

USO DE GERMOPLASMA EXÓTICO NO MELHORAMENTO GENÉTICO DO ARROZ

Paulo Hideo Nakano Rangel (phrangel@cnpaf.embrapa.br), Eng. Agr. Dr. e Cláudio Brondani; Embrapa Arroz e Feijão; Caixa Postal 179; CEP 75375-000 Santo Antônio de Goiás, GO; e Márcio Elias Ferreira, Eng. Agr. Ph.D., Universidade Católica de Brasília, SGAN 916 Módulo B; CEP 70790-160 Brasília, DF

Pesquisa em realização com suporte financeiro do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico – CNPq, entidade governamental brasileira promotora do desenvolvimento científico e tecnológico

INTRODUÇÃO

O desenvolvimento das variedades de arroz irrigado de porte baixo é considerado como um dos maiores sucessos da história moderna do melhoramento genético. A precursora da "revolução verde" foi a cultivar IR-8 liberada para cultivo em 1966, pelo International Rice Research Institute (IRRI), que ficou conhecida como arroz milagroso e revolucionou a orizicultura mundial. Por apresentarem características agrônômicas favoráveis como o porte baixo, alto perfilhamento, resposta à adubação nitrogenada e principalmente elevada produtividade de grãos, estas cultivares causaram profundas transformações não só a nível de agricultores que passaram a usar uma melhor tecnologia nas lavouras, como também na filosofia dos programas de melhoramento genético que direcionaram todo o seu esforço de pesquisa no sentido de desenvolver variedades que apresentasse arquitetura de planta moderna. Para isto os melhoristas passaram a utilizar intensamente, como genitores nos cruzamentos, a IR-8 ou linhagens dela derivada, restringindo a variabilidade genética das populações utilizadas no melhoramento. Estudos conduzidos por Peng et al 1999) demonstraram que o potencial de rendimento das novas cultivares indica melhoradas permanece o mesmo nestes 30 anos após a liberação da IR8.

Em meados da década de setenta, o Brasil reorganiza a sua estrutura de pesquisa agrícola e os pesquisadores envolvidos com arroz irrigado, de maneira competente, souberam tirar proveito de todos os avanços conseguidos pelos grupos internacionais de pesquisa, reduzindo os caminhos a percorrer para cumprir as suas metas (Morais & Rangel, 1997). Todo esforço foi compensado, no início da década de oitenta, quando as variedades tradicionais de porte alto foram substituídas pelas modernas de porte baixo, praticamente dobrando a produtividade do arroz irrigado em vários estados do nosso país. No Rio Grande do Sul, a produtividade das lavouras aumentou em 30% (Carmona et al., 1994) e em Santa Catarina, o aumento foi de 66% (Ishiy, 1985), devido as cultivares modernas e ao melhor manejo da cultura. Após este grande avanço, a produtividade do arroz irrigado mantém-se a mesma, e esforços para aumentar o potencial produtivo das cultivares não tem resultado em ganhos expressivos.

Dois fatores podem ser os responsáveis pela estagnação do potencial produtivo das cultivares de arroz irrigado no Brasil: a) priorização da qualidade dos grãos e a resistência as doenças em detrimento da produtividade, o que levou à obtenção de cultivares que proporcionaram ganhos consideráveis para qualidade industrial e culinária dos grãos e resistência principalmente, à brusone.; e, b) uso poucos genitores, repetidamente, na formação das populações do melhoramento.

Vários programas de melhoramento de arroz tem buscado, com sucesso, "novos genes", principalmente para produtividade de grãos, em grupos relacionados dentro da mesma espécie e até em espécies afins, utilizando modernas técnicas de biotecnologia associadas aos métodos convencionais de melhoramento.

