

BASE GENÉTICA DAS CULTIVARES DE ARROZ (*ORYZA SATIVA* L.) IRRIGADO DO BRASIL¹

PAULO HIDEO N. RANGEL², ELCIO PERPÉTUO GUIMARÃES³
e PÉRICLES CARVALHO FERREIRA NEVES⁴

RESUMO - Foram analisadas as genealogias de 42 cultivares de arroz irrigado recomendadas para cultivo no Brasil, de 1980 a 1992. Verificou-se que apenas dez ancestrais contribuem com 68% do conjunto gênico das variedades brasileiras de arroz irrigado. Considerando as cultivares mais plantadas nos principais estados produtores de arroz irrigado, constata-se que sete ancestrais são mais frequentes nos pedigrees e são responsáveis por 70% dos genes. Diante desses dados, mesmo que se admita que esses ancestrais não estejam relacionados geneticamente, reconhece-se a necessidade de aumentar a base genética das cultivares de arroz irrigado do Brasil, para se quebrar o platô de produtividade e se evitarem riscos de vulnerabilidade genética. Quatro alternativas são sugeridas para ampliar a base genética: a) utilização de genitores geneticamente divergentes e com características adequadas, provenientes de outros programas de melhoramento; b) utilização de variedades tradicionais em cruzamentos múltiplos com linhagens elites melhoradas; c) sintetização de população de ampla base genética, utilizando-se a macho-esterilidade genética, e condução dessas populações pela seleção recorrente; e d) utilização de espécie selvagem de arroz, principalmente *Oryza glumaepatula*.

Termos para indexação: conjunto gênico, vulnerabilidade genética, platô de produtividade.

THE GENETIC BASE OF BRAZILIAN IRRIGATED RICE (*ORYZA SATIVA* L.) CULTIVARS

ABSTRACT - We analyzed the genealogy of 42 irrigated rice varieties recommended for cultivation in Brazil from 1980 to 1992. We observed that 68% of the gene pool analyzed were derived from only 10 ancestors. Taking into account the cultivars most frequently grown in the main rice-producing states, we observed seven ancestors more often in the pedigrees, which are responsible for 70% of the genes. For this reason the genetic basis of the Brazilian irrigated rice cultivars should be broadened to overtake the yield plateau and to surpass the genetic vulnerability. We suggest four alternatives to broaden the genetic basis: a) use of genetically divergent parents and adequate characteristics introduced from other breeding programs; b) use of traditional varieties in multiple crosses with inbred elite lines; c) use of synthesized populations, with large genetic basis, through the use of male-sterile gene, and conduction under recurrent selection, and d) use of wild species of rice, mainly *Oryza glumaepatula*.

Index terms: gene pool, genetic vulnerability, yield plateau.

¹ Aceito para publicação em 8 de março de 1996.

² Eng. Agr., Dr., EMBRAPA-Centro Nacional de Pesquisa de Arroz e Feijão (CNPAP), Caixa Postal 179, CEP 74001-970 Goiânia, GO.

³ Eng. Agr., Ph.D., EMBRAPA-CNPAP.

⁴ Eng. Agr., M.Sc., EMBRAPA-CNPAP.

INTRODUÇÃO

No Brasil, o arroz é cultivado em todo o território nacional e ocupa posição de destaque, do ponto de vista econômico e social, entre as culturas anuais. O arroz irrigado foi responsável, em 1992/93, por 49% da produção total de arroz, com um rendi-

mento médio de 4.800 kg/ha, comparável à produtividade dos países desenvolvidos (Neves et al., 1994). A maioria das cultivares utilizadas de arroz irrigado é do grupo índica, obtida por cruzamentos entre linhagens introduzidas principalmente do Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT) e do International Rice Research Institute (IRRI).

Existe um estreito relacionamento genético entre as variedades de arroz irrigado, já que na obtenção de novas cultivares tem sido amplamente utilizada, como um dos genitores, a IR 8 ou linhagens dela descendentes. Nos países da América Latina, de uma maneira geral, 36% dos genes das variedades de arroz exploradas comercialmente são oriundos da Deo Geo Woo Gen, Cina e Lati Sail, progenitores da IR 8 (Cuevas-Pérez et al., 1992). Nos Estados Unidos, segundo Dilday (1990), a base genética das cultivares de arroz irrigado é bastante estreita. Todas as cultivares plantadas na região sul daquele país foram oriundas de apenas 22 ancestrais e as da região ocidental, de apenas 23.

O estreitamento da base genética leva à uniformidade e, como consequência, ao aumento da vulnerabilidade genética, principalmente a estresses bióticos, das cultivares recomendadas para cultivo. Nos programas de melhoramento, a principal consequência da limitação da diversidade genética é a redução da possibilidade de ganhos adicionais nos programas de seleção, uma vez que o melhorista passa a manejar um conjunto gênico de tamanho limitado (Hanson, 1959). No Brasil, na década de 80, os ganhos genéticos de rendimento no arroz irrigado, quando obtidos, foram de pequena magnitude, apesar dos inúmeros cruzamentos submetidos à seleção (Rangel et al., 1992a; Soares, 1992).

