UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS
ESCOLA DE AGRONOMIA E ENGENHARIA DE ALIMENTOS

CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA E MOLECULAR DA COLEÇÃO NUCLEAR DE ARROZ DA EMBRAPA

LUÍCE GOMES BUENO

Orientador:

Prof. Dr. Claudio Brondani

Goiânia - GO
Brasil

Agosto - 2010

LUÍCE GOMES BUENO

CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA E MOLECULAR DA COLEÇÃO NUCLEAR DE ARROZ DA EMBRAPA

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia, da Universidade Federal de Goiás, como requisito parcial à obtenção do título de Doutor em Agronomia, área de concentração: Genética e Melhoramento de Plantas.

Orientador:
Dr. Claudio Brondani

Co-orientador:
Dr. Jaison Pereira de Oliveira

Goiânia, GO – Brasil

2010

LUÍCE GOMES BUENO

TÍTULO: CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA E MOLECULAR DA COLEÇÃO NUCLEAR DE ARROZ DA EMBRAPA

Tese DEFENDIDA em 31 de agosto de 2010, e APROVADA pela Banca Examinadora constituída pelos membros:

Prof. Dr. Alexandre Siqueira Guedes Coelho
UFG/EA

Profª. Drª. Patrícia Guimarães Santos Melo
UFG/EA

Dr. Jaison Pereira de Olivera
EMBRAPA Arroz e Feijão

Dr. Paulo Hideo Nakano Rangel
EMBRAPA CPACT

Dr. Claudio Brondani
Presidente da Banca – EMBRAPA Arroz e Feijão

Goiânia - Goiás
Brasil

Aos meus amados pais, Luiz e Nice

e irmãos, Ila e Álu

Por todo amor, carinho, dedicação, força, apoio, companheirismo e amizade, nunca deixando faltar-me momento algum, abençoando minha vida e meus passos, possibilitando atingir mais esta conquista que é de todos nós.

A eles, minha eterna gratidão.

Carinhosamente e

Orgulhosamente

Dedico.

"Meta,... se busca
Caminho,... se acha
Desafio,... se enfrenta
Atividade,.... se inventa
Saudade,..... se mata
Sonho,....se realiza.
E vamos construindo
a vida."

"Procure ser uma pessoa de valor, em
vez de ser uma pessoa de sucesso.
O sucesso é conseqüência."
(Albert Einstein)

AGRADECIMENTOS

Infinitamente a Deus agradeço pelo Dom e significado da vida, por suas bênçãos, proteção, amparo, saúde, força..... e por todas as ações realizadas em minha existência. Muito obrigada Senhor, por ser tão bom comigo.....

Aos meus pais que são a base estrutural na minha viva, que presentes em todos os momentos desde os primeiros passos oferecem-me mais que amor, apoio e educação, mas também inspiração para todo o sempre. Obrigada por me trazerem nesta vida para perto de vocês. São meus ídolos.....

Aos meus irmãos pela força e amizade, tolerância e paciência, carinho e compreensão, aceitando dividir comigo todas as etapas desta e de outras jornadas. Obrigada por tudo, imensamente. Sou fã de vocês.....

Aos meus familiares pelo carinho e incentivo a cada passo dado rumo a uma nova conquista. Obrigada por se alegrarem conosco nestes momentos que cada vez mais vitórias se aproximam....

À Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos – UFG e à Embrapa Arroz e Feijão, pela oportunidade de concretização da minha formação, de onde consegui mais que educação profissional, mas também grandes exemplos e valiosas amizades.

Aos meus queridos orientadores Claudio Brondani e Jaison Pereira de Oliveira por me acolherem como orientada e oferecerem além de orientações, também ensinamentos para o crescimento profissional e humano, amizade e exemplo de capacidade e profissionalismo. Agradeço toda a atenção e paciência de vocês.

À pesquisadora Tereza Cristina de Oliveira Borba pela amizade e companheirismo durante todas as etapas deste curso, pelo incentivo, encorajamento,....., além de valioso auxílio nos trabalhos e sugestões.

Ao prof. Alexandre Siqueira Guedes Coelho pelo exemplo de profissional, dedicação, dinamismo, pelo auxílio nas análises estatísticas e pelas valiosas sugestões na construção não só deste trabalho, mas na minha formação profissional.

Aos pesquisadores, técnicos, assistentes, colegas da Embrapa envolvidos direta ou indiretamente com as atividades de pesquisa desta minha jornada, auxiliando em experimentos, materiais, sugestões, discussões, incentivo…. , ….. e contribuições no

desenvolvimento deste trabalho: Claudio Brondani, Tereza Cristina, Jaison Oliveira, Orlando Peixoto, Jaime Fonseca, Alexandre Bryan, Diego Fernandes, Paulo Hideo, José Trovo, Luís Cláudio, Divino Melo, João Batista, João Antônio, Raquel Mello, Rosana Brondani, José Colombari, ..., ...

A todos os funcionários da Escola de Agronomia e da Embrapa Arroz e Feijão que contribuíram direta ou indiretamente durante toda a minha formação profissional e assim continuarão para toda vida, seja pelo convívio de aprendizagens durante todos esses anos, seja por amizades que foram surgindo e se concretizando.

Aos pesquisadores e professores que aceitaram o convite para pertencerem à banca de avaliação deste trabalho, pela disposição e empenho, trazendo consigo enriquecedoras sugestões.

A meus amigos que participam da minha vida e estiveram comigo por tantos anos, que nem me lembro quanto tempo mais, ajudando-me a chegar até aqui, com os quais posso contar, com a honra de suas amizades, presença e apoio e que estarão para sempre em meu coração.....vocês sabem.....

Aos amigos e colegas de curso e trabalho da UFG e da Embrapa Arroz e Feijão....por dividirem comigo horas de atividades curriculares e extracurriculares, podendo fortalecer ainda mais nossos laços profissionais e de amizade; desde aqueles com pouco tempo de convívio, aos eternos veteranos de caminhada. Lembrarei todos vocês nos nomes de Clistiane, Priscila, Márcia, Aracelle, Ricardo, Karina, Bruna, Luís Cláudio, Tereza, Wellington, Nazaré, Américo, Paula Arielle, Paula Torga, Pedro, Jair, Giselle Lara, Giselle Davi, Leciane, Agnes, João Antônio....., ..., ...

A todos que fazem parte da história de minha vida....., agradeço. Com vocês tenho a chance de crescer, aprender, dividir e aperfeiçoar a cada dia.....

A todos que comigo....

”...lutaram e ainda lutam.

Que sonharam e ainda sonham.

Que oprimidos não capitularam.

Injustiçados, massacrados não param de sonhar e continuam acreditando que o sonho será uma realidade justa, humana e libertadora.”

Obrigado por tudo.

SUMÁRIO

LISTA DE TABELAS 8

LISTA DE FIGURAS 10

RESUMO GERAL 11

GENERAL ABSTRACT 13

1 INTRODUÇÃO 15

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA 20
2.1 A CULTURA DO ARROZ 20
2.2 RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS 24
2.3 AVALIAÇÃO E CARACTERIZAÇÃO DE ACESSOS DE BANCOS DE GERMOPLASMA 27
2.3.1 **Caracterização agronômica** 28
2.3.2 **Caracterização molecular** 29
2.4 ANÁLISES GENÉTICO-ESTATÍSTICAS DA DIVERSIDADE GENÉTICA 32
2.4.1 **Análise estatística multivariada** 33
2.4.2 **Metodologia de modelos mistos** 37
2.5 REFERÊNCIAS 39

3 CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA DA COLEÇÃO NUCLEAR DE ARROZ (*Oryza sativa* L.) DA EMBRAPA VIA METODOLOGIA DE MODELOS MISTOS 49
RESUMO 49
ABSTRACT 50
3.1 INTRODUÇÃO 50
3.2 MATERIAL E MÉTODOS 53
3.2.1 **Material genético** 53
3.2.2 **Características dos ambientes** 54
3.2.3 **Caracteres sob avaliação** 55
3.2.4 **Análises estatístico-genéticas** 56
3.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO 60
3.3.1 **Análises univariadas** 60
3.3.1.1 *Análises individuais* 60
3.3.1.2 *Análises conjuntas* 73
3.3.2 **Análises multivariadas** 75
3.4 CONCLUSÕES 82
3.5 REFERÊNCIAS 83

4 ANÁLISE COMPARATIVA DA DIVERSIDADE GENÉTICA EM GENÓTIPOS DE ARROZ POR MEIO DE CARACTERES AGRONÔMICOS E MARCADORES MOLECULARES SSR 87
RESUMO 87

ABSTRACT 88
4.1 INTRODUÇÃO 88
4.2 MATERIAL E MÉTODOS 92
4.2.1 **Material vegetal** 92
4.2.2 **Caracterização agronômica** 92
4.2.3 **Análise dos dados agronômicos** 93
4.2.4 **Análise dos dados moleculares** 94
4.2.5 **Comparação entre as distâncias genéticas moleculares e valores genotípicos** 94
4.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO 95
4.3.1 **Características agronômicas** 95
4.3.2 **Medidas de dissimilaridades** 97
4.3.3 **Análises de agrupamento** 101
4.3.4 **Correlações entre medidas de dissimilaridades** 102
4.3.5 **Avaliação comparativa dos acessos mais produtivos** 104
4.4 CONCLUSÕES 111
4.5 REFERÊNCIAS 111

5 CONSIDERAÇÕES FINAIS 116

APÊNDICES 118

ANEXOS 138

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 Tipo de genoma, número de cromossomos e região de origem das espécies do gênero Oryza..... 21

Tabela 3.1 Composição dos estratos da Coleção Nuclear de Arroz da Embrapa e sistemas de cultivo..... 54

Tabela 3.2 Localidades, ano agrícola, coordenadas geográficas e altitudes dos experimentos para caracterização da CNAE..... 54

Tabela 3.3 Estimativas EBLUPs médias, máximas e mínimas, e número de genótipos de arroz avaliados, para caracteres agronômicos em nove experimentos..... 61

Tabela 3.4 Estimativas EBLUPs médias, máximas e mínimas, e número de genótipos, para os caracteres agronômicos avaliados apenas nos experimentos de Goiânia_Irr2004 e Goiânia_Irr2005..... 63

Tabela 3.5 Valores genotípicos preditos dos acessos de arroz da CNAE com melhores produtividades na média dos ambientes, valor médio das testemunhas, para o caráter produtividade de grãos (kg ha^{-1}), em nove ambientes e para a média entre os ambientes..... 66

Tabela 3.6 Estimativas de componentes de variância de genótipo, bloco e erro ($\hat{\sigma}_g^2$, $\hat{\sigma}_b^2$ e $\hat{\sigma}_e^2$), suas relações com a variância do erro ($\phi_g = \hat{\sigma}_g^2 / \hat{\sigma}_e^2$ e $\phi_b = \hat{\sigma}_b^2 / \hat{\sigma}_e^2$) para caracteres agronômicos em nove experimentos..... 71

Tabela 3.7 Estimativas de componentes de variância de genótipo, bloco e erro ($\hat{\sigma}_g^2$, $\hat{\sigma}_b^2$ e $\hat{\sigma}_e^2$), suas relações com a variância do erro ($\phi_g = \hat{\sigma}_g^2 / \hat{\sigma}_e^2$ e $\phi_b = \hat{\sigma}_b^2 / \hat{\sigma}_e^2$) para caracteres agronômicos avaliados apenas nos experimentos de Goiânia_Irr2004 e Goiânia_Irr2005..... 73