As cultivares atuais de arroz de terras altas desenvolvidas pela Embrapa Arroz e Feijão, de alta produtividade e grãos do tipo agulhinha, possuem no seu conjunto gênico, alelos dos grupos indica e japônica. Estas duas características foram obtidas através de cruzamentos entre as cultivares tradicionais de arroz de sequeiro (japônica tropical) e cultivares de arroz irrigado de tipo de planta moderno (indica). A estratégia de melhoramento de arroz de terras altas implementada pelo Centro Internacional de Agricultura

Tropical (CIAT), foi combinar a variabilidade dos germoplasmas africano e asiático com o regional, criando um conjunto gênico diversificado (Guimarães et al., 1996).

No IRRI, híbridos obtidos de cruzamentos envolvendo cultivares/linhagens indica x japônica tropical tem apresentado maior heterose para produtividade de grãos do que os híbridos indica x indica (Khush et al., 1996). Trabalho desenvolvido por Xiao et al., (1998) mostrou que a introgressão de genes da espécie silvestre de arroz *Oryza rufipogon* na espécie cultivada *Oryza sativa*, pode aumentar o potencial produtivo em mais de 20%.

UTILIZAÇÃO DO GERMOPLASMA EXÓTICO

O germoplasma exótico pode ser usado quer seja na ampliação da base genética das populações utilizadas nos programas de melhoramento genético do arroz ou na transferência de características específicas para as variedades cultivadas. A busca de alelos positivos, pode ser feita dentro da mesma espécie porém em grupos divergentes geneticamente como as variedades tradicionais e acessos de arroz vermelho e mesmo em espécies afins como, a *Oryza glumaepatula*. O uso do germoplasma exótico muitas vezes é dificultada devido os cruzamentos produzirem híbridos com vários níveis de esterilidade além das progênes apresentarem uma série de características indesejáveis. Devido a isto os pesquisadores não priorizam e até evitam cruzamentos amplos, pois a introgressão de novos genes geralmente implica em perda de boas características já fixadas ao longo do trabalho de seleção. Como consequência dessa estratégia está o possível estreitamento da base genética das populações e a perda da oportunidade de se utilizar a variabilidade existente em outras espécies ou gêneros.

Programas de melhoramento genético com mandatos amplos e trabalhando com uma série de prioridades, deve apoiar-se no pré-melhoramento como alternativa para explorar essa variabilidade. O pré-melhoramento nada mais é que o desenvolvimento de populações ou linhagens, através de cruzamentos e retrocruzamentos do germoplasma exótico com linhagens melhoradas. O objetivo é transferir genes úteis para um ambiente genético, onde podem ser utilizados mais facilmente pelos melhoristas. Todo este processo pode ser mais eficiente ainda se for monitorado por técnicas modernas de biotecnologia como, marcadores moleculares e mapas genéticos, que tem como principais vantagens a capacidade de gerar uma maior quantidade de dados além de monitorar com grande eficiência os caracteres que estão sendo transferidos.

Cultivares tradicionais

O Brasil possui um vasto germoplasma de variedades tradicionais de arroz, representando um dos últimos mananciais remanescentes do mundo. No início da década de setenta estimava-se que o número de cultivares em uso pelos agricultores brasileiros era superior a 3.000 e representadas, principalmente, pelas cultivares tradicionais, utilizadas pelos pequenos produtores (Fonseca et al., 1982). Estas cultivares, plantadas à várias décadas, sofreram um processo de seleção natural e pelo homem, tornando-as adaptadas a diversos estresses bióticos e abióticos, constituindo-se assim em um reservatório de genes de inestimável valor para uso em programas de melhoramento genético. Infelizmente, este material genético local, está ameaçado de desaparecimento, principalmente devido à sua rápida substituição por cultivares melhoradas, já que em 1996 o número estimado de variedades tradicionais em uso pelos agricultores foi estimado em apenas 20%. Este incremento no uso de cultivares melhoradas trouxe grandes avanços para o país no que diz respeito ao aumento da produção e produtividade do arroz. O uso em larga escala de cultivares de arroz com estreita base genética, principalmente em arroz irrigado, tem levado à homogeneidade da cultura, ao mesmo tempo que as variedades tradicionais desaparecem. Os sintomas desta homogeneidade refletem-se principalmente na estagnação de patamares de produtividade e na vulnerabilidade a pragas e patógenos especialmente nas regiões tropicais. No Estado do Tocantins, terceiro produtor de arroz irrigado do Brasil, a brusone (*Pyricularia grisea*), causa perdas consideráveis as lavouras e a resistência das cultivares tem sido quebrada com apenas dois anos de cultivo.