O objetivo deste trabalho é determinar a base genética das variedades de arroz irrigado cultivadas no Brasil.

MATERIAL E MÉTODOS

Este estudo incluiu 42 cultivares de arroz irrigado recomendadas para plantio no Brasil, de 1980 a 1992. O pedigree de cada variedade foi traçado pelo Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), baseando-se nas listas de cruzamentos, publicadas pelo International Rice Research Institute (1985) e pelo Centro Internacional de Agricultura Tropical (1987), e nos trabalhos de Have

(1967), Caffey (1976) e de Coffman & Hargrove (1989). Na construção de cada pedigree, procurou-se chegar, na medida do possível, aos primeiros ancestrais, que foram classificados e simbolizados por A1, A2, A3 ... A46. Identificados os pedigrees, pôde-se determinar, em cada cultivar, a contribuição genética relativa dos genitores. Essa contribuição genética corresponde à proporção teórica de genes vindos de um ancestral, ao presumir-se que, quando um cruzamento é feito, 50% dos genes vêm de cada genitor (Delannay et al., 1983). Para cada ancestral, a média das contribuições genéticas relativas de todas as cultivares originou a contribuição genética relativa média do ancestral para o conjunto gênico das cultivares de arroz irrigado do Brasil. Os ancestrais foram classificados em ordem decrescente de magnitude, e a soma sucessiva das contribuições genéticas relativas gerou a contribuição genética acumulada dos ancestrais para as cultivares.

Calculou-se também a frequência, em porcentagem, dos ancestrais no pedigree das cultivares. Porcentagem de 100% indica que o ancestral contribui com genes para todas as cultivares de arroz irrigado do Brasil.

Posteriormente, estimou-se a base genética das cultivares mais plantadas nos principais estados produtores de arroz: Rio Grande do Sul (BR-IRGA 409, BR-IRGA 410, BR-IRGA 414, BR-IRGA 412 e Bluebelle); Santa Catarina (EMPASC 102, EMPASC 105, Cica 8, EMPASC 101, EMPASC 104, BR IRGA 409, BR IRGA 410 E IR 841); Tocantins (Metica 1, Aliança e Cica 8); Minas Gerais (Cica 8, MG1 e MG2); São Paulo (Cica 8 e IAC 238) e Mato Grosso do Sul (Cica 8, BR-IRGA 409 e BR-IRGA 412). Nesse caso, a contribuição genética relativa média de cada ancestral foi estimada, ponderando-se a contribuição genética do ancestral para cada cultivar pela área cultivada com a variedade no estado, no ano agrícola 1992/93.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Foram traçadas as genealogias de 40 cultivares de arroz irrigado recomendadas para cultivo no Brasil, de 1980 a 1992 (Tabela 1). Das cultivares EMBRAPA 7 - TAIM, de genitores desconhecidos, e da IAS 12-9 Formosa, oriunda de uma seleção feita dentro da Kashsiung 21, não foi possível determinar as genealogias.

A variedade EEA 406 tem apenas dois ancestrais, enquanto as cultivares IAC 238 e IAC 242 possuem 24 ancestrais, e são oriundas do mesmo cruzamento (Tabela 1). Em média, o número de ancestrais por cultivar é de 9,4. Considerando-se que dois genitores são cruzados em cada geração, o programa de me-

TABELA 1. Composição genética das cultivares de arroz irrigado recomendadas para plantio no Brasil, de 1980 a 1992.

