 1.0**. Center for Applied Genetics, University of Agricultural Sciences Vienna, 1999.

## ATRIBUTOS AGRONÔMICOS DE LINHAGENS DE ARROZ VERMELHO DESENVOLVIDAS PARA O NORDESTE

José Almeida Pereira<sup>1</sup>; Orlando Peixoto de Moraes<sup>2</sup>; Priscila Zaczuk Bassinello<sup>2</sup>; José Alves da Silva Câmara<sup>3</sup>; Valdenir Queiroz Ribeiro<sup>1</sup>; Alexandre Muniz S. de Souza<sup>3</sup>; João Nildo Rodrigues Lemos<sup>4</sup>

Palavras-chave: arroz da terra, melhoramento genético, dormência, produtividade,

### INTRODUÇÃO

O arroz de pericarpo branco é o tipo predominante nas principais regiões produtoras, mas é sabido hoje que ele se originou do arroz vermelho, por meio de mutação do gene Rc (SHARMA,2010), e que o tipo vermelho domesticado, pertencente à mesma espécie *Oryza sativa* L., continua sendo plantado em alguns países da África, América, Europa e, principalmente, da Ásia. No Brasil, o arroz vermelho foi o primeiro tipo introduzido pelos portugueses, no século XVI, e, ainda que sendo cultivado em pequenas áreas, é considerado um verdadeiro patrimônio genético, cultural e alimentar para uma parcela da população nordestina, especialmente da Paraíba e do Rio Grande do Norte (PEREIRA, 2004).

Por pertencerem tanto a forma cultivada quanto a espontânea do arroz vermelho à mesma espécie botânica, são bastante sutis as diferenças existentes entre ambas. As poucas diferenças perceptíveis entre as duas formas decorrem do fato de as plantas do arroz vermelho cultivado resultarem de um longo processo de seleção feita pelo homem, procurando fixar nelas características de seu interesse, visando à sua própria subsistência, enquanto, no sentido inverso, as plantas da forma espontânea experimentaram um processo contínuo de eliminação e, conseqüentemente, jamais conseguindo fixar características agrônomicas superiores.

As cultivares de arroz vermelho adaptadas às condições nordestinas são o resultado de transformações ocorridas na natureza, devido a cruzamentos naturais e mutações, e foram selecionadas pelos próprios agricultores. No Vale do Piancó, na Paraíba, continuam sendo plantadas apenas duas dessas cultivares tradicionais, conhecidas como 'Vermelho Tradicional' e 'Cáqui Vermelho', enquanto no Vale do Rio do Peixe, também na Paraíba, predominam a 'MNA PB 0405' e a 'MNA PB 0728' e no Vale do Apodi (Rio Grande do Norte), as cultivares 'MNA RN 0802' e 'MNA RN 0803'. As quatro últimas possuem arquitetura moderna e foram selecionadas também pelos agricultores da região. Originaram-se do cruzamento natural entre a 'Vermelho Tradicional' e as cultivares de arroz branco irrigado 'IR 8' e 'BR IRGA 409' (PEREIRA et al., 2008). Em anos recentes, uma coleção de cultivares de arroz vermelho foi estabelecida pela Embrapa. Essa instituição, por meio de hibridação artificial, utilizando como parentais os melhores acessos da coleção, vem obtendo várias linhas segregantes e avançadas com características agrônomicas de interesse, de modo a tornar possível, a partir do ano de 2012, a liberação comercial da primeira cultivar de arroz vermelho melhorada no Brasil.

O objetivo deste trabalho foi avaliar os principais atributos agrônomicos de linhagens avançadas de arroz vermelho, nas condições do Nordeste brasileiro.

### MATERIAL E MÉTODOS

A pesquisa foi realizada nos municípios de Teresina-PI (5° 05' S e 42° 49' W), Aparecida-PB (6° 48' S e 38° 03' W) e Itaporanga-PB (7° 15' S e 38° 07' W), em regime de

irrigação por inundação, no segundo semestre dos anos de 2009 e 2010, para avaliar 12 linhagens de arroz vermelho, incluindo as cultivares tradicionais (testemunhas) 'Vermelho Tradicional' e 'Cáqui Vermelho'. Utilizou-se o delineamento experimental de blocos casualizados com quatro repetições, sendo as parcelas constituídas por quatro fileiras contínuas, com 5 m de comprimento, na densidade de 80 sementes por metro linear de sulco, adotando-se o espaçamento de 0,30 m entre as fileiras.