Foram realizadas onze expedições de coleta de germoplasma tradicional de arroz pela Embrapa, no período de 1979 a 1988, em vários Estados do Brasil onde o cultivo do arroz para subsistência era uma prática comum, coletando-se 1543 amostras. A grande variabilidade presente nos acessos coletados, evidenciam o seu uso potencial nos programas de melhoramento. Atualmente, o grande esforço da Embrapa está concentrado no estabelecimento e avaliação de coleções nucleares que irá minimizar a repetitividade da diversidade genética armazenada no banco de germoplasma e facilitar o acesso do melhorista à coleção.

Algumas destas cultivares tradicionais já estão sendo utilizadas no melhoramento genético do arroz irrigado da Embrapa Arroz e Feijão. Através de técnicas multivariadas Rangel et al. (1991) selecionou, dentre 72 cultivares tradicionais, quatro (Paga Dívida, Quebra Cacho, Brejeiro e De Abril) por apresentarem um maior número de características agrônômicas favoráveis e serem divergentes geneticamente, para serem usadas na sintetização da população de arroz de várzea, CNA 5 (Rangel y Neves, 1997). A Três Maria, que possui elevada resistência à brusone, teve o seu alelo de resistência transferido para as cultivar comercial Metica 1.

A classificação rápida e segura das cultivares tradicionais dentro dos grupos indica e japônica é de grande valia para o melhorista por várias razões, segundo Schmidh et al. (1997): a) a escolha de um dos grupos para a constituição de populações, visando o melhoramento, é freqüentemente baseada no uso final da cultivar, se é para plantio em várzea (grupo indica) ou em terras altas (grupo japônica); b) novas combinações podem ser obtidas através de cruzamentos entre germoplasmas dos dois conjuntos gênicos, visando à ampliação da base genética, e, c) a informação é básica para a organização e caracterização do germoplasma para fins de melhoramento. Dois primers foram selecionados por Schmidh et al. (1997) que permitem agrupar com grande precisão os germoplasmas dos grupos indica e japônica. Com estes primers é possível também, detectar nas linhagens obtidas pelos programas de melhoramento, a introgressão de genes de um ou do outro grupo, baseando-se no conhecimento da sua genealogia.

Estudos sendo conduzidos a nível fenotípico e molecular, utilizando-se RAPD e SSR com o objetivo de estabelecer a relação genética entre as variedades tradicionais e as cultivadas, e com isto gerar informações sobre as possibilidades de introgressão de genes e a definição de cruzamentos promissores. De 1543 acessos disponíveis na Embrapa, 700 estão em fase de genotipagem.

Silva (2000) desenvolveu estudo visando avaliar e estimar o grau de similaridade genética entre variedades tradicionais e melhoradas de arroz com denominação comum utilizando polimorfismo de fragmentos de DNA amplificados ao acaso (RAPD). De 93 acessos avaliados, cerca de 20% pertencem ao "background" genético japônica (arroz de sequeiro) e 80% ao "background" genético indica (arroz irrigado). Das variedades tradicionais de arroz irrigado a testadas, a Paga Dívida e a Santa Catarina, plantadas à várias décadas nas várzeas de Minas Gerais, são germoplasmas de grande valor para o programa de melhoramento. Os 12 acessos de Santa Catarina avaliados apresentaram uma similaridade genética de pelo menos 0,80 sendo que, dois são geneticamente idênticos (Santa Catarina 294 e Santa Catarina 327), isto é, não foi observado um único polimorfismo molecular entre os mesmos no conjunto de dados analisado, indicando claramente que é uma duplicação de acessos. Quanto ao Paga Dívida, os três acessos avaliados foram similares geneticamente em pelo menos 0,75%.