Cultivar	Composição genética ¹
Aliança	7/64A1 + 11/64A2 + 5/32A3 + 1/16A5 + 3/8A6 + 1/16A7 + 1/192A10 + 1/192A25 + 1/192A27 + 1/192A37 + 8/192A45
Bluebelle	1/8A10 + 1/2A17 + 1/16A30 + 1/4A32 + 1/16A34
BR-IRGA 409	1/4A1 + 3/16A2 + 3/16A3 + 1/8A5 + 1/8A7 + 1/8A9
BR-IRGA 410	1/4A1 + 3/16A2 + 3/16A3 + 1/8A5 + 1/8A7 + 1/8A9
BR-IRGA 412	1/4A1 + 3/16A2 + 3/16A3 + 1/8A5 + 1/8A7 + 1/8A9
BR-IRGA 413	1/4A1 + 3/16A2 + 3/16A3 + 1/8A5 + 1/8A7 + 1/8A9
BR-IRGA 414	1/4A1 + 3/16A2 + 3/16A3 + 1/8A5 + 1/8A7 + 1/8A9
BR-MS 1	7/32A1 + 1/4A2 + 1/4A3 + 1/16A4 + 1/16A5 + 1/16A7 + 1/64A11 + 1/64A25 + 1/64A27 + 1/32A35 + 1/64A41
BR-MS 2	1/8A1 + 1/16A2 + 1/16A3 + 1/4A8 + 1/2A18
BR-IPA 101	5/32A1 + 1/16A2 + 1/16A3 + 1/4A8 + 1/2A18
Cica 8	3/16A1 + 1/8A2 + 1/8A3 + 1/8A5 + 1/4A6 + 1/8A7 + 1/16A9
Cica 9	3/16A1 + 13/64A2 + 13/64A3 + 1/8A4 + 1/8A9 + 1/64A10 + 1/64A11 + 1/64A25 + 1/64A26 + 1/64A27 + 1/16A35 + 1/64A36
Cica 7	3/16A1 + 3/32A2 + 3/32A3 + 1/16A5 + 1/16A7 + 1/4A8 + 1/32A10 + 1/8A23 + 1/32A25 + 1/16A28
EEA 406	1/2A19 + 1/2A20
EMBRAPA 6 - CHUI	1/4A1 + 3/16A2 + 3/16A3 + 1/8A5 + 1/8A7 + 1/8A9
EMBRAPA7 - TAIM	Ancestrais desconhecidos (excluído)
EMPASC 101	5/32A1 + 5/32A2 + 5/32A3 + 1/8A5 + 1/8A7 + 1/8A11 + 1/8A12 + 1/32A27
EMPASC 102	1/4A1 + 1/8A2 + 1/8A3 + 1/8A5 + 1/8A7 + 1/4A8
EMPASC 104	1/2A4 + 1/8A11 + 1/8A12 + 1/8A24 + 1/8A33
EMPASC 105	1/8A1 + 1/16A2 + 1/16A3 + 1/32A10 + 1/32A11 + 1/2A21 + 1/32A25 + 1/16A26 + 1/16A36 + 1/32A41
EPEAL 101	5/32A1 + 1/16A2 + 1/16A3 + 1/8A5 + 1/4A6 + 1/8A7 + 3/16A13 + 1/32A27
EPEAL 102	3/16A1 + 9/64A2 + 9/64A3 + 1/32A4 + 5/64A5 + 5/64A7 + 1/16A9 + 1/64A10 + 1/64A35
Franciscano	9/64A1 + 9/64A2 + 9/64A3 + 1/16A5 + 1/16A6 + 1/16A7 + 1/8A8 + 1/32A10 + 1/16A23 + 1/16A24 + 1/32A25 + 1/32A28
IRGA 416	5/32A1 + 7/32A2 + 7/32A3 + 1/4A4 + 1/16A5 + 1/16A7 + 1/32A27
IR 841	1/2A4 + 1/8A11 + 1/8A12 + 1/8A24 + 1/8A33
IAC 1278	5/32A1 + 5/32A2 + 5/32A3 + 3/32A4 + 1/16A5 + 1/8A6 + 1/16A7 + 5/64A9 + 1/64A27 + 1/16A31 + 1/64A35
IAC 238	1/8A1 + 7/64A2 + 7/64A3 + 6/64A4 + 1/64A5 + 1/64A7 + 1/32A9 + 1/64A10 + 1/64A23 + 1/32A24 + 1/64A25 + 1/64A26 + 1/64A27 + 1/64A28 + 5/32A29 + 1/64A30 + 1/16A31 + 1/64A34 + 1/64A35 + 1/32A38 + 1/64A40 + 1/32A42 + 1/64A43 + 1/64A44
IAC 242	1/8A1 + 7/64A2 + 7/64A3 + 6/64A4 + 1/64A5 + 1/64A7 + 1/32A9 + 1/64A10 + 1/64A23 + 1/32A24 + 1/64A25 + 1/6E4A26 + 1/64A27 + 1/64A28 + 5/32A29 + 1/64A30 + 1/16A31 + 1/64A34 + 1/64A35 + 1/32A38 + 1/64A40 + 1/32A42 + 1/64A43 + 1/64A44
IAC 100	1/8A1 + 7/64A2 + 7/64A3 + 1/32A4 + 1/64A5 + 1/64A6 + 1/32A8 + 1/64A10 + 3/16A13 + 1/4A22 + 1/64A23 + 1/64A25 + 1/32A27 + 1/64A28 + 1/64A34 + 1/64A35

Continua...

TABELA 1. Continuação.