Tabela 3.8 Estimativas de componentes de variância ($\hat{\sigma}_g^2$, $\hat{\sigma}_a^2$, $\hat{\sigma}_{g_xa}^2$ e $\hat{\sigma}_{b(a)}^2$), suas relações com a variância do erro ($\phi_g = \hat{\sigma}_g^2 / \hat{\sigma}_e^2$, $\phi_a = \hat{\sigma}_a^2 / \hat{\sigma}_e^2$, $\phi_{g_xa} = \hat{\sigma}_{g_xa}^2 / \hat{\sigma}_e^2$), $\phi_{g_xa} = \hat{\sigma}_{g_xa}^2 / \hat{\sigma}_e^2$, $\phi_{b(a)} = \hat{\sigma}_{b(a)}^2 / \hat{\sigma}_e^2$)..... 74

Tabela 3.9 Proporção da $SQ_{GxE,}$ explicada por cada eixo..... 76

Tabela 3.10 Estimativas EBLUP das interações genótipos x ambientes dos quinze genótipos de maiores e menores amplitudes, envolvendo nove experimentos..... 79

Tabela 4.1 Caracteres agronômicos utilizados na avaliação de acessos dos estratos LCB e LCI da CNAE..... 93

Tabela 4.2 Medidas descritivas para caracteres agronômicos entre os grupos irrigados (I) e sequeiros (S) de acessos brasileiros e introduzidos da CNAE..... 95

Tabela 4.3 Medidas descritivas dos índices referentes às distâncias baseadas nos valores genotípicos (V) e em dados moleculares (M) dos grupos de acessos irrigados (I) e sequeiros (S) melhorados da CNAE..... 98

Tabela 4.4 Pares de genótipos que apresentam combinação de elevada diversidade genética (com base na medida de distância de Rogers-Wright (RW)) e alto potencial quanto a produtividade de grãos..... 100

Tabela 4.5 Coeficientes de correlação e intervalos de confiança do teste de Mantel (1.000 simulações) entre as matrizes de dissimilaridade obtidas pelos valores genotípicos e dados molecular, a partir da avaliação dos grupos de acessos irrigados e sequeiros da Coleção Nuclear de Arroz da Embrapa..... 102

Tabela 4.6 Médias preditas para os caracteres agronômicos dos vinte acessos mais produtivos dos grupos de acessos irrigados e sequeiros da Coleção Nuclear de Arroz da Embrapa..... 105

Tabela 4.7 Coeficientes de correlação e intervalos de confiança do teste de Mantel (1.000 simulações) entre as matrizes de dissimilaridade obtidas pelos valores genotípica e dados molecular, a partir da avaliação dos acessos mais produtivos dos grupos irrigado e sequeiro da CNAE..... 110

LISTA DE FIGURAS

Figura 3.1 Distribuição de frequências por classes, para o caráter produtividade de grãos, de genótipos de arroz da CNAE em nove experimentos..... 63

Figura 3.2 Representação gráfica de acessos da CNAE em relação aos dois primeiros componentes principais (CP1 x CP2)..... 78

Figura 3.3 Representação gráfica ampliada de acessos da CNAE em relação aos dois primeiros componentes principais (CP1 x CP2)..... 80

Figura 3.4 Dispersão gráfica de acessos da CNAE em relação aos três primeiros componentes principais (CP1, CP2 e CP3)..... 82

Figura 4.1 Distribuição de frequências para o caráter produtividade de grãos entre os acessos irrigados (a) e sequeiros (b), e estratos de linhagens e cultivares brasileiras (LCB) e linhagens e cultivares introduzidas (LCI)..... 97

Figura 4.2 Distribuição das distâncias dos valores genotípicos (**a**) e moleculares (**b**) entre pares de acessos irrigados. Escala baseada nas frequências de classes..... 98

Figura 4.3 Distribuição das distâncias dos valores genotípicos (**a**) e moleculares (**b**) entre pares de acessos de sequeiro. Escala baseada nas frequências de classes..... 99

Figura 4.4 Dispersão dos valores de distâncias estimadas a partir de dados moleculares (abscissa) e valores genotípicos (ordenada) entre acessos irrigados **(a)** e entre acessos de sequeiro **(b)** da CNAE..... 103

Figura 4.5 Dendrograma formado pelo método de agrupamento de Ward para os dados de distâncias baseada nos valores genotípicos preditos dos vinte acessos mais produtivos do conjunto irrigado..... 107

Figura 4.6 Dendrograma formado pelo método de agrupamento UPGMA para os dados de distâncias de RW dos vinte acessos mais produtivos do conjunto irrigado..... 108

Figura 4.7 Dendrograma formado pelo método de agrupamento de Ward para os dados de distâncias baseada nos valores genotípicos preditos dos vinte acessos mais produtivos do conjunto sequeiro..... 109

Figura 4.8 Dendrograma formado pelo método de agrupamento UPGMA para os dados de distâncias de RW dos vinte acessos mais produtivos do conjunto sequeiro..... 109

Figura 4.9 Dispersão dos valores de distâncias estimadas a partir de dados moleculares (abscissa) e valores genotípicos (ordenada) entre os vinte acessos mais produtivos, do conjunto irrigado **(a)** e sequeiro **(b)** da CNAE..... 110

RESUMO GERAL

BUENO, L. G. **Caracterização agronômica e molecular da coleção nuclear de arroz da Embrapa.** 2010. 149 f. Tese (Doutorado em Agronomia: Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2010.[1]

Os recursos genéticos vegetais armazenados *ex situ* são considerados reservatórios de genes e funcionam como matéria-prima para o desenvolvimento da agricultura mundial. Na cultura do arroz, apesar da extensa variabilidade genética existente, a deficiência de informações que integrem dados que possam efetivamente auxiliar na escolha de genótipos importantes para os programas de melhoramento constitui o principal fator que limita a utilização mais ampla dos acessos armazenados nos bancos de germoplasma. A Coleção Nuclear de Arroz da Embrapa (CNAE) representa a variabilidade genética de mais de 10 mil acessos constituintes do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) da Embrapa Arroz e Feijão, e é composta por 550 acessos subdivididos em três estratos: 1) 94 Linhagens e Cultivares Brasileiras (LCB), provenientes de programas de melhoramento de instituições brasileiras; 2) 148 Linhagens e Cultivares Introduzidas (LCI), provenientes de programas de melhoramento de outros países; e 3) 308 Variedades Tradicionais (VT), que reúne acessos obtidos por expedições de coleta de germoplasma realizadas em vários estados do Brasil. Este trabalho teve como principais objetivos: 1) avaliar a extensão da variabilidade genética dos 550 acessos pertencentes à CNAE por meio da caracterização agronômica via metodologias de modelos mistos e estatísticas multivariadas; 2) realizar a análise comparativa da divergência genética entre acessos, determinada pela avaliação de caracteres agronômicos e marcadores moleculares SSR; e 3) identificar os genótipos com maior diversidade genética e com melhores atributos agronômicos, a fim de indicar uma melhor utilização destes recursos genéticos em programas de melhoramento. Na caracterização agronômica foram avaliados 550 acessos em experimentos conduzidos em nove locais no Brasil, envolvendo um total de 18 caracteres fenológico-agronômicos. Os dados foram analisados empregando-se a abordagem de modelos lineares mistos e modelo AMMI de análise. Verificou-se grande amplitude de variação dos valores genotípicos para a maioria dos caracteres avaliados. Nos diferentes ambientes, houve ocorrência de genótipos do estrato VT entre os mais produtivos, o que demonstra o potencial deste grupo de germoplasma, particularmente importante por sua grande variabilidade genética, em contribuir para o desenvolvimento de cultivares regionalmente adaptadas. A abordagem AMMI permitiu uma boa discriminação dos genótipos de arroz da CNAE quanto ao seu comportamento adaptativo, identificando os acessos CA880078, CA990001, CA870071 (do estrato VT), e CNA0009113 (LCI) com estabilidade, produtividade satisfatória e ampla adaptação à diferentes ambientes. Para a análise comparativa da diversidade genética entre dados agronômicos e moleculares foram considerados 242 acessos da CNAE, os quais foram caracterizados utilizando-se 86 marcadores SSR fluorescentes, sendo que para os dados agronômicos, foram realizadas análises conjuntas dos experimentos e considerados

[1] Orientador: Dr. Claudio Brondani. Embrapa Arroz e Feijão.
Co-Orientador: Dr. Jaison Pereira de Oliveira. Embrapa Arroz e Feijão.

os valores genotípicos preditos de cinco caracteres (valores livres dos efeitos de interação genótipos x ambientes). A divergência genética entre os acessos foi estimada pelo procedimento de distância Euclidiana média para os dados fenotípicos, e por meio da distância de Rogers modificada por Wright (RW) para os dados moleculares, analisando-se os conjuntos de dados por meio de estatísticas descritivas e multivariadas, empregando-se análises de correlação entre matrizes de dissimilaridade e análises de agrupamento hierárquico de Ward e UPGMA. Os dados fenotípicos e moleculares apresentaram uma ampla distribuição dos índices de dissimilaridade, embora tenham apresentado diferentes padrões dessa variação. Baixas distâncias moleculares estiveram associadas a baixas distâncias baseada nos valores genotípicos, no entanto para elevadas distâncias moleculares houve ocorrência de ampla escala de variação fenotípica. A correlação entre as dissimilaridades genéticas e valores genotípicos foi significativa tanto no conjunto de acessos irrigados quanto no de sequeiro, porém, com diferentes magnitudes (r=0,156 e r=0,409, respectivamente). Devido esta baixa relação entre os dados fenotípicos e moleculares, o estudo de genótipos para fins de uso no melhoramento genético deve incluir ambas avaliações para a melhor caracterização dos acessos. Entre os materiais mais produtivos, as maiores distâncias moleculares foram identificadas entre os genótipos do sistema de cultivo irrigado, dentre eles BR IRGA 413 e CNA0005014, BR IRGA 413 e CNA0005853, e CNA0004552 e CNA0005014. Entre os materiais de sequeiro, máximas distâncias genéticas foram identificadas entre os acessos CNA0000482 e CNA0006422, CNA0001006 e CNA0006422, e CNA0001006 e CNA0003490. A análise molecular permitiu que fossem identificados genótipos de vínculo genético reduzido, que quando utilizados como parentais em cruzamentos, possibilitarão que as progênies obtidas apresentem maiores chances de combinações alélicas inéditas. Por sua vez, a caracterização fenotípica tem papel fundamental na identificação de materiais que além de divergentes, apresentem desempenho agronômico superior para os programas de melhoramento. Os resultados deste trabalho permitirão aumentar eficazmente as atividades relacionadas à caracterização de acessos do Banco Ativo de Germoplasma de arroz, subsidiando os programas de melhoramento na escolha de genótipos a serem utilizados para a obtenção de novas cultivares, com características favoráveis, de ampla base genética. Em adição, um programa contínuo de caracterização fenotípica e molecular de germoplasma permitirá ainda a escolha de acessos para a ampliação da variabilidade genética da CNAE.

*Palavras-chave***:** recursos genéticos, *Oryza sativa,* caracterização agronômica, modelo linear misto, marcadores moleculares SSR.