Arroz vermelho

O arroz vermelho é considerado a principal erva daninha da cultura do arroz irrigado no Brasil, ocasionando perdas na produtividade, depreciação do produto colhido e abandono de áreas de cultivo. Apesar disto, o arroz vermelho possui características desejáveis como elevado vigor inicial que é a habilidade da planta de emergir rapidamente a sua parte aérea do solo ou da água de irrigação.

No Brasil, o retardamento do crescimento do seedling induzido por baixas temperaturas do solo, é um problema comum da cultura do arroz em áreas subtropical, como o Rio Grande do Sul e Santa Catarina. Em

áreas tropical, como nos estados de Goiás, Tocantins e Mato Grosso do Sul, a sistematização deficiente do solo, faz com que as lavouras tenham altura de lâmina de água elevada e demasiadamente quente, o que muitas vezes retardam o crescimento do seedling. Além disto, no Brasil predomina o plantio com semente seca diretamente no solo, e o vigor do seedling é importante para obtenção de um bom estande e proporcionar uma maior habilidade competitiva das plantas de arroz com as ervas daninhas. Através da incorporação da característica de elevado vigor inicial encontrado no arroz vermelho pode-se obter cultivares modernas mais adequadas para fazer frente aos problemas mencionados acima. Além disto, esta característica é fundamental para um bom desempenho de uma cultivar no sistema de cultivo pré-germinado que encontra-se em franca expansão no Rio Grande do Sul.

O conhecimento da estrutura genética das populações de arroz vermelho e seu fluxo de genes para o arroz cultivado pode ajudar no estabelecimento de práticas de controle, o que proporcionaria uma economia de milhões de reais para a orizicultura brasileira.

É possível que mutantes resistentes a herbicidas possam ter aparecido devido a forte pressão de seleção proporcionada pela aplicação continuada de herbicida total no sistema de plantio direto. Este(s) gene(s) poderiam ser de utilidade em outras culturas.

A Embrapa dispõem de 180 acessos de arroz vermelho coletados em vários locais do Brasil e de 70 provenientes da Venezuela. Estudo com objetivo de compreender sua variabilidade genética e o grau de relacionamento genético de acessos de arroz vermelho com espécies cultivadas e silvestres de arroz de genoma diplóide AA ($2n = 24$) foi conduzido por Lins (2000), que avaliou 162 acessos de arroz vermelho sendo, 98 coletados no Brasil e 64 coletados na Venezuela mais sete controles representados pelas variedades cultivadas de *O. sativa* subespécie *indica* (Cica 8 e BR IRGA 409) e *japônica* (IAC 25 e Araguaia), de *Oryza glaberrima* oriunda da África e acessos de arroz silvestre nativo do Brasil (*Oryza glumaepatula*) e da Ásia (*Oryza rufipogon*). Foi utilizado a técnica de análise de polimorfismo de fragmentos de DNA amplificados ao acaso (RAPD). Os acessos foram distribuídos em cinco grupos de acordo com os índices de similaridade estimados: o primeiro grupo, (A), incluiu somente três acessos controle, *O. glumaepatula*, *O. glaberrima* e *O. rufipogon*, com similaridade de 0. 37 em relação aos outros grupos, indicando que todos acessos de arroz vermelho testados aparentemente não agrupam com as espécies controles. O grupo (B) incluiu a maioria dos acessos de arroz vermelho testados (88%), incluindo os acessos controle de *O. sativa* do tipo *indica* (Cica 8 e BR-IRGA 409). Isso indica que esses acessos possuem *background* genético similar ao arroz irrigado. É importante destacar que neste grupo existem três subgrupos. Não há indício, no entanto, de correlação entre distância genética e distribuição geográfica dos acessos. A maior parte dos acessos coletados na Venezuela pertencem a esse grupo. O grupo (C) incluiu 10 dos acessos de arroz vermelho testados, juntamente com os acessos controle de *O. sativa* do tipo *japônica* (Araguaia e IAC 25). Aparentemente estes acessos possuem *background* genético semelhante ao pool gênico de arroz de sequeiro. Os grupos (D) e (E) incluem acessos de arroz geneticamente distantes de acessos das subespécies *indica* e *japônica*, mas aparentemente distintos dos acessos silvestres utilizados como controle. Os dados indicam que alguns acessos de arroz vermelho possuem *background* genético do tipo *O. sativa indica*, e outros (minoria) possuem *background* genético do tipo *O. sativa japônica*. Um alto nível de similaridade genética (> 97%) foi observado entre acessos de arroz vermelho oriundos de lavouras comerciais de cultivares de arroz largamente plantadas no Sul do País, como BR IRGA 410 e El Paso L144, o que em alguns casos específicos pode ser indicativo de mutação.