Cultivar	Composição genética ¹
IAC 101	1/8A1 + 7/64A2 + 7/64A3 + 1/32A4 + 1/64A5 + 1/64A6 + 1/32A8 + 1/64A10 + 3/16A13 + 1/4A22 + 1/64A23 + 1/64A25 + 1/32A27 + 1/64A28 + 1/64A34 + 1/64A35
IAC 899	9/64A1 + 11/64A2 + 11/64A3 + 1/8A4 + 1/4A6 + 1/8A9 + 1/64A27
IAS 12-9 Formosa	Seleção Kashsiung 21 (excluído)
LEBONNET	15/32A10 + 5/64A25 + 3/16A30 + 11/128A34 + 1/8A37 + 1/64A43 + 1/64A44 + 1/64A46
Metica 1	15/64A1 + 7/64A2 + 7/64A3 + 7/64A5 + 7/64A7 + 3/16A8 + 1/64A10 + 1/16A23 + 1/64A25 + 1/32A28
MG 1	9/64A1 + 5/32A2 + 5/32A3 + 5/32A4 + 1/64A5 + 1/64A7 + 1/16A8 + 1/16A9 + 1/64A10 + 1/32A23 + 1/64A25 + 1/64A27 + 1/64A28 + 1/8A31 + 1/64A35
MG 2	1/16A1 + 6/192A2 + 6/192A3 + 1/64A10 + 27/192A11 + 1/8A12 + 1/2A16 + 1/64A25 + 6/192A26 + 6/192A36 + 1/64A41
Oryzica 1	3/16A1 + 33/192A2 + 33/192A3 + 1/16A4 + 1/64A5 + 1/16A6 + 1/64A7 + 1/16A8 + 7/64A9 + 1/64A10 + 1/192A11 + 3/96A23 + 1/64A25 + 1/192A26 + 1/192A27 + 1/64A28 + 1/192A34 + 3/96A35 + 1/192A41 + 1/192A46
PESAGRO 101	10/192A1 + 11/64A2 + 11/64A3 + 1/32A4 + 1/8A11 + 1/8A12 + 1/8A24 + 1/32A27 + 1/32A29 + 5/64A38 + 1/32A40
PESAGRO 102	1/8A1 + 1/8A2 + 1/8A3 + 1/8A6 + 1/32A10 + 1/32A11 + 1/32A25 + 5/64A26 + 1/16A27 + 3/64A36 + 1/8A39 + 1/16A40 + 1/32A41
EPSAGRO 103	1/16A1 + 3/32A10 + 1/2A14 + 3/32A25 + 3/16A26 + 1/16A27
PESAGRO 104	3/16A1 + 3/32A2 + 3/32A3 + 1/16A5 + 1/16A7 + 1/4A8 + 1/32A10 + 1/8A23 + 1/32A25 + 1/16A28
PESAGRO 105	1/8A1 + 1/16A2 + 1/16A3 + 1/4A8 + 1/2A15

¹ Os símbolos (A1, A2... A46) representam os ancestrais identificados na Tabela 2. O número fracionário que multiplica cada símbolo é o coeficiente de parentesco entre o ancestral e uma dada cultivar.

horamento genético de arroz irrigado do Brasil pode ser tomado como equivalente a um quarto ciclo de seleção recorrente.

Quarenta e seis ancestrais contribuem com genes para as variedades de arroz irrigado plantadas no Brasil (Tabela 2). Estes ancestrais são oriundos dos Estados Unidos (9), China (7), Índia (6), Filipinas (3), Tailândia (3), Vietnã (2), Indonésia (2) Taiwan (3), Malásia (1), Sri Lanka (1), Costa Rica (1), Colômbia (1), Senegal (1) e de origem desconhecida (6). Os ancestrais dos Estados Unidos, apesar de em maior número, contribuem com apenas 9,28% para o conjunto gênico das variedades brasileiras de arroz irrigado. A maior contribuição genética é dada pelos ancestrais oriundos da China, com 35,52% (Tabela 2).

Agrupando-se os ancestrais que contribuem com mais de 2% de genes, verifica-se que apenas dez ancestrais contribuem com 68% do conjunto gênico. Destes, três ancestrais (Deo Geo Woo Gen, Cina e

I Geo Tze) são oriundos da China; um (Lati Sail), da Índia; um (Khao Dawk Mali 105), da Tailândia; dois (Mong Chim Vang A e Tetep), do Vietnã; dois (Tadukan e Marong Paroc), das Filipinas; e um (Belle Patna), dos Estados Unidos (Tabela 2). Considerando-se que os ancestrais de mesma origem podem estar relacionados, é possível que a base genética das cultivares de arroz irrigado do Brasil seja ainda mais estreita.

Ao se analisar a base genética das cultivares mais plantadas nos principais estados produtores de arroz irrigado, verifica-se que sete ancestrais (Deo Geo Woo Gen, Cina, Lati Sail, I Geo Tze, Mong Chim Vang A, Belle Patna e Tetep) são mais frequentes nos pedigrees das variedades (Tabela 3). Com exceção de Santa Catarina, cuja contribuição genética acumulada é de 34,63%, nos demais estados esses ancestrais são responsáveis por mais de 70% do conjunto gênico das variedades.