GENERAL ABSTRACT

BUENO, L. G. **Agronomic and molecular characterization of Embrapa Rice Core Collection.** 2010. 149 f. Thesis (Doctor in Agronomy: Genetic and Plant Breeding) – Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2010.[1]

The plant genetic resources stored *ex situ* are considered as a genetic repository, and are raw material for the development of the world agriculture. In rice, despite its high genetic variability, the lack of information of accessions to compose a databank prevents its use to help the choice of genitors for the breeding programs. The Embrapa Rice Core Collection (ERiCC) was developed from 10,000 accessions from Embrapa GeneBank, and it was set up by 550 accessions, divided in three subsets: 1) 94 lines and cultivars from Brazil (LCB); 2) 148 lines and cultivars from abroad (LCI); and 3) 308 traditional varieties (VT), obtained from germplasm collection expeditions in Brazil. This work aimed: 1) to evaluate the extension of genetic variability of 550 accessions from ERiCC by means of agronomic traits characterization using mixed models and multivariate statistics; 2) to perform a comparative analysis of the genetic divergence considering the agronomical and SSR markers characterizations; and 3) to identify the genotypes with higher genetic diversity and with the best agronomic performances, aiming to promote the most efficient use of such germplasm in breeding programs. The agronomic characterization of 550 accessions was performed in nine field experiments, evaluating 18 phenological-agronomic traits. The data were analyzed using the mixed linear and AMMI models. There was wide variation range of genotypical values for most evaluated traits. In different environments, it was observed VT accessions among the high-yielding materials, demonstrating the potential of this group of germplasm, particularly important due to its high genetic variability, to contribute to the development of cultivars regionally adapted. The AMMI approach allowed a good discrimination of ERiCC rice genotypes in relation to the adaptive performance, identifying the accessions CA880078, CA990001, CA870071 (subset VT), and CNA0009113 (LCI) as having good yield and broad adaptation to distinct environments. The comparative analysis of genetic diversity between agronomic and molecular data was performed using the 242 lines and cultivars accessions from ERiCC, which were characterized by 86 fluorescent SSR markers, and five agronomic traits with genotypic values predicted (values without from the effects of interaction genotypes x environment, from a joint analysis of nine experiments. The genetic divergence among accessions was estimated by the average Euclidian distance for phenotypical data, and by the Rogers modified by Wright (RW) genetic distance. The datasets were jointly analyzed by descriptive and multivariate statistics, using correlation analyses from hierarchical grouping of Ward and UPGMA methods. The phenotypical and molecular data showed a broad distribution of dissimilarity indexes, despite they showed different patterns of variation between them. Low molecular distances were associated to low phenotypical distances, however to high molecular distances, occurred a high broad range of

[1] Adviser: Dr. Claudio Brondani. Embrapa Arroz e Feijão.
Co-Adviser: Dr. Jaison Pereira de Oliveira. Embrapa Arroz e Feijão.

phenotypical variation. The correlation between genetical and phenotypical dissimilarities was significant for both lowland and upland accessions, despite with different values (r=0.156 and r=0.409, respectively). Due to the low relation between phenotypical and molecular data, the analysis of genotypes to be used in breeding programs must include both evaluations to a better accession characterization. Considering the high yielding accessions, the higher molecular distances were identified among the accessions from lowland system of cultivation, among which BR IRGA 413 and CNA0005014, BR IRGA 413 and CNA0005853, and CNA0004552 and CNA0005014. Considering the upland accessions, maximum genetic distances were identified in CNA0000482 and CNA0006422, CNA0001006 and CNA0006422, and CNA0001006 and CNA0003490. The molecular analysis was able to identify accessions with reduced genetic relationship, that if used as genitors, will result in a progeny with a high probability to find new allelic combinations. On the other hand, the phenotypical characterization is important to identify accessions not just genetically divergent, but with superior agronomic trait performances for breeding programs. The results of this work will permit to increase the activities related to the characterization of accessions from rice Genebank, giving support of breeding programs to choose the best accessions to obtain new cultivars, with favorable traits, and broad genetic basis. In addition, a continuous program of phenotypical and molecular characterization of germplasm will be able to identify accessions to increase the genetic variability of ERiCC.

Key words: genetic resources, *Oryza sativa*, agronomic characterization, mixed linear model, SSR molecular markers.

1 INTRODUÇÃO

Apenas cerca de 30 espécies vegetais respondem por 95% da energia na forma de alimentos no mundo, dentre as quais se incluem o trigo, arroz e o milho (FAO, 1996). Considerado o cultivo alimentar de maior importância em muitos países, o arroz é o cereal mais consumido no mundo e tem a produção voltada exclusivamente ao consumo humano, atendendo à grande parte da necessidade protéica e calórica da população mundial, além de apresentar grande importância do ponto de vista econômico e social.

Historicamente, um grande responsável pela melhoria da produtividade das culturas é o melhoramento genético. O melhoramento de plantas envolve todas as técnicas, métodos, estratégias, recursos ou ferramentas utilizadas para que algum progresso seja adicionado a uma espécie vegetal. Segundo Borém (1997), este progresso está relacionado à melhoria do conteúdo genético da espécie trabalhada, em estreita relação com o ambiente onde esta espécie será cultivada.

O melhoramento de plantas tem favorecido a obtenção de genótipos cada vez mais adaptados e produtivos. No entanto, essa busca por meio de métodos de melhoramento tradicionais, tem gerado materiais de base genética restrita, em função de serem originados de cruzamentos envolvendo um pequeno número de genitores elite com elevado grau de parentesco. Nesse processo, alelos importantes relacionados às características agronômicas de interesse vão sendo perdidos ao longo dos ciclos de seleção, e uma necessidade de novas fontes genéticas de variabilidade, torna-se cada vez mais evidente. Lopes & Nass (2005) salientam que o sucesso em longo prazo de atividades de melhoramento genético no Brasil continuará sendo altamente dependente da amplitude da base genética disponível, na forma de materiais mantidos nos bancos de germoplasma, que são insumos críticos para o contínuo desenvolvimento do agronegócio nacional.

Os recursos genéticos vegetais são considerados verdadeiros reservatórios de genes e funcionam como matéria-prima para o desenvolvimento da agricultura mundial, servindo à segurança alimentar futura e no abastecimento de fontes de genes de interesse para os programas de melhoramento das culturas. Daí sua importância e necessidade de conservação.

A demanda agrícola de certos produtos reforça a necessidade de conservação da variabilidade de espécies de importância econômica, como o arroz. Apesar da extensa variabilidade genética deste cereal, a deficiência de informações que integrem dados que possam efetivamente auxiliar na escolha de genótipos importantes para o programa de melhoramento da cultura, constitui o principal fator que limita a utilização mais ampla de acessos de arroz armazenados em bancos de germoplasma (Borba, 2005). Para que a conservação e utilização do germoplasma deste cereal sejam realizadas de forma eficiente, é preciso determinar a extensão da variabilidade genética entre e dentro das variedades existentes, identificar fontes úteis de resistência ou tolerância a estresses bióticos e abióticos e providenciar um acesso fácil à informação do banco de germoplasma (Williams, 1989). Para tanto, faz-se necessária a utilização de uma amostragem representativa da variabilidade genética da coleção completa, por meio de uma coleção nuclear, pois a caracterização detalhada de todos os acesso de um banco de germoplasma é dificilmente atingida.

O conceito de coleção nuclear foi idealizado por Frankel (1984) e consiste de um limitado conjunto de acessos, derivado de uma coleção de germoplasma existente, que seja representativa do máximo de variabilidade genética de toda a coleção original. Uma coleção nuclear deveria incluir de 10% a 15% do tamanho da coleção existente, mantendo porém, 70% a 80% da diversidade genética disponível e mínimo de duplicatas (Brown, 1989). O reduzido número de acessos apresenta-se como a grande vantagem de uma coleção nuclear, o que possibilita um estudo mais detalhado de seus acessos componentes, tanto agronômica quanto molecularmente. Além de facilitar a identificação de possíveis acessos em duplicata, a avaliação mais detalhada facilita também a detecção de falta de representatividade quanto a características agronômicas de interesse e de reduzida variabilidade genética em algum ponto do genoma, informações que podem se utilizadas como parâmetro orientador no manejo para exclusão ou introdução de novos acessos às coleções nucleares (Borba, 2007). A Coleção Nuclear de Arroz da Embrapa (CNAE) foi estabelecida por Abadie et al. (2005) e estruturada a partir dos 10 mil acessos do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) dessa instituição. A CNAE é composta por 550 acessos subdivididos em três estratos: 1) Linhagens e Cultivares Brasileiras (LCB), compreendido por genótipos melhorados por programas de melhoramento da Embrapa e outras instituições brasileiras; 2) Linhagens e Cultivares Introduzidas (LCI), constituído por genótipos provenientes de programas de melhoramento de outros países; e 3) Variedades

Tradicionais (VT), que reúne acessos obtidos por expedições de coleta de germoplasma realizadas em vários estados do Brasil, durante o período de 1979 a 2002. Dentro desses estratos, os acessos de arroz ainda foram divididos conforme sistemas de cultivo: 1) irrigados (I), e 2) sequeiro (S) (ou de terras altas). No estrato VT foram incluídos ainda acessos que podem ser cultivados tanto no sistema de terras altas quanto irrigado, e cujo classificação foi denominada como sistema facultativo (F) (Abadie et al., 2005; Brondani et al., 2006a).

Na cultura do arroz a caracterização dos recursos genéticos já tem sido feita morfoagronomicamente (baseada na análise do fenótipo com adoção de descritores morfológicos e avaliação de caracteres de interesse agronômico), e/ou por meio de técnicas de marcadores bioquímicos e moleculares, objetivando-se avaliar a diversidade genética e fontes de variabilidade genética entre genótipos (Martins et al., 2005; Brondani, 2006b; Magalhães Jr., 2007; Vieira, 2007; Fonseca et al., 2008; Borba et al., 2009). O uso de marcadores morfológicos constituem a primeira fase de todo e qualquer estudo, em que se realizam a descrição detalhada das características fenotípicas dos acessos que compõe um banco de germoplasma. Os descritores morfológicos apresentam-se como ferramentas de extrema importância e aplicabilidade para a maioria das espécies vegetais quando se trabalha com a caracterização e estudos de diversidade genética, demonstrando facilidade de manipulação e baixo custo na avaliação. No entanto apresentam também limitações, como em relação a subjetividade das avaliações, e principalmente quando envolve a distinção de genótipos elite aparentados e/ou com certo grau de uniformidade para características de interesse. Além disso, a variação morfológica nem sempre reflete a real variação genética, devido aos efeitos do ambiente e suas interações com os genótipos, e em grande parte do desconhecimento do controle genético dos caracteres agronômicos de herança poligênica.

O uso de ferramentas biotecnológicas associadas aos métodos convencionais de melhoramento está permitindo explorar a variabilidade genética encontrada em acessos dessa cultura, incluindo-se espécies silvestres relacionadas (Rangel et al., 2001). Por meio da utilização de técnicas de genética molecular, baseadas na tecnologia de marcadores moleculares, está sendo atingido um aprimoramento das avaliações, com medidas mais precisas da variabilidade genética existente não somente entre os acessos armazenados, mas também dentro destes acessos, com a detecção de diferenças entre indivíduos em nível de DNA (Brondani & Brondani, 2004).

No entanto, para a descrição mais adequada e eficiente de genótipos, deve-se considerar também a expressão desta variabilidade em nível de campo que, especificamente para o arroz, uma planta sensível ao fotoperíodo, possui diferenças fenotípicas marcantes quando há o cultivo em ambientes diferenciados (Brondani et al., 2006a). A resposta diferenciada dos genótipos nos vários ambientes é um fenômeno natural conhecida como interação de genótipos por ambientes (G x E) (Eberhart & Russel, 1966) e seus efeitos permitem a identificação de genótipos estáveis e aptos a um ambiente específico, assim como de comportamento geral, aptos a vários ambientes.