Espécie silvestre

Os avanços obtidos com as pesquisas em genética molecular tem mostrado que as espécies silvestres de arroz constituem um rico reservatório de genes que podem ser utilizados na obtenção de cultivares superiores. A busca de novas combinações gênicas ajudada por marcadores moleculares e mapas genéticos pode potencializar o uso desse germoplasma no melhoramento genético.

Em tomate foram obtidas linhagens com QTL específicos da espécie silvestre *Lycopersicon hirsutum* que superaram as variedades elites originais em 48% para produtividade, 22% para teor de sólidos solúveis e 33% para cor de fruto. O comportamento dessas linhagens foi confirmado através de vários experimentos conduzidos em diversos países (Tanksley & McCouch, 1997).

As variedades híbridas de arroz desenvolvidas na China, superaram em produtividade as melhores cultivares endógamas, em mais de 20%. Resultados semelhantes vem sendo obtidos em vários países do mundo. Experimentos foram recentemente conduzidos visando determinar se os genes da espécie silvestre, de baixa produtividade, *Oryza rufipogon*, pode aumentar significativamente a produtividade dos melhores híbridos chineses. Quando o método do retrocruzamento avançado foi utilizado para examinar alelos oriundos da espécie silvestre no conjunto gênico dos híbridos elites, dois QTLs foram identificados como responsáveis pelo aumento da produtividade em 17%, comparado com o híbrido original. Além disso, os alelos silvestres identificados neste estudo, parecem estar livres de muitos efeitos negativos freqüentemente associados ao aumento da produtividade no germoplasma cultivado (Tanksley & McCouch, 1997).

Os resultados obtidos com tomate e arroz indicam que o germoplasma exótico pode conter muitos alelos úteis que podem proporcionar aumentos substanciais, mesmo em características complexas como a produtividade de grãos. Eles demonstram também, que o fenótipo das espécies silvestres, é pobre em prever o potencial genético desses germoplasma para o melhoramento e que através da utilização de técnicas modernas de biotecnologia, pode-se identificar genes úteis que trarão grandes benefícios à agricultura moderna.

Foram realizadas três expedições de coleta de espécies silvestres de arroz no Brasil. As duas primeiras, em 1992 e 1993 exploraram respectivamente, as bacias do Rio Negro e do Rio Solimões, e foram financiadas pelo Ministério da Educação, Ciência e Cultura (Monbusho) do Japão e pela Fundação de Apoio a Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP), Brasil. Estas expedições faziam parte do projeto "Ecological genetics of the Amazonian plant species, with the emphasis on *Oryza* and *Stylosanthes* species" desenvolvido pela Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz (ESALQ)/Universidade de São Paulo (USP) e pelo Centro de Energia Nuclear para Agricultura (CENA)/USP, do Brasil e Instituto Nacional de Genética e Universidade de Hokkaido, do Japão. A terceira expedição, que explorou o Pantanal Mato-grossense, foi realizada em 1994 e contou com a participação de pesquisadores da ESALQ/USP, CENA/USP e da Embrapa Arroz e Feijão. Das quatro espécies silvestres de arroz que ocorrem no Brasil, três (*Oryza alta*, *Oryza latifolia* e *Oryza grandiglumis*), são tetraploides de genoma CCDD e uma, diploide (*Oryza glumaepatula*) de genoma AA semelhante ao da espécie cultivada (Morishima & Martins, 1994).