TABELA 2. Identificação, origem, contribuição genética relativa (CGR), contribuição genética acumulada (CGA) e freqüência dos ancestrais no pedigree (FAP) das cultivares de arroz irrigado recomendadas para cultivo no Brasil, de 1980 a 1992.

Simbologia	Ancestral		CGR %	CGA %	FAP %
	Identificação	Origem			
A1	Deo Geo Woo Gen	China	14,30	14,30	87
A2	Cina	China	12,00	26,30	85
A3	Lati Sail	Índia	11,57	37,87	85
A4	Khao Dawk Mali 105	Tailândia	5,37	43,24	37
A5	Mong Chin Vang A	Vietnã	5,00	48,24	62
A6	Tetep	Vietnã	5,00	53,24	25
A7	I Geo Tze	China	4,60	57,84	57
A8	Tadukan	Filipinas	4,47	62,31	30
A9	Belle Patna	USA	3,87	66,18	37
A10	Marong Paroc	Filipinas	2,39	68,57	47
A11	Kitchili Samba	Índia	1,77	70,34	25
A12	Vellai-Kar	Índia	1,50	71,84	12
A13	NMS 4	Tailândia	1,35	73,19	7
A14	NSW	Tailândia	1,25	74,44	2
A15	MR1	Malásia	1,25	75,69	2
A16	BG 66	Sri Lanka	1,25	76,94	2
A17	C.I. 9214	USA	1,25	78,19	2
A18	Kaohsiung Sen 12	Taiwan	1,25	79,44	2
A19	Maravilha 1	Desconhecida	1,25	80,69	2
A20	Zenith	USA	1,25	81,94	2
A21	Bin-Tang-Chieh	China	1,25	83,19	2
A22	Costa Rica	Costa Rica	1,25	84,44	5
A23	Takao Iku 18	China	1,22	85,66	25
A24	Tangkai Rotan	Indonésia	1,20	86,86	15
A25	Pa Chian	China	1,15	88,01	45
A26	Benong	Indonésia	1,05	89,06	20
A27	Tsai Yuan Chon	China	1,00	90,06	42
A28	Palmira 105	Colômbia	1,00	91,06	25
A29	C15M-67-7-2-5	Desconhecida	1,00	92,06	7
A30	Blue Rose	USA	1,00	93,06	10
A31	Dissi Hatif	Senegal	1,00	94,06	10
A32	C.I. 9122	USA	1,00	95,06	2
A33	Chianan 8	Taiwan	1,00	96,06	5
A34	Sinawpagh	Filipinas	0,54	96,60	17
A35	81B-25	Desconhecida	0,50	97,10	25
A36	Century Patna 231	USA	0,36	97,46	10
A37	Hill Patna Selection	USA	0,35	97,81	5
A38	Oryza nivara	Índia	0,32	98,13	7
A39	HR 21	Índia	0,30	98,43	2
A40	Mudgo	Índia	0,25	98,68	10
A41	Variedade desconhecida	Desconhecida	0,20	98,88	12
A42	TCN172 (Taichung Native)	Taiwan	0,15	99,03	5
A43	C.I 5309	USA	0,10	99,13	7
A44	Carolina Gold	USA	0,10	99,23	7
A45	Bayang	Desconhecida	0,10	99,33	2
A46	Shoemed	Desconhecida	0,04	99,37	5

Em Santa Catarina, das cultivares mais plantadas, a EMPASC 101, 102, 104, 105 e a IR 841 apresentam, nas suas genealogias, além dos cinco ancestrais (Deo Geo Woo Gen, Cina, I Geo Tze, Mong Chim Vang A, Belle Patna e Tetep), treze outros (Khao Dawk Mali 105, Tadukan, Maron Paroc, Kitchili Samba, Vellair-Kar, Bin-Tang-Chieh, Tangkai Rotan, Pa Chian, Benong, Tsai Yuan Chon, Chianan 8, Century Patna 231 e Variedade Desconhecida), que são responsáveis por 65,37% do conjunto gênico, o que proporciona uma base genética mais ampla, das variedades de arroz irrigado cultivadas naquele estado.

No Rio Grande do Sul, que é o maior produtor de arroz irrigado do Brasil, apenas seis ancestrais contribuem com 86% dos genes das variedades de arroz mais plantadas (Tabela 3). As cultivares BR-IRGA 409, 410, 412 e 414, que são plantadas em aproximadamente 730.000ha (86% da área cultivada) (Os avanços..., 1992), apresentam o mesmo pedigree (Tabela 1). Delas, a primeira e as duas últimas têm, praticamente, a mesma constituição genética. A BR-IRGA 412 e 414 são progênies de plantas selecionadas dentro da BR-IRGA 409. Esta situação de alta uniformidade genética pode trazer sérias consequências não só à orizicultura gaúcha mas também à produção brasileira de arroz. A não-ocorrência generalizada de pragas e doenças até o momento pode ser decorrente de dois fatores: a) ocorrência de um período frio (inverno), que geralmente interrompe o ciclo biológico de doenças e pragas; e b) sistema de rotação em que, após um período de cultivo na mesma área, o arroz é substituído pela pastagem. A rotação pode ocasionar, de forma indireta, interrupção no ciclo de patógenos e insetos.

