

# **Documentos 185**

## **Curso Internacional de Pré-melhoramento de Plantas**

Organizadores

Maurício Antônio Lopes

Alessandra Pereira Fávero

Maria Aldete J. da Fonseca Ferreira

Fábio Gelape Faleiro

# Utilização da Espécie Silvestre *Oryza glumaepatula* no Pré-melhoramento do Arroz

---

Paulo Hideo Nakano Rangel

Claudio Brondani

Márcio Elias Ferreira

Priscila Nascimento Rangel

Rosana Pereira Vianello Brondani

No início do século XX o Russo Nikolai Vavilov chamou a atenção de pesquisadores do mundo inteiro para a necessidade de conhecer, coletar e conservar os recursos genéticos vegetais para uso no presente e futuro pela humanidade. Os conceitos fundamentais de centros de origem e de diversidade de espécies vegetais por ele desenvolvidos influenciaram sobre maneira as equipes de pesquisadores de diversos países que se organizaram no sentido de estabelecer coleções de germoplasmas das principais espécies de importância econômica.

No Brasil, a Embrapa em parceria com várias instituições de pesquisa, vem desenvolvendo desde 1973 um importante trabalho de coleta e preservação do nosso recurso genético. Considerado o País de maior riqueza total de espécies em termos mundiais, o que abrange entre 15 a 20% de todas as espécies do planeta, o Brasil tem uma enorme responsabilidade com a proteção e defesa desse legado, tanto para as gerações presentes como futuras. Nesse sentido, o primeiro grande desafio é conservar esse patrimônio genético, grande parte ainda desconhecido. O segundo é mapeá-lo e conhecê-lo, o que é de fundamental importância para a nossa segurança alimentar. O terceiro, é utilizá-lo de maneira racional no melhoramento genético (Coradin, 2006). Apesar desta diversidade nativa, uma significativa parte das nossas atividades econômicas depende de espécies exóticas. Nossa agricultura, por exemplo, está baseada nos recursos genéticos da cana-de-açúcar proveniente da Nova Guiné, do café da Etiópia, do arroz da Ásia, da soja e da laranja da China, do cacau da América Central e México e do trigo da Ásia Menor, entre outras (CORADIN, 2006). É, portanto, de fundamental

importância, que o país estimule a criação de programas de pesquisa e intensifique, com a participação dos diversos setores da sociedade, a geração de conhecimentos que favoreçam as ações de conservação e utilização das espécies silvestres.

No Brasil ocorrem quatro espécies silvestres do gênero *Oryza*: *O. alta* – é alotetraplóide ( $2n = 48$  cromossomos) e possui genoma CCDD. Tem ampla distribuição, incluindo a parte oriental da Bacia Amazônica, a Mata Atlântica, e as regiões Sudeste e Centro-Oeste do Brasil; *O. grandiglumis* – é alotetraplóide ( $2n = 48$  cromossomos) e possui genoma CCDD. Tem distribuição restrita à parte ocidental da região Amazônica, até a cidade de Cáceres, no Mato Grosso; *O. latifolia* – é alotetraplóide ( $2n = 48$  cromossomos) e possui genoma CCDD. A sua distribuição está restrita a bacia do Rio Paraguai, no Pantanal Matogrossense; e *O. glumaepatula* – é diplóide ( $2n = 24$  cromossomos) e possui genoma AA, semelhante ao da espécie cultivada *O. sativa*. Esta espécie apresenta ampla distribuição geográfica, sendo encontrada nas áreas de várzea de três dos principais biomas brasileiros: Amazônia, Pantanal e Cerrado. Até o presente momento, foram realizadas seis expedições para coleta e mapeamento das espécies silvestres de arroz no Brasil, abrangendo os biomas: 1. Amazônia: Estado do Amazonas, com coletas na bacia do Rio Negro (1992) e na bacia do Rio Solimões (1993); Estado do Tocantins, nas áreas de várzea (2001); e Estado de Roraima (2005) – 2. Pantanal: Estado do Mato Grosso do Sul, no Pantanal Matogrossense (1993 e 2002) – 3. Cerrado: Estado de Goiás, em áreas de várzea (2001). A realização dessas expedições resultou na organização de um acervo de 173 acessos de espécies silvestres do gênero *Oryza*, sendo: 107 de *O. glumaepatula*, 40 de *O. grandiglumis*, 14 de *O. latifolia* e 12 de *O. alta* (RANGEL et al., 2006).

Os programas de melhoramento genético de plantas, de maneira geral, foram estabelecidos com base em um pequeno grupo de amostras varietais, resultando em uma estreita base genética e, por conseguinte, limitada diversidade alélica. Isto tem levado à uma diminuição nos ganhos genéticos por seleção principalmente para produtividade de grãos em gramíneas e outras espécies. Dados do programa de melhoramento de arroz irrigado conduzido no Brasil mostram, por exemplo, que os ganhos genéticos para produtividade de grãos tem sido inferiores a 1% ao ano (Breseghello et al., 1999; Rangel et al., 2000). De acordo com Rangel et al. (1996), apenas dez ancestrais contribuem com 68% do conjunto gênico das variedades brasileiras de arroz irrigado. Tal situação de alta uniformidade genética pode trazer

sérias consequências à produção brasileira de arroz. Existem várias razões para estagnação e declínio dos percentuais de ganho de produtividade, mas não há dúvida de que o componente genético devido à limitação de variabilidade nos programas de melhoramento deve ser levado em consideração (FERREIRA & RANGEL, 2006).

