

## Caracterização e Uso da Coleção Nuclear de Arroz da Embrapa no Programa de Pré-melhoramento

---

Claudio Brondani

Rosana Pereira Vianello Brondani

Paulo Hideo Nakano Rangel

Tereza Cristina Oliveira Borba

O arroz é uma das mais importantes culturas para a alimentação humana. Apesar do aumento da produtividade do arroz a partir de meados da década de 1970, resultante do lançamento de cultivares mais produtivas, do uso intensivo de insumos e da melhoria das práticas agrícolas, projeções indicam que este aumento não será suficiente para atender a demanda de consumo projetada até o ano de 2025 (KHUSH, 1997). Considerando que praticamente toda a área disponível para agricultura já esteja em uso, com a agravante da degradação natural do solo, o desenvolvimento de cultivares mais produtivas será um grande desafio. Em contraposição a este cenário está a atuação dos programas de melhoramento, a possibilidade de uso da variabilidade genética do arroz conservada em bancos de germoplasma nestes programas, e a utilização de metodologias de genética genômica para conhecer a extensão da variabilidade genética do germoplasma de arroz e identificação de fragmentos genômicos, genes e alelos envolvidos na expressão de características relacionadas à produção.

Apenas um grupo restrito de genótipos geneticamente relacionados vem sendo utilizado como genitores do programa de melhoramento genético do arroz, 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. Naquela época iniciava-se a substituição de variedades tradicionais por cultivares modernas de arroz, de porte baixo, altamente produtivas e responsivas ao uso

intensivo de insumos agrícolas. Após anos de plantio com cultivares derivadas de poucos genitores elite na base do programa de melhoramento, observou-se como consequência um aumento da suscetibilidade a doenças e insetos, além da estagnação dos patamares de produtividade. O Brasil possui o maior número de variedades tradicionais cultivadas em clima tropical e subtropical, e que foram sendo desenvolvidas desde a introdução do arroz no Brasil, a partir de 1530, por colonizadores portugueses, e posteriormente pela introdução de genótipos de outros países e cultivares produzidas pelos programas de melhoramento brasileiro a partir da década de 1930. O cultivo de variedades tradicionais possibilitou o surgimento de uma variabilidade genética única, adaptada a condições específicas de variados ambientes onde se cultiva o arroz no Brasil, e que, por conseguinte, tem grande potencial de uso para o programa de melhoramento genético brasileiro de arroz. Em 1976, a Embrapa iniciou a atividade de coleta de germoplasma brasileiro de arroz, os quais foram acrescentados ao Banco Ativo de Germoplasma (BAG) da Embrapa Arroz e Feijão, o qual também conserva materiais oriundos do intercâmbio com instituições de pesquisa do exterior.

O principal argumento de melhoristas contrários à utilização de genótipos de base genética mais ampla, é a perda da combinação de genes que garantiram o aumento expressivo da produtividade obtido com as cultivares modernas. Para solucionar esta questão foram concebidos os programas de pré-melhoramento, cujo objetivo final é fornecer aos programas de melhoramento linhagens com características favoráveis, porém com base genética mais ampla. Estas linhagens permitem o surgimento de novas combinações gênicas, que caso resultem em melhor desempenho agrônômico, serão selecionadas como novas cultivares.

## **A Coleção Nuclear de Arroz da Embrapa**

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 substituir a coleção de germoplasma, e sim possibilitar que estudos de caracterização de uma série de variáveis sejam viabilizados pelo menor tamanho das coleções. Concluída em 2002, a Coleção Nuclear de Arroz da Embrapa

(CNAE) foi concebida para representar a variabilidade genética da cultura do arroz, não sendo incluídas as espécies silvestres do gênero *Oryza* (ABADIE et al., 2005). Inicialmente foi estabelecido que uma coleção contendo de 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 mais bem classificados se fossem divididos em três Grupos: 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 Grupo 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. Ao final, chegou-se ao número de 550 genótipos, o que equivale à cerca de 5% da coleção completa do BAG (Tabela 1). A CNAE representa hoje a principal fonte de variabilidade genética do programa de pré-melhoramento de arroz da Embrapa, e vem sendo caracterizada agrônomicamente e molecularmente, a fim de conhecermos detalhadamente os atributos de cada acesso.

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

Estratos	Sistema de cultivo			Total
	Irrigado	Sequeiro	Facultativo*	
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

\* Corresponde aos acessos que podem ser cultivados tanto em condições de sequeiro quanto irrigado.