A CICA 8, cultivar amplamente utilizada em vários estados, tem na sua constituição os mesmos ancestrais das BR-IRGA, mais o ancestral A6 Tetep (Tabela 1). Isto evidencia o estreito relacionamento entre as cultivares mais plantadas, o que vem aumentar os riscos de vulnerabilidade genética da cultura.

Apenas duas fontes de resistência à brusone (*Pyricularia grisea*), Tetep e Tadukan, contribuem com genes para as variedades brasileira de arroz irrigado (Tabela 2). Assim, aumentam-se os riscos da vulnerabilidade genética a essa doença, principalmente se se considerar que o patógeno sofre altera-

ções com facilidade. No Rio Grande do Sul, as variedades mais plantadas não possuem, no seu pedigree, nenhuma fonte de resistência considerável à brusone (Tabela 1).

De maneira geral, a base genética das cultivares de arroz irrigado do Brasil é semelhante à dos países da América Latina (Cuevas-Pérez et al., 1992). Isto se deve ao fato de os programas de melhoramento genético dos países latino-americanos terem como base os germoplasmas introduzidos do CIAT e IRRI (Carmona, 1990).

Os programas de melhoramento genético de arroz além de usar de uma maneira geral, métodos que maximizam a endogamia no desenvolvimento de novas linhagens, utilizam poucos genótipos repetidamente como genitores nos cruzamentos. Tais procedimentos restringem a recombinação gênica, limitam a variabilidade e aumentam a uniformidade do núcleo e citoplasma. Conseqüentemente, dois tipos de problemas podem ocorrer: a) vulnerabilidade genética do germoplasma a doenças, insetos e condições de estresse (seca, temperatura, salinidade, toxidez de ferro, etc.); e b) diminuição das possibilidades de se obterem ganhos genéticos por seleção, de rendimento, e de outras características de interesse (Hiromoto & Vello, 1986; Rangel et al., 1992b).

O aumento da base genética das cultivares de arroz irrigado do Brasil é desejável para se romper, a médio e longo prazo, o atual platô de produtividade e evitar a vulnerabilidade genética. Existem várias possibilidades de se aumentar a base genética das cultivares de arroz irrigado. A primeira seria a utilização de genitores divergentes, com características apropriadas, provenientes de outros programas de melhoramento. A segunda possibilidade seria a utilização de germoplasmas exóticos em cruzamentos múltiplos com materiais elites não aparentados ou com baixo nível de parentesco entre si. Nesse caso, deve ser dada ênfase à utilização do germoplasma tradicional brasileiro pouco usado no melhoramento genético do arroz irrigado.

De 1982 a 1985, a Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA), por meio do Centro Nacional de Pesquisa de Arroz e Feijão (CNPAP), desenvolveu um programa de coleta desse germoplasma em vários estados do Brasil, obtendo cerca de 2.034 acessos (Fonseca et al., 1981;

TABELA 3. Contribuição genética relativa (CGR%), contribuição genética acumulada (CGA%) e frequência dos principais ancestrais no pedigree (FAP%) das cultivares mais plantadas nos maiores estados produtores de arroz irrigado do Brasil.

Ancestral	RS ¹		SC ¹		TO ¹		MG ¹		MS ¹		SP ¹		Brasil		
	CGR ²	CGA	CGR ²	CGA	CGR ²	CGA	CGR ²	CGA	CGR ²	CGA	CGR ²	CGA	CGR ²	CGA	FAP
Deo Geo Woo Gen	21,50	21,50	11,09	11,09	21,15	21,15	17,03	17,03	15,94	15,94	16,87	16,87	20,12	20,12	81
Cina	16,10	37,60	7,21	18,30	11,34	32,49	11,87	28,90	11,56	27,50	12,03	28,90	14,66	34,78	75
Lati Sail	16,10	53,70	0,0	18,30	11,18	43,67	11,87	40,77	11,56	39,06	12,03	40,93	13,86	48,64	81
I Geo Tze	10,73	64,43	5,61	23,91	10,24	53,91	10,16	50,93	8,75	47,89	9,22	50,15	10,18	58,82	69
Mong Chim Vang A	10,73	75,16	5,61	29,52	10,24	64,15	10,16	61,09	8,74	56,55	9,22	59,37	10,15	68,97	69
Belle Patna	10,73	85,89	1,61	31,13	15,00	79,15	5,62	66,71	7,18	63,73	5,31	64,68	9,61	78,58	44
Tetep	0,0	85,89	3,50	34,63	5,50	84,65	20,00	86,71	6,25	69,98	17,50	82,18	2,13	80,71	12

¹ RS = Rio Grande do Sul; SC = Santa Catarina; TO = Tocantins; MG = Minas Gerais; MS = Mato Grosso do Sul; e SP = São Paulo.