As espécies silvestres de arroz vem sendo utilizadas nos programas de melhoramento genético tanto para a ampliação da base genética das populações quanto para a transferência de características específicas para as variedades cultivadas. O uso deste germoplasma muitas vezes é dificultado devido os cruzamentos com o arroz cultivado produzirem híbridos com vários níveis de esterilidade, além de as progênies apresentarem uma série de características indesejáveis. Uma das alternativas para explorar esta variabilidade é a implementação, em programas de melhoramento genético com mandatos amplos e trabalhando com uma série de prioridades, da etapa de pré-melhoramento, que 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 marcadores moleculares e mapas genéticos, que tem como principais vantagens a capacidade de gerar uma maior quantidade de dados e monitorar com eficiência os caracteres que estão sendo transferidos (RANGEL et al., 2005).

Das espécies silvestres de arroz que ocorrem no Brasil, a *Oryza glumaepatula* por ser autógama, diplóide e possuir genoma AA semelhante ao da espécie cultivada *Oryza sativa*, é a que possui maior potencial de uso no melhoramento genético (BUSO et al., 2001, BRONDANI et al., 2002). Usando a metodologia de AB-QTL (Tanksley & Nelson, 1996), foram desenvolvidos no Brasil, trabalhos de incorporação de genes da espécie silvestres *Oryza glumaepatula* na espécie cultivada *Oryza sativa* por Brondani et al., (2002) utilizado o cruzamento interespecífico BG90-2 (*Oryza sativa*) X RS-16 (acesso de *Oryza glumaepatula*) e por Rangel (2005) utilizando o cruzamento Cica 8 (*Oryza sativa*) X Rs-16 (*Oryza glumaepatula*). Outros trabalhos encontram-se em desenvolvimento na Embrapa Arroz e Feijão: a) Para tolerância a seca utilizando o cruzamento Curinga (*Oryza sativa*) X GEN 1233; b) Para tolerância a o ferro tóxico BR-IRGA 409 (*Oryza sativa*) X GEN 1256 e SCSBRS Tio Taka X GEN 1256. Os GEN 1233 e GEN 1256 são dois acessos de *Oryza glumaepatula* coletado em várzeas de Cerrado de Goiás.

## Referências

- BRESEGHELLO, F.; RANGEL, P.H.N.; MORAIS, O.P. Ganho de produtividade pelo melhoramento genético do arroz irrigado no Nordeste do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 34, p. 399-407, 1999.
- 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.
- BUSO, G.S.C.; RANGEL, P.H.N.; FERREIRA, M.E. Analysis of random and specific sequences of nuclear and cytoplasmic DNA in diploid and tetraploid American wild rice species (*Oryza* spp.). **Genome**, v. 44, p. 476-494, 2001.
- CORADIN, L. Parentes silvestres e variedades crioulas das espécies de plantas cultivadas no país. In: Ministério do Meio Ambiente: **Parentes silvestres das espécies de plantas cultivadas**. Brasília, Df: MMA, 2006. 44p.
- FERREIRA, M.E.; RANGEL, P.H.N. Emprego de espécies silvestres no melhoramento genético vegetal: experiência em outras espécies com análise de retrocruzamento avançado de QTLs (AB-QTL). In: Maracujá: germoplasma e melhoramento genético. FALEIRO, F.G.; JUNQUEIRA, N.T.V.; BRAGA, M.F. (Ed.). Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2006. p.111-140.
- RANGEL, P.H.N., BRONDANI, C.; FONSECA, J.R.; SILVA, S.C.da; PEREIRA, J.A.; PAULO EMÍLIO. Mapeamento da distribuição geográfica das espécies silvestres brasileiras de *Oryza*, com vistas à conservação dos parentes silvestres e das variedades crioulas de arroz (*Oryza sativa* L.) In: Ministério do Meio Ambiente: **Parentes silvestres das espécies de plantas cultivadas**. Brasília, Df: MMA, 2006. 44p.
- RANGEL, P.N. **Construção de mapa de ligação e mapeamento de QTLs utilizando marcadores SSRs, ESTs e SNPs em cruzamento interespecífico *Oryza glumaepatula* e *Oryza sativa***. 2005. tese (Mestrado) – Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2005.
- RANGEL, P.H.N.; BRONDANI, C.; RANGEL, P.N.; BRONDANI, R.P.V.; ZIMMERMANN, F.J.P. Development of rice lines with gene introgression from the wild *Oryza glumaepatula* by the AB-QTL methodology. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 5, p. 10-21, 2005.

RANGEL, P.H.N.; PEREIRA, J.A.; MORAIS, O.P.; GUIMARÃES, E.P.; YOKOKURA, T.(2000) Ganhos para produtividade de grãos pelo melhoramento genético do arroz (*Oryza sativa* L.) irrigado no meio norte do Brasil. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 35, p. 1595-1604, 2000.

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, p. 349-357, 1996.

TANKSLEY, S.D.; NELSON, J.C. Advanced backcross QTL analysis: a method for the simultaneous discovery and transfer of valuable QTLs from unadapted germplasm into elite breeding lines. *Theoretical and Applied Genetics*, v. 92: p. 191-203, 1996.