Diferentes abordagens vem sendo trabalhadas nos estudos de caracterização e avaliação de genótipos. O contexto dos modelos lineares mistos REML/BLUP (em inglês, *residual maximum likelihood/best linear unbiased prediction*, ou seja, máxima verossimilhança residual/melhor predição linear não viciada) permite a estimação de parâmetros genéticos e a predição dos valores genotípicos dos genótipos sob avaliação. Segundo Resende et al. (1996), este procedimento é bastante recomendável em situações cujos experimentos geram dados desbalanceados ou possuem uma configuração não-ortogonal do delineamento utilizado, como é o caso dos blocos aumentados de Federer (Federer, 1956). Utilizando valores genotípicos, é possível realizar seleção genética, estudos de estabilidade e adaptabilidade associados à produtividade numa única medida e na mesma escala do caráter avaliado, além de permitir estimar a acurácia seletiva e o progresso genético obtido através dos programas de melhoramento (Santos, 2009). O autor salienta ainda que em qualquer situação a utilização de BLUP constitui-se um método igual ou superior aos demais para ordenamento de materiais genéticos, predição de valores genéticos e estimação de ganhos genéticos em programas de melhoramento.

Além das vantagens da metodologia de modelos mistos nos estudos de caracterização de genótipos, tem-se buscado modelos complementares de análises que expliquem melhor o comportamento dos materiais frente às variações. Dentre as opções complementares de análises encontram-se os procedimentos multivariados (Zobel et al., 1988; Crossa, 1990; Gauch & Zobel, 1996; Duarte & Vencovsky, 1999), tais como análise de componentes principais, análise de agrupamento e o método AMMI ("*Additive Main Effects and Multiplicative Interaction*"). Esses procedimentos visam minimizar possíveis erros de estimação e garantir uma maior precisão e eficiência à análise de interação G x E.

Com o conhecimento não só da variação genética dos acessos, mas também do seu comportamento fenotípico, principalmente para aquelas características de maior

interesse agronômico e impacto econômico, aumenta-se o potencial de uso dos acessos pertencentes aos bancos de germoplasma, favorecendo a manipulação e utilização da coleção nuclear desse cereal em programas de melhoramento genético que busquem, entre outros objetivos, a ampliação da base genética da cultura.

Visando o conhecimento detalhado da variabilidade genética presente na CNAE, rica fonte de germoplasma para o desenvolvimento de novas cultivares, grandes esforços vem sendo feitos para a caracterização dos acessos pertencentes, aumentado-se com isso a possibilidade de ligação entre a análise genômica, conservação de germoplasma e os programas de melhoramento (Borba, 2007). Neste sentido, os objetivos deste trabalho foram: 1) avaliar a extensão da variabilidade genética dos 550 acessos constituintes da CNAE por meio da caracterização agronômica em nove experimentos conduzidos em diferentes regiões do Brasil fazendo uso da abordagem de modelos mistos e metodologias multivariadas; 2) verificar a existência de correlação entre a divergência genética entre acessos da CNAE determinada por características agronômicas e moleculares por meio de análise comparativa entre os conjuntos de dados, e 3) identificar genótipos de ampla divergência e com melhores atributos agronômicos, a fim de promover uma melhor utilização destes recursos genéticos em programas de melhoramento.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 A CULTURA DO ARROZ

O arroz é uma gramíneas e compreende uma das maiores culturas cerealíferas do mundo que alimenta mais da metade da população mundial. É responsável por cerca de 20% do consumo mundial de energia e 15% pelo consumo de proteína *per capita* necessária ao homem (Kennedy & Burlingame, 2003). FAO (2004) apontou o Brasil como o maior produtor de arroz da América Latina e o nono maior produtor mundial, sendo parte dos hábitos alimentares do brasileiro já há cerca de um século.

O gênero *Oryza* é uma angiosperma monocotiledônea, considerado o mais rico e importante da tribo *Oryzeae*. É pertencente à subfamília *Oryzoideae*, família *Poacea* (*Graminae*), e é bastante diverso, apresentando diferentes genomas e combinações genômicas (Tabela 1). Possui mais de 20 espécies silvestres, distribuídas espontaneamente em regiões tropicais e subtropicais, porém com apenas duas espécies cultivadas, *O. sativa* L. (2n=24; AA), cultivada no mundo todo, e *O. glaberrima* Steud. (2n=24; AA), cultivada em alguns países da África Ocidental (Lu & Chang, 1980; Lu, 1999).

A maior variabilidade do gênero *Oryza* está representada nas espécies silvestres, que ocorrem em praticamente todos continentes, com exceção da Antártica. Algumas espécies são consideradas primitivas, com distribuição geográfica restrita, e geralmente isoladas, enquanto outras são consideradas mais complexas, com possível processo de especiação mais recente, sendo agrupadas em complexos de espécies (Castro et al., 2005).

Estima-se que o gênero *Oryza* surgiu no mínimo 130 milhões de anos. Porém, a domesticação de suas espécies silvestres começou provavelmente há 9 mil anos, com sinais arqueológicos de indícios de utilização de arroz (cascas ou grãos) datando de 4000 a.C. na Tailândia, 6750 a.C. na Índia e 7040 a.C. na China (Fonseca et al., 2006).

Tabela 1 Tipo de genoma, número de cromossomos e região de origem das espécies do gênero Oryza.

Espécies	Genoma	2n	Região de Origem
Complexo *Oryza sativa*			
O. sativa	AA	24	Ásia
O. glaberrima	AA	24	África
O. barthii	AA	24	África
O. glumaepatula	AA	24	América
O. longistaminata	AA	24	África
O. meridionalis	AA	24	Oceania
O. nivara	AA	24	Ásia
O. rufipogon	AA	24	Ásia
O. perennis	AA	24	Ásia
Complexo *O. officinalis*			
O. punctata	BB / BBCC	24 / 48	África
O. malampuzhaensis	BBCC	.	.
O. minuta	BBCC	48	Ásia
O. eichingeri	CC	24	África
O. officinalis	CC	24	Ásia
O. rhizomatis	CC	24	Ásia
O. alta	CCDD	48	América
O. grandiglumis	CCDD	48	América
O. latifolia	CCDD	48	América
O. australiensis	EE	24	Oceania
O. brachyantha	FF	24	África
Complexo *O. granulata*			
O. granulata	GG	24	Ásia
O. meyeriana	GG	24	Ásia
Complexo *O. ridleyi*			
O. longiglumis	HHJJ	48	Ásia
O. ridleyi	HHJJ	48	Ásia
O. schlechteri	??*	??*	Ásia

* O tipo de genoma desta espécie ainda não foi determinado.
Fonte: Adaptado de Australian Government (2004).

Diversos historiadores e cientistas apontam o sudeste da Ásia como o local de origem do arroz. Na Índia, uma das regiões de maior diversidade e onde ocorrem numerosas variedades endêmicas, as províncias de Bengala, Assam e Mianmar têm sido referidas como centros de origem dessa espécie (Embrapa, 2007).

Devido à ampla distribuição dos parentes silvestres do arroz no sul e sudeste da Ásia, na Austrália e nas Américas Central e do Sul tem sido apresentada a hipótese de ter existido um genitor comum nas regiões úmidas do super-continente Gondwana, antes de sua fragmentação e deriva (que posteriormente originou os continentes Asiático, Africano, Americano, Australiano e Antártico (Chang, 1976).

Duas formas silvestres são apontadas na literatura como precursoras do arroz cultivado: a espécie *Oryza rufipogon*, procedente da Ásia, originando *O. sativa*; e *Oryza barthii* (= *Oryza breviligulata*), derivada da África Ocidental, dando origem *O. glaberrima* (Embrapa, 2008).

Acredita-se que o arroz tenha se propagado do Sudeste Asiático para a China por volta de 3000 a.C., de onde foi levado para a Coréia e para o Japão (Castro et al., 2005). A partir da Ásia o arroz foi introduzido também na Grécia em 324 a.C., e posteriormente na Europa, onde somente no século XV passou a ser cultivado em maior escala (Khush, 1997).

A espécie *Oryza sativa* L. foi domesticada na Ásia, onde evoluiu sob forte pressão de seleção natural e artificial, diversidade climática, de solos e práticas culturais, o que levou a um aumento da diversidade em arroz, contribuindo inclusive para a diversificação do tipo de cultivo, como o irrigado e o sequeiro. Foram originados vários grupos ecogeográficos, entre eles as subespécies *indica* e *japonica* (Kato et al., 1928, citados por Chang & Bardenas, 1965), pertencentes a dois *pools* gênicos parcialmente isolados. Essas subespécies apresentam sincronia em sua diferenciação morfológica, fisiológicas e molecular (Li et al., 2000; Abadie et al., 2005) podendo algumas vezes diferenciar as cultivares de cada uma delas, como por exemplo, quanto ao tipo e forma de grãos e coloração das folhas. No entanto, muitas das características fenotípicas apresentam-se inconsistentes na diferenciação das subespécies.

A subespécie *indica* é amplamente cultivada em regiões tropicais e subtropicais, região central e sudeste da China, na Índia, nas Filipinas e em Taiwan (Miranda Filho & Nass, 2001). Morfologicamente, caracteriza-se por possuir colmos longos, alta capacidade de perfilhamento, folhas longas e decumbentes, ciclo longo, grãos longos e finos, e mostra-se mais adaptada ao sistema irrigado. A subespécie *japonica* é o grupo varietal mais cultivado nas zonas temperadas (leste e nordeste da China, Japão e Coréia) (Miranda Filho & Nass, 2001). Morfologicamente caracteriza-se por apresentar colmos curtos e rígidos, pouca capacidade de perfilhamento, folhas estreitas de cor verde

escura, grãos curtos e espessos, e ciclo curto, sendo mais tolerantes ao frio do que a subespécie *indica*, e também mais adaptados ao sistema de cultivo de sequeiro (Cruz et al., 2006).

Supõe-se que as variações encontradas entre subespécies, estejam associadas à adaptabilidade ambiental diferenciada de ambas (Lu, 1999). Second (1982) comenta sobre as duas principais teorias que explicam a formação das subespécies. A principal considera que a subespécie *indica* originou-se primeiro de ancestrais no Sul ou Sudeste da Ásia, enquanto que a *japonica* se desenvolveu a partir de um tipo adaptado a elevadas altitudes e latitudes. A segunda teoria considera que a diferenciação entre as duas subespécies ocorreu entre os ancestrais silvestres antes que estes fossem domesticados.

Segundo Pereira (2002), existe ainda uma terceira subespécie chamada de *javanica*, que, parece ter sido produto de seleção efetivada na subespécie *indica* encontrado principalmente na Indonésia.

A outra espécie cultivada de arroz, *O. glaberrima*, foi originada nas bacias do delta do Rio Nilo no Oeste da África, sendo seu ancestral a espécie *O. barthii* (Sarla & Swamy, 2005). Segundo Sweeney & McCouch (2007) estudos de diversidade genética utilizando marcadores moleculares demonstraram que o arroz Africano é único, podendo ser facilmente diferenciado do arroz de origem Asiática. O cultivo da *O. glaberrima* no Oeste da África se dá, tradicionalmente, em várzeas e terras altas e terras baixas por irrigação, e registros históricos mostras que datam 3.500 anos. Os sistemas modernos de cultivo de arroz não são adequados para a *O. glaberrima* principalmente porque ela apresenta baixa produtividade e estrutura de panícula inadequada, com grãos que se desprendem com grande facilidade. No entanto, essa espécie é mais bem adaptada aos estresses bióticos e abióticos da região africana, além de possuir características importantes, tais como elevado vigor de planta, que lhe permite competir com ervas daninhas, tolerância à seca, resistência a insetos e doenças e a habilidade de se desenvolver em ambientes variados (Sarla & Swamy, 2005),

As espécies silvestres que possuem genoma AA são tidas como importante reservatório de alelos que podem ser transferidos para o arroz cultivado (*O. sativa*) especialmente porque, por compartilharem o mesmo tipo de genoma, podem ser mais facilmente cruzadas, reduzindo problemas de esterilidade e incompatibilidade gamética que ocorrem com grande frequência em cruzamentos entre espécies que possuem genomas diferentes (Brar & Kush, 1997).