² Calculada ponderando pela área plantada de cada cultivar.

Fonseca et al., 1982a; 1982b). Para utilização do germoplasma tradicional, Rangel et al. (1991) propuseram o seguinte procedimento: a) numa primeira fase, seriam conduzidos ensaios comparativos de rendimento e de seus componentes, e estudos de divergência genética (os genitores com comportamento agrônomo superior e satisfatória divergência genética seriam identificados); e b) numa segunda fase, seriam feitos cruzamentos com linhagens elites que apresentassem tipo de planta moderno. Isto pode aumentar a probabilidade de obtenção de linhagens com arquitetura de planta das cultivares modernas de arroz irrigado com genes do germoplasma tradicional.

Em soja, Vello (1985) mostrou que 25% de germoplasma exótico pode representar um nível apropriado de introdução de genes, em programa de melhoramento de rendimento a curto e médio prazo. Este percentual poderia também ser utilizado no arroz, já que se estariam introduzindo novos genes, sem causar grandes alterações na arquitetura da planta de arroz irrigado. Os seguintes cruzamentos poderiam ser feitos:

elite 1/tradicional//elite 2

elite 1/elite 2//elite 3/tradicional.

A terceira possibilidade seria a sintetização de populações de ampla base genética, utilizando a macho-esterilidade genética, e condução dessas populações pela seleção recorrente. Nesse caso, os frequentes intercruzamentos que ocorrem em cada ciclo de seleção de duração reduzida promovem a variabilidade útil pela recombinação gênica, permitindo o surgimento de genótipos novos com caracte-

terísticas desejadas, que poderão ser identificados, avaliados e utilizados como fontes de novas variedades e/ou na formação de híbridos de arroz (Morais, 1992; Rangel, 1992).

Uma quarta alternativa, a longo prazo, seria a utilização de espécies selvagens de arroz, que ocorrem no Brasil, como *Oryza glumaepatula*. Essa espécie é diplóide e possui genoma ($A^{sp}A^{sp}$) semelhante ao da *Oryza sativa* (Vaughan, 1989); portanto, com altas chances de hibridação com a espécie cultivada. Um exemplo de utilização de espécies selvagens é o arroz híbrido, cujo desenvolvimento só foi possível após a descoberta da macho-esterilidade-genética-citoplasmática em espécies selvagens do gênero *Oryza*. Na China, atualmente são plantados, com arroz híbrido, cerca de 10 milhões de hectares, com rendimento médio de 20 a 30% superior ao das cultivares melhoradas. No programa de desenvolvimento da tecnologia de arroz híbrido em execução pela EMBRAPA/CNPAF, foi transferida, com a participação do IRAT, atualmente CIRAD-CA, da França, a característica de alogamia, conferida, principalmente, pelo estigma longo da espécie selvagem *Oryza longistaminata*, para a espécie cultivada *Oryza sativa* (Neves et al., 1994).

CONCLUSÕES

1. A base genética das cultivares de arroz irrigado do Brasil é bastante estreita.

2. É necessário ampliar a base genética das populações utilizadas no melhoramento genético do arroz irrigado do Brasil.

3. A alta uniformidade genética das cultivares de arroz irrigado do Rio Grande do Sul aumenta os riscos de vulnerabilidade genética das lavouras desse estado.