O manejo da cultura nos cinco ensaios variou apenas no que se refere à adubação. Em Teresina-PI, trabalhou-se com adubação convencional, aplicando-se na base 200 kg ha<sup>-1</sup> da mistura 5-30-15 e 90 kg ha<sup>-1</sup> de N (ureia) em cobertura, sendo metade da dose no início do perfilhamento e metade por ocasião da diferenciação do primórdio floral. Uma vez que no Estado da Paraíba o arroz vermelho é tratado como sendo um produto orgânico, no caso dos ensaios conduzidos em Aparecida-PB, como fertilizantes, foram utilizados apenas dois preparados biodinâmicos, com base na teoria desenvolvida por Rudolf Steiner (ASSOCIAÇÃO BIODINÂMICA, 2010), e, em Itaporanga-PB, foi realizada somente uma adubação orgânica, antes do plantio, à base de 10 t ha<sup>-1</sup> de estrume ovino. Os atributos agrônomicos avaliados foram ciclo até a floração, altura de planta, índice de acamamento, produção de grãos, período de dormência e rendimento de grãos inteiros.

Os dados sobre produção de grãos foram analisados por meio do procedimento GLM do "Statistical Analysis System" (SAS INSTITUTE, 2004).

### RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise de variância do atributo produção de grãos revelou efeitos significativos (P < 0,01) para locais, tratamentos e a interação locais x tratamentos, indicando que houve comportamento relativo diferente de pelo menos uma linhagem em um ou mais ambientes. Em Teresina (PI), onde se praticou adubação química convencional, a produtividade média tanto em 2009 quanto em 2010 foi superior à dos ensaios realizados nos sistemas biodinâmico e orgânico da Paraíba (Tabela 1). As linhagens 'MNA PB 0728' (11.627 kg ha<sup>-1</sup>) e 'MNA 0801' (11.954 kg ha<sup>-1</sup>) foram os tratamentos mais produtivos no ano de 2009, repetindo a 'MNA PB 0728' a performance (10.188 kg ha<sup>-1</sup>) em 2010. As testemunhas 'Vermelho Tradicional' e 'Cáqui Vermelho', nos mesmos ensaios, se colocaram no patamar dos tratamentos menos produtivos.

Em se tratando dos ensaios conduzidos no município de Aparecida (PB), a linhagem MNA RN 0802 se destacou como sendo o tratamento mais produtivo em 2009 (3.433 kg ha<sup>-1</sup>) e em 2010 (3.516 kg ha<sup>-1</sup>), sendo a testemunha 'Cáqui Vermelho' o tratamento menos produtivo nos dois anos. Por sua vez, no ensaio de Itaporanga (PB), com exceção da linhagem 'MNA PB 0728' (5.132 kg ha<sup>-1</sup>), todas as demais se destacaram em relação às testemunhas 'Vermelho Tradicional' (5.024 kg ha<sup>-1</sup>) e 'Cáqui Vermelho' (3.349 kg ha<sup>-1</sup>). No geral, pelo menos, seis linhagens ('MNA PB 0728', 'MNA 0801', 'MNA PB 0405', 'MNA 0902', 'MNA 0901' e 'MNA RN 0803') produziram acima da média dos cinco ambientes (6.016 kg ha<sup>-1</sup>), enquanto a testemunha mais produtiva ('Vermelho Tradicional') ficou aquém dos 4.900 kg ha<sup>-1</sup>, confirmando-se a teoria segundo a qual em arroz a produtividade de grãos é maior nas cultivares de arquitetura de planta moderna (KHUSH, 1995).

Na média dos cinco locais, a floração variou entre 78 dias ('Cáqui Vermelho') e 97 dias ('MNA PB 0405') e a altura de planta de 87 cm ('MNA 0902') a 135 cm ('Vermelho Tradicional'), mostrando os dados que há uma relação direta e positiva entre o ciclo biológico e a produtividade de grãos do arroz vermelho, assim como uma relação inversa entre este atributo agrônomico e a altura de planta (Tabela 2). Também, como era de se esperar, as duas cultivares testemunhas, ambas de arquitetura de planta tradicional, foram as que apresentaram maior suscetibilidade ao acamamento.

Em se tratando do arroz vermelho, um atributo a ele associado é a dormência das sementes, aliás, uma característica herdada do seu ancestral *Oryza rufipogon* (SWEENEY et al., 2006). Neste trabalho, apenas duas linhagens ('MNA PB 0413' e 'MNA RN 0802') não apresentaram dormência, uma vez que decorridos apenas vinte dias da colheita o seu poder

<sup>1</sup> Eng. Agr., M.Sc., Embrapa Meio-Norte, Av. Duque de Caxias, 5650, 64.006-220 Teresina (PI). E-mail: almeida@cpamn.embrapa.br

<sup>2</sup> Eng. Agr., Dr., Embrapa Arroz e Feijão, Caixa Postal 179, 75.375-000 Sto. Antônio de Goiás (GO).

<sup>3</sup> Eng. Agr., Bs., Moco Agropecuária, Caixa Postal 45, 58.800-970 Sousa (PB).

<sup>4</sup> Eng. Agr., Bs., Emepa, Rua Eurípedes Tavares, 210 – Tambiá, 58.013-290 João Pessoa (PB).

germinativo foi superior a 70%. O rendimento de grãos inteiros variou de 29% a 66%, apresentando oito linhagens índices superiores a 50%, o que pode ser considerado um resultado relevante, considerando-se que o arroz vermelho cultivado, via de regra, caracteriza-se por apresentar baixo rendimento de grãos inteiros.