Atualmente, *Oryza glumaepatula* é considerada uma espécie distinta, com origem no continente americano, e que divergiu de *Oryza sativa* há cerca de 20 milhões de anos atrás (Buso, 1998). Buso et al (1998), avaliaram quatro populações de *Oryza glumaepatula* coletadas nas Bacias do Rio Amazonas e do Rio Paraguai, quanto a variabilidade genética entre e dentro de populações, o sistema de acasalamento e o fluxo gênico entre populações utilizando isoenzimas e marcadores RAPD. Os autores encontraram uma percentagem de loci polimorficos (P) variando de 0 a 0,40 quando todas as populações eram consideradas. O número médio de alelos por locus (n) variou de 1,00 a 1,75. A heterozigosidade média observada (H_0) e a esperada (H_e) variou para todos os loci de 0,00 a 0,25 e de 0,00 a 0,21, respectivamente. Desvios significativos do equilíbrio de Hardy-Weinberg foram encontrados para todas as populações. O coeficiente de endogamia (F), médio para todos os loci, indicou deficiência de heterozigotos para todas as populações refletindo em um alto nível de endogamia. O valor de F em três populações foi igual a 1,00 e em uma população foi de 0,88. A taxa de fecundação cruzada estimada através de F foi muito baixa, variando de 0 a 6%. Estas estimativas indicam que esta espécie diplóide brasileira (*Oryza glumaepatula*) é preferencialmente autógama.

Estudos conduzidos a nível molecular mostraram também que *Oryza glumaepatula*, é geneticamente

relacionada com *Oryza sativa*, o que facilita sobremaneira a introgressão de genes da espécie silvestre na cultivada (Buso, 1998).

A Embrapa, utilizando amostras de populações de *Oryza glumaepatula* coletadas no Brasil, vem desenvolvendo um programa de pré-melhoramento visando a incorporar genes desta espécie em linhagem elite de *Oryza sativa*, monitorando o processo por marcadores moleculares e mapas genéticos. Com isto pretende-se criar linhagens de *Oryza sativa* vetoras de genes da espécie silvestre que serão utilizadas na ampliação da base genética das populações do melhoramento de arroz irrigado, visando a obtenção de linhagens de alta produtividade e no desenvolvimento de híbridos. A estratégia adotada na introgressão de genes de espécies silvestres nas cultivadas, envolve o uso de mapas de ligação molecular e as técnicas convencionais de melhoramento, conhecida como Método Avançado de Retrocruzamento para QTL, que permite que um grupo de alelos de uma planta exótica ou silvestre possa ser examinada em um conjunto gênico de uma cultivar ou linhagem elite. O mapa de ligação molecular é usado para identificar no cromossomo a posição dos alelos silvestres que foram transferidos para a progênie, determinar quais deles estão associados à comportamento superior e selecionar as linhagens que contém somente QTL silvestre específico no conjunto gênico elite. O esperado é que as linhagens elites modificadas apresentem melhor comportamento do que a cultivar original (Tanksley & McCouch, 1997).