Inicialmente, o arroz foi cultivado em solo sem inundação. Foi na China que o processo de alagamento do solo e transplantio de plântulas foi aperfeiçoado, o que tornou o arroz plenamente domesticado. O cultivo do arroz nas Américas teve início em data pós-colombiana e foi trazido por espanhóis, portugueses e holandeses (Fonseca et al., 2006).

O arroz é hoje cultivado em praticamente todos os continentes, e com adaptação à diversos ecossistemas. No Brasil este cereal foi introduzido pelos portugueses durante o período colonial, e atualmente é cultivado principalmente sob os sistemas de cultivo irrigado e sequeiro (ou de terras altas). No Brasil, a maioria das cultivares de arroz de terras altas pertence à subespécie *japonica* tropical, enquanto que a maioria das cultivares de arroz irrigado pertencem à subespécie *indica* (Khush, 1997).

Assim como para diversas outras culturas, a manutenção da diversidade genética do arroz é assegurada por processos de conservação. É de extrema importância a manutenção dessas espécies na condição *in situ* para que possam continuamente evoluir frente às mudanças ambientais e produzir novas associações alélicas que poderão ser melhor adaptadas aos novos tempos. Entretanto, para prevenir e evitar que partes importantes dos recursos genéticos vegetais sejam irremediavelmente perdidas em função de imprevistos ambientais e extermínio de populações inteiras, não menos importante apresentam-se os processos de conservação *ex situ*. Além disso, uma vez avaliada, organizada e disponibilizada à comunidade científica, a variabilidade dos recursos genéticos pode propiciar ganhos econômicos expressivos para as culturas envolvidas.

A maior parte da diversidade genética de arroz conservada *ex situ* é mantida nos bancos de germoplasma, com aproximadamente 230.000 acessos preservados no mundo inteiro, tendo o IRRI (*International Rice Research Institute*), localizado nas Filipinas, o maior acervo, com cerca de 108.000 acessos. No Brasil, a coleção base do banco de germoplasma de arroz é mantido pela Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia em Brasília, enquanto que a coleção ativa é mantida pela Embrapa Arroz e Feijão em Goiânia (Fonseca et al., 2006).

2.2 RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS

Os primeiros relatos sobre a preocupação com a diversidade genética presente nos recursos genéticos vegetais são direcionados aos trabalhos de Nikolai Ivanovich

Vavilov por volta de 1920, época em que iniciou expedições pelo mundo para estudar a distribuição geográfica das plantas cultivadas e avaliar a diversidade nelas existentes. Os recursos fitogenéticos são responsáveis pelo suprimento das necessidades básicas, constituindo assim, base da subsistência da humanidade. Entretanto, maior interesse sobre os recursos genéticos vegetais, em termos mundiais, só foi verificado a partir da década de 1960, decorrente da crescente perda de variabilidade principalmente pela destruição de habitats e/ou uso inadequado das riquezas naturais (Nass, 2001).

O termo recurso genético vegetal refere-se à variabilidade de plantas, integrante da biodiversidade, de interesse sócio-econômico atual ou potencial para a utilização em programas de melhoramento genético, biotecnologia e outras ciências afins (Valois et al., 1996). Da diversidade global de espécies vegetais superiores estima-se que existam cerca de 300 mil a 500 mil espécies, com 250 mil já identificadas ou descritas. Destas, aproximadamente 30 mil são consideradas comestíveis e apenas 7 mil delas já foram coletadas ou cultivadas para utilização humana, seja na alimentação, uso medicinal, vestuário, construção ou ornamental (Jaramillo & Baena, 2000; Barbieri, 2003).

Os recursos genéticos vegetais são considerados verdadeiros reservatórios de genes e funcionam como matéria-prima para o desenvolvimento da agricultura mundial, servindo à segurança alimentar futura e no abastecimento de fontes de genes de interesse para os programas de melhoramento das culturas. Daí sua importância e necessidade de conservação. Neste processo, diversas estratégias são adotadas para a organização e manutenção da variabilidade genética, e entre as atividades predominantes encontram-se a conservação *in situ* (no local de origem) e conservação *ex situ* (fora do local de origem). A seleção da estratégia de conservação varia conforme objetivos e prioridades, sendo importantes considerá-las como complementares para constituir parte do programa para maximizar a utilização dos recursos genéticos disponíveis na natureza.

Define-se conservação *in situ* como a ação de conservar plantas e/ou animais em suas comunidades naturais, onde as espécies estão sob influência diretas das forças seletivas da natureza e, portanto, em contínuo processo adaptativo e evolutivo que ocorrem nas populações envolvidas, produzindo novas associações alélicas. Já a conservação *ex situ* é realizada fora do ambiente natural da espécie, de maneira a aumentar o seu período de sobrevivência e manter sua estabilidade genética (Hoyt, 1992). Deve ser realizada de forma sistemática e periódica, a fim de conter os grandes prejuízos causados pela erosão genética decorrente de ações antrópicas. Neste tipo de conservação utilizam-se diferentes estruturas

na manutenção da variabilidade genética, e grande parte desta riqueza é manejada e organizada nos bancos de germoplasma, que vem a ser composições físicas onde são armazenadas coleções do material genético de uma espécie sob a forma de células, sementes ou tecidos com potencial para reprodução, plantas ou partes destas (Borém & Vieira, 2005).

Uma coleção de germoplasma é utilizada para fins de conservação, pesquisa, caracterização, avaliação e uso, cujos objetivos são reduzir a erosão genética, conservar fontes de genes para uso futuro e identificar e caracterizar genótipos para utilização em programas de melhoramento e sistemas agrícolas (Barbieri et al., 2005). Cada amostra de germoplasma, denominada de acesso, constitui-se uma representação de parte do patrimônio genético de uma espécie, e pode ser composto por parentes silvestres das plantas cultivadas, por variedades obsoletas ou antigas, por variedades locais (variedades crioulas ou *landraces*), por linhagens avançadas de programas de melhoramento e por cultivares elite atuais (Hoyt, 1992). A conservação e o uso de recursos genéticos vegetais no Brasil enfrentam grandes desafios nas áreas de coleta, enriquecimento, conservação, caracterização, valoração e uso. O desconhecimento do valor dos recursos genéticos vegetais constitui o principal componente do risco de perdas irreversíveis à diversidade genética, o que torna cada vez mais importante a atuação em pesquisas que enfoquem a manutenção e estudo da diversidade genética encontrada na natureza e armazenada nos bancos de germoplasma.

Coleção Nuclear de Arroz da Embrapa (CNAE)

Um banco de germoplasma normalmente apresenta um grande número de acessos o que torna impraticável a obtenção conjunta de dados de caracterização fenotípica e genotípica em toda a coleção. No entanto, a utilização de uma amostragem representativa da variabilidade genética da coleção completa, por meio de uma coleção nuclear, representa uma alternativa para o estudo detalhado dos genótipos. Uma coleção nuclear consiste de um subgrupo de acessos de qualquer coleção de germoplasma que incorporam, com o mínimo de redundância, a diversidade genética de uma cultura (Frankel, 1984). O reduzido número de acessos apresenta-se como a grande vantagem de uma coleção nuclear, o que possibilita um estudo mais detalhado de seus acessos componentes, tanto agronômica quanto molecularmente. Além de facilitar a identificação de possíveis acessos

em duplicata, a avaliação mais detalhada facilita também a detecção de falta de representatividade quanto a características agronômicas de interesse e de reduzida variabilidade genética em algum ponto do genoma. Essas informações podem ser utilizadas como parâmetro orientador no manejo contínuo para a ampliação da variabilidade genética das coleções nucleares e seleção de genótipos para os programas de melhoramento.

A Coleção Nuclear de Arroz da Embrapa (CNAE) foi estabelecida por Abadie et al. (2005), estruturada a partir dos 10 mil acessos do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) dessa instituição. A CNAE é composta por 550 acessos subdivididos em três estratos: 1) 94 Linhagens e Cultivares Brasileiras (LCB), compreendido por genótipos melhorados por programas de melhoramento da Embrapa e outras instituições brasileiras; 2) 148 Linhagens e Cultivares Introduzidas (LCI), constituído por genótipos provenientes de programas de melhoramento de outros países; e 3) 308 Variedades Tradicionais (VT), que reúne acessos obtidos por expedições de coleta de germoplasma realizadas em vários estados do Brasil, durante o período de 1979 a 2002. Dentro desses estratos, os acessos de arroz ainda foram divididos conforme sistemas de cultivo: irrigados (I), e sequeiro (S) (ou de terras altas). No estrato VT, foram incluídos ainda acessos que podem ser cultivados tanto no sistema de terras altas quanto irrigado, e cujo classificação foi denominada como de sistema facultativo (F) (Abadie et al., 2005; Brondani et al., 2006a).

Pela grande diversidade existente entre os acessos de uma coleção nuclear é de grande importância a possibilidade de exploração de todo potencial genético oferecido nesse tipo de acervo. A caracterização detalhada permitirá identificar os acessos com maior chance de contribuir para a ampliação da base genética de linhagens para os programas de melhoramento. Informações adicionais sobre descrição e dados experimentais dos acessos podem ser encontrados num banco de dados *on line* (Embrapa, 2007).

2.3 AVALIAÇÃO E CARACTERIZAÇÃO DE ACESSOS DE BANCOS DE GERMOPLASMA

A necessidade de conservação da variabilidade genética disponível está diretamente relacionada à demanda agrícola e importância econômica de certos produtos. Para um eficiente processo de conservação e utilização dos recursos genéticos do arroz, faz-se necessário determinar a extensão da variabilidade genética entre e dentro dos

acessos existentes, identificar fontes úteis de resistência ou tolerância a estresses bióticos e abióticos e providenciar um acesso fácil à informação do banco de germoplasma (Williams, 1989).

Valls (1988) trata o processo de caracterização e avaliação de acessos como constituinte de cinco etapas correlacionadas e consecutivas, que se inicia com uma identificação botânica precisa da espécie, seguida da elaboração de cadastro para o registro de informações iniciais básicas. A partir de então, parte-se para as atividades de caracterização, avaliação agronômica preliminar, e finalmente, realizar as avaliações complementares.

A caracterização é uma atividade essencial no manejo de coleções de germoplasma, que tem a finalidade de obter dados para descrever, identificar e diferenciar acessos dentro de espécies, classes ou categorias (Vicente et al., 2005). Além da caracterização fenotípica, para caracteres agronômicos de interesse, a caracterização genotípica pode ser utilizada para estimar o grau de relacionamento genético entre diferentes materiais e auxiliar a administração, condução e manipulação de genótipos, com a finalidade de maximizar a variabilidade e potencialidade genética disponíveis para uso em processos de conservação de germoplasma e programas de melhoramento genético de plantas. Conforme Dias (1994), a caracterização por meio de marcadores moleculares, combinada à obtida por descritores morfológicos e agronômicos, parece mais apropriada para estudo de diversidade em bancos e coleções de germoplasma.

2.3.1 Caracterização agronômica

A caracterização agronômica tem sido realizada em coleções de germoplasma a fim de gerar informações sobre a descrição comportamental fenotípica e a classificação dos acessos conservados. Grande relevância é direcionada para a avaliação de caracteres de maior importância agronômica, com a identificação de genótipos específicos desejáveis e quantificação da diversidade disponível. Essas características irão, principalmente, subsidiar e facilitar a seleção de acessos de potencial interesse em programas de melhoramento genético (Idris & Saad, 2001).