## Análise agronômica da CNAE

Os 550 acessos da CNAE foram avaliados em oito locais no Brasil: Boa Vista (RR), Formoso do Araguaia (TO), Goiânia (GO), Pelotas e Uruguaiana (RS), Vilhena (RO), Sinop (MT) e Teresina (PI), com a finalidade de determinar o desempenho de cada acesso, em distintas regiões produtoras de arroz no Brasil. As características avaliadas nos oito locais foram: produção, altura, ciclo, teor de amilose, rendimento de engenho, presença de centro branco e dimensões do grão. Ainda foram tomados os dados de número de perfilhos e panículas por metro linear e teste de cocção, somente para o ensaio de Goiânia. Estes dados estão sendo reunidos em um banco de dados para consulta dos melhoristas, que poderão realizar buscas por genitores de novos cruzamentos do programa, considerando o desempenho *per se* de cada acesso. Estão em fase de conclusão os ensaios em dialelo, onde foram avaliadas as 66 combinações híbridas obtidas a partir do cruzamento, sem os recíprocos, entre os 12 acessos mais produtivos em Boa Vista, Goiânia e Uruguaiana, a fim de estimar a capacidade combinatória destes acessos, e também fornecer um conjunto de informações fundamentais ao planejamento de cruzamentos que tenham maior possibilidade de obter melhores progênies.

## Análise molecular da CNAE

Marcadores moleculares têm sido amplamente utilizados na caracterização molecular dos recursos genéticos do arroz (NI et al., 2002). A classe de marcadores mais utilizada em análise molecular de arroz tem sido SSRs (Simple Sequence Repeats). Além disto, existe disponível para o arroz uma grande quantidade de marcadores SSR bem distribuídos no genoma (MCCOUCH et al., 2002). A primeira fase da caracterização com 86 marcadores SSR fluorescentes foi concluída, com a análise dos 242 acessos representativos dos Grupos LCI e LCB. Encontrou-se em média 14,8 alelos por loco, e PIC (*Polymorphism Information Content*) de 0,74, valores considerados bastante expressivos em termos da alta variabilidade genética, por se tratar de um grupo de acessos oriundos de programas de melhoramento. O grupo mais variável, com base no coeficiente de distância Rogers-W médio e pela análise fatorial de correspondência, foi o LCI irrigado, e o menos variável foi o LCB de sequeiro<sup>1</sup>. Concluiu-se que existe um grande potencial de ampliação da base genética do arroz se forem realizados cruzamentos envolvendo acessos que pertençam a Grupos e sistemas de cultivo distintos.

<sup>1</sup> Borba et al., em preparação.

## Referências

- ABADIE, T.; CORDEIRO, C.; FONSECA, J. R.; ALVES, R.; BURLE, M. L.; BRONDANI, C.; RANGEL, P. H. N.; CASTRO, E.; SILVA, H. T.; FREIRE, M.; ZIMMERMANN, F.; MAGALHÃES, J. R. Construção de uma coleção nuclear de arroz para o Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 40, p. 129-136, 2005.
- BROWN, A. H. D. Core collections: a practical approach to genetic resources management. **Genome**, Ottawa, v. 31, p. 818-824, 1989.
- FRANKEL, O. H. Genetic perspectives of germplasm conservation. In: ARBER, W. K.; LLIMENSEE, K.; PEACOCK, W. J.; STARLINGER, P. (Ed.). **Genetic manipulation: impact on man and society**. Cambridge: Cambridge University Press, 1984. p. 161-170.
- KHUSH, G. S. Origin, dispersal, cultivation and variation of rice. **Plant Molecular Biology**, v. 35, p. 25-34, 1997.
- MCCOUCH, S. R.; TEYTELMAN, L.; XU, Y.; LOBOS, K. B.; CLARE, K.; WALTON, M.; FU, B.; MAGHIRANG, R.; LI, Z.; XING, Y.; ZHANG, Q.; KONO, I.; YANO, M.; FJELLSTROM, R.; DECLERK, G.; SCHNEIDER, D.; CARTINHO, S.; WARE, D.; STEIN, L. Development and mapping of 2240 new SSR markers for rice (*Oryza sativa* L.). **DNA Research**, v. 9, p. 199-207, 2002.
- NI, J.; COLOWIT, P. M.; MACKILL, D. J. Evaluation of genetic diversity in rice subspecies using microsatellite markers. **Crop Science**, Madison, US, v. 42, p. 601-607, 2002.

# **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