A Figura 1 mostra de maneira esquemática os passos do trabalho desenvolvido por Brondani (2000), para introgressão de genes da espécie silvestre *Oryza glumaepatula* na cultivada *Oryza sativa* (BG 90-2). Na primeira fase, a linhagem elite BG 90-2 foi cruzada com um acesso (RS 16) de *Oryza glumaepatula*. Quatro plantas híbridas F1, confirmadas por marcadores RAPD e SSR, foram retrocruzadas com BG 90-2. Um total de 256 plantas RC1F1 com características fenotípicas favoráveis foram retrocruzadas novamente com BG 90-2. Destas, 96 progênies RC2F1 foram selecionadas e utilizadas para a análise de QTLs e autofecundadas para produzir sementes RC2F2. As 96 famílias RC2F2, os dois parentais e a cultivar comercial BR-IRGA 409 (controle) foram avaliadas à campo no delineamento experimental de blocos ao acaso com 3 repetições. Foram coletados dados de: dias até o florescimento; altura de plantas; número de perfilhos; número de panículas; comprimento de panículas; espiguetas por panícula; percentagem de grãos cheios por panículas; peso de 100 grãos; produção por planta; número de grãos cheios por panícula e produção por panícula (GYPa). Foram construídos os mapas de ligação com 157 marcadores moleculares (150 marcadores SSR e 7 STS), usando 93 plantas RC1F1. Os marcadores mapeados foram também utilizados para genotipar as 96 plantas RC2F2, estimar o percentual de contribuição de cada parental em cada família RC2F2 e efetuar a análise de QTLs. Como resultado deste trabalho, foram identificadas 13 famílias que produziram maior número de panículas sem perfilhos estéreis, que o parental BG90-2. Destas, uma família mostrou um aumento de 145,8% no aumento do número de panículas por planta em relação a BG 90-2, e possui um percentual estimado de 12,6% do genoma de *O. glumaepatula*.

Figura 1. Esquema do Método Avançado de Retrocruzamento para QTLs utilizado na introgressão de genes de *Oryza glumaepatula* em *Oryza sativa*

CONSIDERAÇÕES FINAIS

Os exemplos citados, em tomate e em arroz, mostram que a busca e o uso de novas combinações gênicas, oriundas de germoplasmas exóticos, constitui-se no grande desafio dos pesquisadores no próximo milênio e poderá revolucionar a agricultura moderna.

Os resultados e as idéias aqui apresentados trazem aos pesquisadores que trabalham com o melhoramento genético do arroz alternativas para solucionar os problemas que até então estavam restritas ao uso de métodos convencionais e ao germoplasma elite.

Como essas atividades nem sempre possuem a importância dos trabalhos de desenvolvimento de linhagens e lançamento de variedades é necessário que instituições públicas, como a Embrapa e as Universidades, sejam estimuladas a realizar esse trabalho de base para os futuros programas de melhoramento do país. Além disso o desenvolvimento de pesquisas básicas para o conhecimento desse germoplasma é de fundamental relevância para o uso sustentável dessa diversidade genética.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

CARMONA, P.S.; TERRES, A .L.; SCHIOCCHET, M. Avaliação crítica dos projetos do PNP-Arroz na área de melhoramento genético, no período de 1980 a 1990: Estados do Rio Grande do Sul e Santa Catarina. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE ARROZ , IV. 1990, Goiânia. À pesquisa de arroz nos anos 80: avaliação crítica dos principais resultados. Goiânia, Embrapa-CNPAP, 1994. (Embrapa-CNPAP. Documentos, 40) p.269-285.

BRONDANI, C. Desenvolvimento de marcadores microssatélites, construção de mapa genético interespecífico de *Oryza glumaepatula* x *O sativa* e análise de QTLs para caracteres de importância agrônômica. Brasília: UNB, 2000. 226p. Tese de Doutorado.

BUSO, G.S.C. Análise genética de espécies silvestres de arroz (*Oryza spp*) nativas do Brasil: estrutura de populações, diversidade genética e relações filogenéticas utilizando marcadores moleculares. Brasília: UNB, 1998. 332p. Tese de Doutorado.

BUSO, G.S.C.; RANGEL, P.H.N.; FERREIRA, M.E. Analysis of genetic variability of South-American wild rice populations (*Oryza glumaepatula*) with isozymes and RAPD markers. *Molecular Ecology*, Leicester, v.7, p.107-117. 1998.