A caracterização de acessos tem sido feita tradicionalmente, com utilização de descritores fenotípicos que sejam altamente herdáveis, facilmente mensuráveis e que sejam expressos em todos os ambientes (Brondani et al., 2003). Neste tipo de caracterização,

tem-se frequentemente utilizado estatísticas univariadas para quantificar a diversidade. Já para características agronômicas geneticamente complexas e que sofrem forte influência dos efeitos do ambiente, a caracterização é feita em fases mais avançadas de avaliação, normalmente quando há necessidade de identificar genótipos que possuam genes especiais ou alelos raros para os programas de melhoramento.

Além de gerarem informações sobre cada acesso, a avaliação e a caracterização objetivam também mensurar a variabilidade genética e fenotípica presentes em coleções de germoplasma. Com esses estudos são obtidas informações para identificação da necessidade ou não de se acrescentar maior quantidade de acessos às coleções, para selecionar materiais ou grupos de destaque para o melhoramento genético, e para identificar semelhanças entre genótipos e/ou possíveis duplicatas (Karia, 2008). Se os dados forem analisados conjuntamente às informações dos locais de coleta dos acessos, podem-se identificar os locais de grande diversidade, locais que necessitam de maiores amostragens, além de possibilitar a investigação da influência ambiental sobre a variabilidade genética e fenotípica (Hidalgo, 2003).

As atividades de caracterização têm convergido para avaliações de caracteres morfo-agronômicos, uma alternativa em que num mesmo campo avaliativo incluem-se caracteres morfológicos e agronômicos (Chiorato et al., 2005; Vieira et al., 2006; Costa et al., 2006; Vieira, 2007; Oliveira et al., 2007; Bertan et al., 2007; Karia et al., 2008). Estes últimos são caracteres qualitativos e/ou quantitativos importantes do ponto de vista das necessidades agronômicas, ou seja, para o melhoramento genético, consumo e mercado (Hidalgo, 2003). Para Karia (2008), uma prática que pode ocorrer é a inclusão de descritores relacionados com componentes de rendimento na tentativa de prover ao melhorista indicações sobre o potencial agronômico produtivo dos acessos em conservação.

2.3.2 Caracterização molecular

Além da caracterização fenotípica, a caracterização genotípica pode ser utilizada para estimar o grau de relacionamento genético entre diferentes materiais e auxiliar a administração, condução e manipulação de genótipos, com a finalidade de maximizar a variabilidade e potencialidade genética disponíveis para uso em processos de

conservação de germoplasma e programas de melhoramento genético de plantas. (Brondani et al., 2004).

A utilização de ferramentas moleculares tem proporcionado substanciais avanços no conhecimento científico, e as principais implicações deste avanço se refletem no poder, precisão e rapidez na manipulação da variabilidade genética. Os benefícios são visíveis e conseguem melhor direcionar estudos de enriquecimento da base genética durante atuação em programas de melhoramento, assim como nas avaliações de redundância e deficiências das coleções, gerando informações sobre a eficiência do processo de coleta, manutenção e ampliação de um banco de germoplasma (Phillips & Vasil, 2001).

Em coleções de germoplasma, a caracterização molecular tem sido realizada com vários objetivos, entre os quais na quantificação da diversidade e a determinação da estruturação genética. A interpretação da diversidade pode ser feita por meio de uma medida de dissimilaridade, quase sempre visualizada por métodos de agrupamento, enquanto que os níveis de variação genética podem ser obtidos por vários procedimentos, como pela análise de variância molecular (Oliveira, 2005). Ferreira & Grattapaglia (1998) destacam a utilização dos dados gerados no estabelecimento de coleções nucleares (*core collection*) de espécies, que visam minimizar a repetibilidade da diversidade genética recolhida ao banco de germoplasma da cultura e facilitar o acesso dos genótipos em termos de organização e informação de tais coleções.

O uso de ferramentas biotecnológicas, associadas aos métodos convencionais de avaliação e caracterização de germoplasma, está permitindo explorar a variabilidade genética encontrada em acessos na cultura do arroz, incluindo-se espécies silvestres relacionadas (Rangel et al., 2001). Brondani et al. (2003) destacam sobre os riscos de serem utilizados dados moleculares como única metodologia nos programas de melhoramento para a escolha de genótipos, em que devido ao padrão molecular de determinado genótipo ser o mesmo, independentemente do ambiente, pode levar a interpretações incoerentes quando relacionados às manifestações fenotípicas nos diferentes ambientes, principalmente de caracteres quantitativos. Em estudos de estimativas de distâncias genéticas, a utilização de caracteres morfo-agronômicos, aliada ao emprego de diferentes tipos de marcadores moleculares, tem sido grandemente empregada no enriquecimento dos resultados gerados na avaliação de genótipos de arroz (Zimmer et al., 2003; Areias et al., 2006; Vieira, 2007; Lapitan et al., 2009; Jin et al., 2010).

Várias técnicas de marcadores moleculares vêm sendo utilizadas na caracterização da diversidade e no estudo da estruturação genética de germoplasma vegetal, permitindo maior potencial informativo a respeito dos acessos, que quando associados aos dados fenotípicos, complementam os resultados desejados para os programas de melhoramento, como por exemplo, no planejamento de cruzamentos, agrupamento de genótipos e identificação de híbridos (Ferreira & Grattapaglia, 1998). Dentre os diferentes tipos disponíveis, tem merecido especial destaque e utilização de marcadores que detectam polimorfismo no DNA utilizando amplificação via PCR (*Polymerase Chain Reaction*) (Mullis & Faloona, 1987), sendo uma técnica simples, que pode ser automatizada e requerer quantidades mínimas de DNA. Entre os marcadores baseados em PCR, os SSR (*Simple Sequence Repeats*) ou microssatélites são os mais atrativos, pois além de serem amplamente disponíveis para muitas espécies cultivadas, apresentam natureza codominantes, ou seja, permitem a identificação dos dois alelos de um loco, são abundantes e uniformemente distribuídos pelo genoma, são altamente informativos e facilmente reproduzíveis (McCouch et al., 2002). Tais características os tornam ferramentas poderosas para o mapeamento genético, estudos de diversidade genética e caracterização de germoplasma e de populações naturais (Ferreira & Grattapaglia, 1998).

Para o arroz, já existem mais de 30.000 marcadores SSR disponíveis na base de dados do Gramene (Gramene, 2000), o que permite com facilidade que pontos específicos do genoma possam ser saturados exclusivamente por marcadores deste tipo (Borba, 2007). Grande parte destes marcadores foram obtidos tanto através do projeto internacional de sequenciamento do genoma estrutural e funcional do arroz, quanto de bibliotecas genômicas enriquecidas para sequencias microssatélites (Chen et al., 1997). Isto abriu caminho para o desenvolvimento desse número teoricamente ilimitado de marcadores moleculares mais informativos e capazes de amostrar qualquer região do genoma.

A literatura apresenta inúmeros trabalhos sobre a aplicação dos marcadores moleculares em arroz, abrangendo estudos de determinação de diversidade genética (Zhu et al., 1998; Blair et al., 2002; Brondani et al., 2006b) e caracterização de genótipos (Garland et al., 1999; Lopes, 2002; Vieira, 2007). Estes marcadores foram utilizados ainda na determinação de diferenciação genética entre subespécies (Xu et al., 1998; Li et al., 2006), avaliação da estruturação genética de populações de germoplasma e populações naturais (Garris et al., 2005), estratégias de mapeamento (McCouch et al., 1997; Rangel et al., 2007), construção de mapas altamente saturados para a identificação de características

importantes agronomicamente (Causse et al., 1994; Mohan et al., 1997; Chen et al., 1997), monitoramento da introgressão de genes (Fujita et al., 2009), seleção assistida (Jin et al., 2010), estudo de genômica comparativa (McCouch et al., 2002; Brondani & Brondani, 2006; Yuan et al., 2007; Lakshimi et al., 2010), diferenciação entre acessos de bancos de germoplasma (Jain et al., 2004; Xu et al., 2004; Saini et al., 2004; Borba et al., 2005; Borba et al., 2009), análise de regiões associadas a características relacionadas à qualidade de grãos (Jain et al., 2006), análise do potencial de transferibilidade de SSR de arroz a espécies do gênero *Oryza* (Brondani et al., 2002; 2003) e identificar a presença de heterogeneidade entre acessos (Olufowote et al., 1997).

2.4 ANÁLISES GENÉTICO-ESTATÍSTICAS DA DIVERSIDADE GENÉTICA

Define-se diversidade genética como a amplitude de variação genética existente para uma determinada espécie. Para garantir a eficiência, seja de processos de conservação, seja de programas de melhoramento, é necessário um conhecimento detalhado da constituição e diversidade genética da espécie em estudo, identificando a variabilidade e sua interação com o ambiente, com o propósito de facilitar a obtenção de genótipos superiores ou com características desejáveis específicas (Milach, 1998; Cardoso, 2007).

A caracterização e quantificação da diversidade genética em germoplasma vegetal tem sido uma importante atividade, pois é essencial para uma utilização racional dos recursos genéticos. Além disso, a análise da variação genética entre os materiais de melhoramento é de fundamental interesse para os melhoristas de plantas, pois contribui imensamente nos processos de seleção, monitoramento de germoplasma, e também na predição de potenciais ganhos genéticos (Ram et al., 2007).

A avaliação dos bancos de germoplasma pode ser realizada segundo diferentes enfoques, estando entre os mais comuns a análise da diversidade genética, o estudo da divergência genética e classificação dos acessos da coleção (Moreira et al., 1994). Nesse processo, torna-se necessária a padronização metodológica, uma pressuposição de toda pesquisa científica, que envolve a avaliação estatística das informações obtidas, explorando-as a fim de permitir uma inferência sobre o comportamento dos dados.

Entre as metodologias adotadas para o estudo das coleções de germoplasma encontram-se as baseadas em estatística uni e multivariada. A estatística univariada consiste na avaliação de variáveis, trabalhando-se com cada uma de forma isolada. Por outro lado, na estatística multivariada são utilizados vários caracteres, sendo a análise realizada com uma visão global das relações entre as variáveis com seus efeitos na determinação dos resultados.

Em atividades de caracterização de acessos de bancos de germoplasma tem-se frequentemente utilizado técnicas de estatística univariada para quantificar a diversidade, principalmente nas etapas iniciais em que se usam tradicionalmente dados de descritores botânicos, morfológicos e agronômicos. Contudo, a estatística univariada tem baixa eficiência para aproveitamento máximo dos dados, devido aos efeitos ambientais e interações genótipos x ambientes, o que pode gerar dificuldades na determinação da diversidade, na seleção de indivíduos desejáveis e na decisão de medidas que visem a redução de custos e otimização das coleções (Oliveira, 2005). Para contornar esta limitação, novas abordagens têm sido feitas para complementar as avaliações, que vão desde a adoção de procedimentos multivariados, que segundo Dias (1994), avaliam o indivíduo na sua multidimensionalidade, proporcionando uma visão holística de cada genótipo, incluindo também a aplicação de marcadores moleculares, que fornecem um estudo direto do genótipo pela detecção de diferenças em nível de DNA, evitando as dificuldades provocadas por efeitos das interações genótipos x ambientes.

Pela possibilidade em se trabalhar conjuntamente com um grande número de caracteres, sejam eles qualitativos ou quantitativos, incluindo a participação de dados moleculares, a abordagem multivariada tem sido amplamente difundida.

2.4.1 Análise estatística multivariada

Técnicas analíticas multivariadas permitem a manipulação simultânea de múltiplas medidas obtidas de cada indivíduo sob investigação e são amplamente utilizadas em estudos de diversidade, independentemente do tipo de dados analisados, sejam eles morfológicos, agronômicos, bioquímicos ou marcadores moleculares. A escolha do método mais adequado tem sido determinada pelo detalhamento exigido pelo pesquisador, pela facilidade da análise e pela forma como os dados foram obtidos (Cruz et al., 2004).