REFERÊNCIAS

- CAFFEY, H.R. **A review of the rice breeding programs in the United States.** [S.l.]: US National Science Foundation and Taiwan National Research Council, 1976. 52p. Paper presented at the Advisory Meeting on Agricultural Productivity, Taipei, Taiwan, May 17-26.
- CARMONA, P.S. Contribución del INGER en la ampliación de la base genética de arroz en el Estado de Rio Grande do Sul, Brasil. In: RED INTERNACIONAL PARA LA EVALUACION GENETICA DEL ARROZ, INGER-AMERICA LATINA, 1990. **Informe INGER-América Latina.** Cali, Colombia: [s.n.], 1990. p.153-158.
- CENTRO INTERNACIONAL DE AGRICULTURA TROPICAL. **Registro de cruzamientos realizados por los programas de arroz de ICA y del CIAT (1957-1986).** Cali, Colômbia, 1987. 177p.
- COFFMAN, W.R.; HARGROVE, T.R. Modern rice varieties as a possible factor in production on variability. p.133-146. In: ANDERSON, J.R.; HAZELL P.B.R. (Eds.). **Variability in grain yields.** Baltimore, MD: The Johns Hopkins University Press, 1989.
- CUEVAS-PÉREZ, F.E.; GUIMARÃES, E.P.; BERRIO, L.E.; GOZÁLES, D.I. Genetic base of irrigated rice in Latin America and the Caribbean, 1971 to 1989. **Crop Science**, Madison, v.32, n.4, p.1054-1059, 1992.
- DELANNAY, D.M.; RODGERS, D.M.; PALMER, R.G. Relative genetic contributions among ancestral lines to North American soybean cultivars. **Crop Science**, Madison, v.23, p.944-949, 1983.
- DILDAY, R.H. Contribution of ancestral lines in the development of new cultivars of rice. **Crop Science**, Madison, v.30, p.905-911, 1990.
- FONSECA, J.R.; RANGEL, P.H.N.; PRABHU, A.S. **Características botânicas e agrônômicas de cultivares de arroz (*Oryza sativa* L.).** Goiânia: EMBRAPA-CNPAP, 1981. 32p. (Circular Técnica, 14).
- FONSECA, J.R.; RANGEL, P.H.N.; BEDENDO, I.P.; SILVEIRA, P.M. da; GUIMARÃES, E.P. e CORANDI, L. **Características botânicas e agrônômicas de cultivares e raças regionais de arroz (*Oryza sativa* L.) coletadas no Estado do Maranhão.** Goiânia: EMBRAPA-CNPAP, 1982a. 42p. (Boletim de Pesquisa, 1).
- FONSECA, J.R.; RANGEL, P.H.N.; MORAIS, O.P.; MATTOS, T.; 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, 1982b. 42p. (Documentos, 3).
- HANSON, W.D. Theoretical distribution of the initial linkage block lengths intact in the gametes of a population intermated for generations. **Genetics**, Bethesda, v.44, p.839-846, 1959.
- HAVE, H. ten. **Research and breeding for mechanical culture of Surinam.** Wageningen, Netherlands: PUDOC, 1967.
- HIROMOTO, D.M.; VELLO, N.A. The genetic base of brazilian soybean (*Glycine max* L. Merrill) cultivars. **Brazilian Journal of Genetics**, Ribeirão Preto, v.9, n.2, p.295-306, 1986.
- INTERNATIONAL RICE RESEARCH INSTITUTE. **Parentage of crosses IR1-IR50.000.** Manila: IRRI, 1985.
- MORAIS, O.P. **Análise multivariada da divergência genética dos progenitores, índices de seleção combinada numa população de arroz oriunda de intercruzamentos usando macho-esterelidade.** Viçosa: UFV, 1992. 251p. Tese de Doutorado.
- NEVES, P.C.F.; CASTRO, E.M.; RANGEL, P.H.N.; YOKOYAMA, L.P. Hybrid rice research in Brazil. In: VIRMANI, S.S. (Ed.). **Hybrid rice technology: new developments and future prospects.** International Rice Research Conference. Manila, Philippines: [s.n.], 1994. p.249-252.

- OS AVANÇOS das novas variedades de arroz. **Ano Arrozeiro**, Porto Alegre, v.5, p.20-21, 1992.
- RANGEL, P.H.N. La selección recurrente, mejora el arroz brasileño. **Arroz em las Américas**, Cali, v.13, n.1, p.4-5, 1992.
- RANGEL, P.H.N.; CRUZ, C.D.; VENCOVSKY, R.; FERREIRA, R. de P. Selection of local lowland rice cultivars based on multivariate genetic divergence. **Brazilian Journal of Genetics**, Ribeirão Preto, v.2, p.437-453, 1991.
- RANGEL, P.H.N.; NEVES, P.C.F.; MORAIS, O.P. La selección recurrente recombina genes en el arroz de riego. **Arroz em las Américas**, Cali, v.13, n.2 p.2-4, 1992b.
- RANGEL, P.H.N.; ZIMMERMANN, F.J.P.; NEVES, P.C.F. El CNPAF investiga: decrece en Brasil el rendimiento del arroz de riego? **Arroz em las Américas**, Cali, v.13, n.1, p.2-4, 1992a.
- SOARES, A.A. **Desempenho do melhoramento genético do arroz de sequeiro e irrigado na década de oitenta em Minas Gerais**. Lavras: ESAL, 1992. 188p. Tese de Doutorado.
- VAUGHAN, D.A. **The genus (*Oryza* (L.))**. Current status of taxonomy. Manila, Philippines, IRRI, 1989, 21p. (Paper Series, 138).
- VELLO, N.A. **Efeitos da introdução de germoplasma exótico sobre a produtividade e relações com a base genética das cultivares de soja (*Glycine max* L. Merrill)**. Piracicaba: ESALQ - USP, 1985. 91p. Tese de Livre-Docência.