FONSECA, J.R.; RANGEL, P.H.N.; MORAIS, O P.; THALES, M.; BECKER, B.A .; GIANLUPPI, V. Coleta de germoplasma de arroz (*Oryza sativa* L.) e algumas considerações sobre os sistemas de produção no Estado de Minas Gerais, Território Federal de Roraima e Estado do Espírito Santo. Goiânia, EMBRAPA-CNPAP, 1982. (EMBRAPA-CNPAP. Documentos, 3).

GUIMARÃES, E.P.; BORRERO, J.; OSPINA-REY, Y. Genetic diversity of upland rice germplasm distributed in Latin America. *Pesq. Agropec. Bras.*, Brasília, v.31, p.187-194. 1996

ISHIY, T. O impacto das cultivares de arroz irrigado em Santa Catarina. *Lavoura Arrozeira*, Porto Alegre, v.38, n.359, p.10 - 12, 1985.

KHUSH, G.S.; AQUINO, R.C.; VIRMANI, S.S.; BHARAJ, T.S. Using tropical germoplasm to enhance heterosis in rice. In: VIRMANI, S.S.; SIDDIQ, E.A .; MURALIDHARAN, K. (ed.). *Advances in hybrid rice technology*. Proceedings of the 3rd International Symposium on Hybrid Rice, 1996. Hyderabad, India. Manila, IRRI. P.59-66.

LINS, T.C. de L. Análise genética de acessos de arroz vermelho (*Oryza* spp.) coletados no Brasil e na Venezuela: híbrido interespecífico, variedade tradicional ou erva daninha. Relatório final de estágio apresentado ao CNPq. Brasília, 2000 (monografia).

MORAIS, O .P.; RANGEL, P.H.N. Melhoramento de arroz no Brasil. In: ABREU, A .F.B.; GONÇALVES, F.M.A .; MARQUES Jr., O G.; RIBEIRO, P.H.E.(ed.). *SIMPÓSIO SOBRE ATUALIZAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS*, 1997, Lavras, MG. Anais...Lavras: UFLA, GEN, 1997. P.148-166.

MORISHIMA, H.; MARTINS, P.S. Investigations of plant genetic resources in the Amazon basin with the emphasis on the genus *Oryza*. Report of 1992/93 Amazon Project. 1994. 100p.

PENG, S.; CASSMAN, K.G.; VIRMANI, S.S.; SHEEHY, J.; KHUSH, G.S. Yield potential trends of tropical rice since the release of IR8 and the challenge of increasing rice yield potential. *Crop Sci.* , v.39, p. 1552-1559. 1999.

RANGEL, P.H.N.; CRUZ, C.D.; VENCOVSKY, R.; FERREIRA, R.P. Selection of local lowland rice cultivars based on multivariate genetic divergence. *Rev. Brasil. Genet.*, v.14, n.2, p.437-453, 1991.

RANGEL, P. H. N.; NEVES, P. C. F. Selección recurrente aplicada al arroz de riego en Brasil. In: GUIMARÃES, E. P. (ed). *Selección Recurrente en Arroz*. Cali: 1997 p. 79-97. (Publicación CIAT, n.267).

SCHMIDT, A .B.; RANGEL, P.H.N.; FERREIRA, M.E. Identification of indica and japônica specific regions of the *Oryza sativa* genome. *Brazilian Journal of Genetics*, v.31, n.3, p.152. 1997 (supplement).

SILVA, N.J.M.L. Fingerprinting de DNA na avaliação de duplicações de genótipos no banco de germoplasma de arroz (*Oryza sativa* L.). Relatório final de estágio apresentado ao CNPq. Brasília, 2000 (monografia).

TANKSLEY, S. & McCOUCH, S.R. Seed banks and molecular maps: unlocking genetic potential from the wild. *Science*, v.277, p. 1063-1066. 1997.

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

1998.