A utilização de estatísticas multivariadas na complementação de análises que estimam a distância genética em um conjunto de genótipos avaliados, tem se revelado promissora pela possibilidade de reunir diversas variáveis em uma só análise. Entre as principais técnicas empregadas no processo de seleção de genótipos estão as medidas de distância genética com base em caracteres fenotípicos, que podem ser analisadas, por exemplo, por meio de análise de componentes principais ou análise de agrupamento (Magalhães Jr., 2007).

Aliada às avaliações de distância genética é importante também, principalmente em estudos destinados a caracterização e escolha de potenciais genitores, que os genótipos apresentem elevado desempenho individual e aspectos de adaptabilidade e estabilidade para produtividade e caracteres de interesse. Muitas dessas avaliações tem sido feitas por meio do comportamento dos genótipos frente a vários locais, e dentre as técnicas utilizadas está o modelo dos efeitos aditivos e interação multiplicativa (AMMI), que consegue com bastante eficiência tratar as influências das interações genótipos x ambientes (Duarte & Vencovsky, 1999).

Estudos de caracterização e distância genética por meio de técnicas multivariadas já podem ser encontradas para diversas espécies como arroz (Zimmer et al., 2003; Magalhães Jr., 2007; Morais et al., 2008), milho (Cardoso, 2007), feijão (Fonseca & Silva, 1999; Oliveira et al., 2008), trigo (Reis et al., 1999; Bertan et al., 2007), aveia (Vieira et al., 2005), pimenta (Sudré et al., 2005) e caju (Pessoni, 2007). Dentre os métodos mais utilizados por uma abordagem multivariada estão as análises por componentes principais e de variáveis canônicas, e os métodos de agrupamento (Cruz et al., 2004).

Análise de componentes principais

Análise de Componentes Principais (ACP) é uma técnica estatística que transforma um conjunto de p variáveis em um conjunto com número menor (k) de variáveis aleatórias não correlacionadas. Essas variáveis podem explicar uma parcela substancial das informações do conjunto original. As p variáveis Y_1 ,Y_2 ,...,Y_P são denominadas componentes principais, de modo que Y_1 é aquela que explica a maior parcela da variabilidade total dos dados, Y_2 explica a segunda maior parcela e assim por diante (Barroso, 2003).

A ACP é uma técnica estatística essencialmente descritiva, aplicada a uma matriz de dados quantitativos multivariados. Entre os objetivos de uma análise de componentes principais estão a redução da dimensão dos dados originais e facilitar a interpretação da análise realizada. É um procedimento que permite a visualização da estrutura das variáveis de uma matriz de dados, pela identificação das variáveis que estão mais associadas entre si, pela distribuição dos indivíduos e identificação dos genótipos mais divergentes e mais semelhantes uns dos outros, e pela identificação das variáveis que mais contribuem para a diferenciação dos acessos (Karia, 2008).

A análise de componentes principais tem sido aplicada na área de recursos genéticos vegetais para várias espécies como arroz (Vieira, 2007), milho (Cardoso, 2007), mandioca (Pereira, 1989; Cury, 1993), cajueiro (Barros, 1991; Pessoni, 2007), capim estilosantes (Karia, 2008), dentre outras (Oliveira, 2005). A ACP também pode ser empregada na seleção de descritores utilizados na caracterização e avaliação em coleções de germoplasma, na estimação da variabilidade total disponível em um grupo de genótipos, na identificação de genitores para hibridação e no estabelecimento das relações entre diversidade genética e geográfica (Alves, 2002; Chiorato et al., 2005; Karia, 2008).

Análise de agrupamento

Os métodos de agrupamento têm por finalidade separar os elementos de um grupo original de observações em vários subgrupos, de forma a obter homogeneidade dentro e heterogeneidade entre os subgrupos formados. É uma análise também conhecida como análise de conglomerados ou de classificação, e envolve duas etapas básicas: a estimativa de uma medida de similaridade ou de dissimilaridade entre os indivíduos ou acessos e a adoção de uma técnica de agrupamento para a formação dos grupos (Cruz & Carneiro, 2003).

Existe uma grande quantidade de métodos de agrupamento e eles são classificados conforme critério adotado para a formação dos grupos, e dentre os empregados em maior escala em programas de melhoramento estão os divididos em hierárquicos e os de otimização (ou não hierárquicos).

Os métodos de agrupamento não hierárquico têm como objetivo encontrar diretamente uma partição de *n* elementos de *k* grupos, de modo que a partição satisfaça os requisitos de coesão interna (dentro dos grupos) e isolamento dos grupos formados (Karia,

2008). Nos métodos não hierárquicos o número de grupos deve ser previamente definido e em cada estágio do agrupamento, novos grupos podem ser formados através da divisão ou junção dos grupos já formados em passos anteriores e, como consequência, não é possível a construção de dendrogramas (Mingoti, 2007). De um modo geral, este método apresenta maior capacidade para analisar conjunto de dados de maior tamanho, e entre as técnicas mais utilizadas nesta classe de agrupamento estão os métodos de Tocher e o das *k*-médias.

Nos métodos hierárquicos, os genótipos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis, em que os dados são particionados sucessivamente, produzindo uma aglomeração hierárquica, sem preocupação com o número ótimo de grupos (Magalhães Jr., 2007). Posteriormente é estabelecido um dendrograma para representar a estrutura formada pelo agrupamento dos dados. As delimitações do dendrograma podem ser estabelecidas por um exame visual em que se avaliam pontos de alta mudança de nível, tomando-os em geral como delimitadores do número de genótipos para determinado grupo (Cruz & Carneiro, 2003).

Os métodos hierárquicos são os mais usados e conhecidos dentre os quais podem ser citados o método do vizinho mais próximo ou de ligação simples, o método do vizinho mais distante ou método de ligação completa, o método da média das distâncias sem ponderação UPGMA e o método de Ward. Na área do melhoramento de plantas este último método tem ganhado cada vez mais adeptos e um dos motivos é a possibilidade de se trabalhar com grande quantidade e com todas variáveis disponíveis, além de ser melhor processado a partir da matriz de dados originais, em vez da matriz de similaridade ou dissimilaridade.

O método de Ward (Ward, 1963) consiste em um procedimento de agrupamento hierárquico no qual a medida de similaridade usada para juntar grupos é calculada como a soma de quadrados entre os dois agrupamentos feita sobre todas as variáveis (Hair et al., 2005). Em cada estágio, combinam-se os dois agrupamentos que apresentarem menor aumento na soma global de quadrados, atingindo sempre o menor erro interno entre os vetores que compõe cada grupo e o vetor médio do grupo. Isto equivale a buscar o mínimo desvio padrão entre os dados de cada grupo. Como resultado, podem-se obter agrupamentos com regiões bem definidas, que possibilitam a observação de proximidades de acessos com características semelhantes, e ainda permite mostrar como se comportaram os dados, ou seja, a existência de algum padrão ou grau de organização dentro do conjunto de acessos estudados.

Análise AMMI

É crescente o emprego de técnicas multivariadas no processo de avaliação de genótipos frente aos vários locais. A interação de genótipos com ambientes (G x E) representa uma das maiores dificuldades em atividades de seleção nos programas de melhoramento e várias metodologias tem sido propostas no sentido de melhor entender os seus efeitos, sendo o modelo AMMI (*aditive main effects and multiplicative interaction analysis*) uma boa alternativa para melhoria da eficácia de análises de interação G x E. Conforme Gauch & Zobel (1996), a análise AMMI pode ajudar tanto na identificação de genótipos de alta produtividade e largamente adaptados, como de genótipos de adaptações específicas, podendo ser também eficiente na realização do chamado zoneamento agronômico ou estratificação de ambientes, com fins de recomendação regionalizada e seleção de locais de teste.

O procedimento AMMI utiliza a combinação de duas técnicas estatísticas, uma baseada em estatística univariada, a análise de variância (ANOVA), e outra em estatística multivariada, a análise de componentes principais (ACP), destaca-se pelo maior conjunto de interpretações técnicas disponíveis na análise (Duarte & Vencovsky, 1999).

Zobel et al. (1988) sustentam que o método AMMI permite uma análise mais detalhada da interação G x E, garante a seleção de genótipos produtivos (capazes de capitalizar interações positivas com ambientes), propicia estimativas mais precisas das respostas genotípicas e possibilita uma fácil interpretação gráfica dos resultados da análise estatística. Sumariamente, essa análise tem por objetivo selecionar modelos que expliquem o padrão subjacente à interação, em termos de sua soma de quadrados, descartando os ruídos presentes nos dados e sem interesse agronômico (Duarte & Vencovsky, 1999).

É crescente o número de trabalhos utilizando a abordagem AMMI e cada vez mais em cultura como arroz (Mahalingam et al., 2006; Morais et al., 2008; Shahidullah et al., 2009), soja (Oliveira et al., 2003; Pacheco et al., 2005; Silva & Duarte, 2006), milho (Crossa et al., 1990; Silva et al., 2002; Souza, 2004) e milho pipoca (Miranda et al., 2009).

2.4.2 Metodologia de modelos mistos

Um modelo estatístico é caracterizado como misto, quando nele há ocorrência de efeitos fixos e aleatórios, além da média (sempre fixa) e do erro experimental (sempre

aleatório). A definição de um modelo como fixo, aleatório ou misto está associada à possibilidade de estimar ou predizer o comportamento de efeitos fixos ou variáveis aleatórias para um conjunto de observações (White & Hodge, 1989). O efeito é tomado como aleatório se os níveis observados podem ser assumidos como uma amostra de uma determinada população, ou seja, uma amostra aleatória com uma assumida distribuição de probabilidade (distribuição normal) (Resende, 2002). Duarte & Vencovsky (2001) exemplificam as atribuições aos efeitos, referindo-se aos experimentos de delineamento experimental em blocos, sendo os tratamentos, os genótipos a serem analisados, distribuídos em blocos completos ou incompletos. Neste modelo, o efeito do bloco (*b*) é assumido como fixo e o de tratamento (*g*) como aleatório. Isso caracteriza o que se conhece na literatura por um modelo misto, pois incorpora uma mistura de tipos de efeitos, fixos e aleatórios.

Os efeitos ambientais podem ser considerados fixos ou aleatórios no melhoramento genético, enquanto que os efeitos genéticos ou de tratamentos recomendam-se que sejam preferencialmente considerados como de efeitos aleatórios. Com isso, há a possibilidade de extrapolar os valores de uma amostra (variância e média) como sendo de toda uma população (Smith et al., 2001).

O procedimento padrão de estimação de componentes de variância no contexto dos modelos lineares mistos é o da Máxima Verossimilhança Residual (REML) sendo que o procedimento ótimo de predição de valores genéticos é o BLUP – Melhor Predição Linear não Viesada, daí o uso da expressão REML/BLUP (em inglês, *residual maximum likelihood/best linear unbiased prediction*) comumente designada para tratar as avaliações via modelos mistos (Resende, 2000). Estes procedimentos permitem a estimação de parâmetros genéticos e a predição dos valores genotípicos dos genótipos sob avaliação. Segundo Resende et al. (1996), este procedimento é bastante recomendável em situações cujos experimentos geram dados desbalanceados, seja por número de repetições ou tratamentos, quando em experimentos de várias localidades, permitindo assim, lidar com estruturas complexas de dados (medidas repetidas, diferentes anos, locais e delineamentos), ou possuem uma configuração não-ortogonal do delineamento utilizado, como é o caso dos blocos aumentados de Federer (Federer, 1956).