**Tabela 1.** Produtividades de grãos (kg ha<sup>-1</sup>) de 12 cultivares de arroz vermelho em cinco ambientes da região Nordeste, nos anos de 2009 e 2010.

Cultivar	Teresina-PI		Aparecida-PB		Itaporanga-PB	Análise conjunta
	2009	2010	2009	2010	2010	
MNA PB 0728	11627a	10188a	4844a	3249b	5132b	7008
MNA 0801	11954a	7316b	5799a	3016b	6533a	6923
MNA PB 0405	9041b	8560b	5949a	3236b	6249a	6607
MNA 0902	10166b	8049b	4374b	3088b	6716a	6478
MNA 0901	9124b	8411b	5383a	3108b	5866a	6378
MNA RN 0803	9833b	7521b	5416a	3099b	5949a	6363
MNA PB 0413	9958b	8155b	3883b	2457c	6291a	6148
MNA 0906	8833b	7734b	4074b	2699c	6316a	5931
MNA 0903	8666b	7366b	5174a	2466c	5899a	5914
MNA RN 0802	5416c	7455b	5433a	3516a	7449a	5853
Vermelho Tradicional	4624c	7244b	5283a	1941d	5024b	4823
Cáqui Vermelho	5916c	6966b	674c	1916d	3349c	3764
<b>Média geral</b>	<b>8763</b>	<b>7914</b>	<b>4690</b>	<b>2816</b>	<b>5898</b>	<b>6016</b>
<b>C. V. (%)</b>	<b>12,9</b>	<b>10</b>	<b>19</b>	<b>7,1</b>	<b>13</b>	<b>13,6</b>

Médias seguidas da mesma letra nas colunas não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.

**Tabela 2.** Ciclo até floração, altura de planta, índice de acamamento e período de dormência de 12 cultivares de arroz vermelho, nas condições da região Nordeste.

Cultivar	Floração (dia)	Altura (cm)	Acamamento (1 – 9)	Dormência (dia)	Rend. grãos inteiros (%)
MNA PB 0728	91	92	1,5	80	59
MNA 0801	81	100	2,7	80	66
MNA PB 0405	97	93	2,1	80	61
MNA 0902	88	87	1,3	80	29
MNA 0901	96	105	1,5	100	51
MNA RN 0803	95	102	2,1	60	65
MNA PB 0413	79	92	2,3	20	66
MNA 0906	86	97	1,3	110	48
MNA 0903	83	97	1,1	80	61
MNA RN 0802	85	96	3,1	20	56
Vermelho Tradicional	82	135	4,0	120	49
Cáqui Vermelho	78	132	3,8	110	39

## CONCLUSÃO

De um modo geral, pelo menos seis linhagens de arquitetura de planta moderna ('MNA PB 0728', 'MNA 0801', 'MNA PB 0405', 'MNA 0902', 'MNA 0901' e 'MNA RN 0803') são mais produtivas do que as cultivares tradicionais (testemunhas), apresentando-se como promissoras para cultivo na Região Nordeste.

## AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem à direção da Fazenda Mocê Agropecuária, no município de Aparecida, Estado da Paraíba, pelo apoio oferecido durante a realização dos ensaios

instalados nas suas dependências.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ASSOCIAÇÃO BIODINÂMICA. **Preparados biodinâmicos**. Botucatu. Disponível em: <http://www.biodinamica.org.br/preparados.htm>. Acesso em: 14 ago. 2010.

KHUSH, G. S. Aumento do potencial genético de rendimento do arroz: perspectivas e métodos. In: CONFERÊNCIA INTERNACIONAL DE ARROZ PARA A AMÉRICA LATINA E O CARIBE, 9., 1994, Goiânia. **Arroz na América Latina**: perspectivas para o incremento da produção e do potencial produtivo: anais. Goiânia: EMBRAPA-CNPAP, 1995. p. 13-29. (EMBRAPA-CNPAP. Documentos, 60).

PEREIRA, J. A. **O arroz-vermelho cultivado no Brasil**. Teresina: Embrapa Meio-Norte, 2004. 90p

PEREIRA, J. A.; MORAIS, O. P. de; BRESEGHELLO, F. Análise da heterose de cruzamentos entre variedades de arroz-vermelho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 43, n. 9, p. 1135-1142, set. 2008.

SAS INSTITUTE. **SAS/STAT 9.1 user's guide**. SAS Inst., Cary, NC, 2004.

SHARMA, S. D. Domestication and diaspora of rice. In: SHARMA, S. D. (Ed.). **Rice**: origin, antiquity and history. Boca Raton: CRC Press; New Hampshire: Science Publishers, 2010. cap. 1, p. 1-24.

SWEENEY, M. T.; THOMSON, M. J.; PFEIL, B. E.; MCCOUCH, S. Caught red-handed: Rc encodes a basic helix-loop-helix protein conditioning red pericarp in rice. **The Plant Cell**, v. 18, p. 283-294, 2006.