Utilizando valores genotípicos, é possível realizar seleção genética, estudos de estabilidade e adaptabilidade associados à produtividade numa única medida e na mesma escala do caráter avaliados. Permite também estimar a acurácia seletiva e o progresso

genético obtido através dos programas de melhoramento (Santos, 2009). O autor salienta ainda que em qualquer situação a utilização de BLUP constitui-se um método igual ou superior aos demais para ordenamento de materiais genéticos, predição de valores genéticos e estimação de ganhos genéticos em programas de melhoramento.

A importância das estimativas de parâmetros genéticos pelo método REML, nos modelos mistos, é que essa metodologia gera estimativas não tendenciosas dos parâmetros (Schaeffer, 1999). Outra grande vantagem desses modelos é que eles consideram a covariância genética entre as observações e ponderam os genótipos com desigual número de informações. Isso faz da avaliação genética (predição de valores genéticos) pelos modelos mistos, um instrumento mais eficaz que o da avaliação partindo de estimativas pelo método dos quadrados mínimos (Resende, 2000). Adotando-se a metodologia BLUP, possibilita-se a maximização da acurácia seletiva, minimizando o erro de predição. Neste caso ainda, haveria maximização da probabilidade em selecionar o melhor entre dois indivíduos ou entre vários indivíduos (Resende, 2002; 2004).

2.5 REFERÊNCIAS

ABADIE, T.; CORDEIRO, C. M. T.; FONSECA, J. R.; ALVES, R. B. N.; BURLE, M. L.; BRONDANI, C.; RANGEL, P. H. N.; CASTRO, E. M.; SILVA, H. T.; FREIRE, M. S.; ZIMMERMANN, F. J. P.; MAGALHÃES, J. R. Construção de uma coleção nuclear de arroz para o Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 40, n. 2, p. 129-136, 2005.

AREIAS, R. G. B. M.; PAIVA, D. M.; SOUZA, S.R. & FERNANDES, M. S. Similaridade genética de variedades crioulas de arroz, em função da morfologia, marcadores RAPD e acúmulo de proteína nos grãos. **Bragantia**, Campinas, v. 65, n. 1, p. 19-28, 2006.

AUSTRALIAN GOVERNMENT. The biology and ecology of rice (O*ryza sativa* L.) in Australia. **The office of the gene technology regulator**. 26 p. 2004.

BARBIERI, R. L. Conservação e uso de recursos genéticos vegetais. In: FREITAS, L. B. de; BERED, F. **Genética & Evolução Vegetal**. Porto Alegre: UFRGS, 2003, p. 403- 413.

BARBIERI, R. L.; CASTRO, C. M.; MITTELMANN, A.; MAGALHÃES JÚNIOR, A. M. de; PEREIRA, A. da S.; LEITE, D. L.; CHOER, E.; ANTUNES, I. F.; CASTRO, L. A. S. de. **Conservação ex situ de recursos genéticos vegetais na Embrapa Clima Temperado**. Pelotas: Embrapa Clima Temperado, 2005. 27 p.

BERTAN, I.; VIEIRA, E. A.; CARVALHO, F. I. F. de; OLIVEIRA, A. C. de; SCHEEREN, P. L.; OLIVO, F. Variabilidade genética em trigo aferida por meio da distância genealógica e morfológica. **Scientia Agraria**, Curitiba, v. 8, n. 1, p. 67-74, 2007.

BLAIR, M. W.; HEDETALE, V.; MCCOUCH, S. R. Fluorescent-labeled microsatellite panels useful for detecting allelic diversity in cultivated rice (*Oryza sativa* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 105, n. 2/3, p. 449-457, 2002.

BORBA, T. C. de O. **Análise por marcadores SSR dos grupos de genótipos melhorados e introduzidos da coleção nuclear brasileira do arroz.** 2005. 96 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia: Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2005.

BORBA, T. C. de O.; BRONDANI, R. P. V.; RANGEL, P. H. N.; BRONDANI, C. Evaluation of the number and information content of fluorescent-labeled SSR for rice germplasm characterization. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 2, p. 157–165, 2005.

BORBA, T. C. de O. **Diversidade genética e mapeamento associativo para produção e qualidade de grão dos acessos melhorados da coleção nuclear de arroz da Embrapa.** 2007. 109 f. Tese (Doutorado em Agronomia: Genética e Melhoramento de Plantas)- Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2007.

BORBA, T. C. O.; BRONDANI, R. P. V.; RANGEL, P. H. N.; BRONDANI, C. Microssatellite marker-mediated analysis of the Embrapa rice core collection genetic diversity. **Genetica**, New York, v. 137, p. 293-304, 2009.

BORÉM, A. **Melhoramento de plantas**. Viçosa: UFV, 547 p. 1997.

BORÉM, A. & VIEIRA, M. L. C. **Glossário de biotecnologia**. Viçosa, 2005. 183 p.

BRAR, D. S. & KUSH, G. S. Alien introgression in rice. **Plant Molecular Biology**, Zurich, v. 35, p.35-47, 1997.

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. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 104, n. 6/7, p. 1192-1203, 2002.

BRONDANI, C.; BRONDANI, R. P. V.; RANGEL, P. H. N. **Utilização de marcadores moleculares em programas de ampliação da base genética de espécies cultivadas.** Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão (Documentos 155), 2003. 36 p.

BRONDANI, C.; BRONDANI, R. P. V. Germoplasma: base para a nova agricultura**. Ciência Hoje**, Belo Horizonte, v. 35, n. 207, p.70-73. 2004.

BRONDANI, C.; BRONDANI, R. P. V.; BORBA, T. C. O.; BRUNES, T.; RANGEL, P. H. N.; GUIMARÃRES, E. P. **Utilização de marcadores microssatélites no melhoramento populacional do arroz**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão (Documentos, 169), 2004b. 32 p.

BRONDANI, C.; RANGEL, P. H. N.; BRONDANI, R. P. V.; BORBA, T. C. de O.; MENDONÇA, J. A.; MOURA NETO, F. P. de; FRANCO, D. F.; UTUMI, M. M.; PEREIRA, J. A.; CORDEIRO, A. C. C.; FONSECA, J. R. **Coleção nuclear de arroz da Embrapa: caracterização agronômica.** Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão (Documentos, 189), 2006a. 28 p.

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

BRONDANI, R. P. V. & BRONDANI, C. **Aplicação de tecnologias genômicas baseadas em marcadores microssatélites para discriminação de cultivares e análise de pureza genética em feijoeiro comum.** Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão (Comunicado técnico, 132), 2006. 4 p.

CARDOSO, W. S. **Variabilidade de genótipos de milho quanto à composição de carotenóides nos grãos visando a biofortificação.** 52 f. 2007. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) - Universidade Federal de Viçosa – MG, 2007.

CASTRO, E. M.; BRESEGHELLO, F.; RANGEL, P. H. N.; MORAES, O. P. Melhoramento do Arroz. In: BORÉM, A. (Ed). **Melhoramento de espécies cultivadas.** 2. ed. Viçosa, UFV, cap. 3. p. 103-140, 2005.

CAUSSE, M. A.; FULTON, T. M., CHO, Y. G.; AHN, S. N.; CHUNWONGSE, J., WU, K., XIAO, J., YU, Z., RONALD, P. C.; HARRINGTON, S. E.; SECOND, G.; MCCOUCH, S.R.; TANKSLEY, S. D. Saturated molecular map of the rice genome based on an interspecific backcross population. **Genetics**, Pittsburgh, v. 138, p.1251-1274, 1994.

CHANG, T. T.; BARDENAS, E. A. **The morphology and varietal characteristics of the rice plant.** Los Banos: IRRI, 1965. 40 p. (IRRI. Technical Bulletin, 4).

CHANG, T. T. **Manual on genetic conservation of rice germplasm for avaluation and utilization**. Los Banos: IRRI, 1976. 77 p.

CHEN, X.; TEMNYKH, S.; XU, Y.; CHO, Y. G.; MCCOUCH, S. R. Development of a microsatellite framework map providing genome-wide coverage in rice (*Oryza sativa* L). **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 95, n. 4, p. 553-567, 1997.

CHIORATO, A. F.; CARBONELL, S. A. M.; DIAS, L. A. dos S.; RESENDE, M. D. V.; MORAIS, L. K. de; MISSIO, R. F. Estimativas de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos em cultivares/linhagens de feijoeiro. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 3., 2005, Gramado. **Anais.** Passo Fundo: Embrapa Trigo; [S.l.]: Sociedade Brasileira de Melhoramento de Plantas, 2005. 1 CD-ROM. Resumo e pôster da Área 1 - Espécies Anuais.

COSTA, M. N. da; PEREIRA, W. E.; BRUNO, R. L. A.; FREIRE, E. C.; NOBREGA, M. B. M.; MILANI, M.; OLIVEIRA, A. P. de. Divergência genética entre acessos de cultivares de mamoneira por meio de estatística multivariada. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 41, n. 11, p. 1617-1622, 2006.

CROSSA, J.; GAUCH, H. G. J.; ZOBEL, R. W. Additive main effects and multiplicative interaction analysis of two international maize cultivar trials. **Crop Science**, Madison, v. 30, p. 493-500, 1990.

CRUZ, C. D. & CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** Viçosa: UFV, v. 2, 2003, 585 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** 3. ed., Viçosa: UFV, v. 1, 2004. 480 p.

CRUZ, R. P. da; MILACH, S. C. K.; FEDERIZZI, L. C. Inheritance of rice cold tolerance at the germination stage. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 29, n. 2, p. 314-320, 2006.

DIAS, L. A. dos S. **Divergência genética e fenética multivariada na predição de híbridos e preservação de germoplasma de cacau (*Theobroma cacao* L.)**. 1994. 94 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, 1994.

DUARTE, J. B. & VENCOVSKY, R. **Interação genótipos x ambientes: uma introdução à análise AMMI.** Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1999. 60 p.

DUARTE, J. B. & VENCOVSKY, R. Estimação e predição por modelo linear misto com ênfase na ordenação de médias de tratamentos genéticos. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 58, n. 1, p.109-117, 2001.

EBERHART, S. A. & RUSSELL, W. A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, Madison, v.6, p.36-40, 1966.

EMBRAPA. **Coleção Nuclear de Arroz da Embrapa: patrimônio genético hoje, segurança alimentar amanhã.** 2007. Disponível em: http://www.cnpaf.embrapa.br/arroz/colecaonuclear/index.htm. Acesso em: 10 dez. 2007.

EMBRAPA. **Origem e História do Arroz.** Disponível em: <http://www.cnpaf.embrapa.br/arroz/historia.htm>. Acesso em: 21 ago. 2008.

FAO. **The International undertaking for the conservationcand utilization of plant genetic resources for food and agriculture**. Rome, Itália. 1996. 389 p.

FAO. **Challenges and technological solutions for rice-based systems in Latin America.** In: FAO Rice Conference, 2004. Disponível em: <http://www.fao.org/rice2004/en/e-001.htm>. Acesso em: 13 mar. 2010.

FEDERER, W. T. Augmented (or hoonuiaku) designs. **Hawaiian Planter's Records**, Aiea, v. 55, p. 191-208, 1956.

FERREIRA, M. E. & GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. 3. ed., Brasília: Embrapa – Cernagen, 220 p., 1998.

FONSECA, J. R.; BRONDANI, C.; BRONDANI, R. P. V.; RANGEL, P. H. N. Recursos Genéticos. In: SANTOS, A. B.; STONE, L. F.; VIEIRA, N. R. A. (Ed). 2. ed. **A cultura do arroz no Brasil.** Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2006, cap. 8, p. 257-288.

FONSECA, J. R.; NEVES, P. C. F.; CUTRIM, V. A.; OLIVEIRA, J. P.; SILVA, J. B. V.; GUSMÃO, A. R. E.; FARIA, J. M. **Avaliação agronômica de linhagens de arroz irrigado de viveiros internacionais.** Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão (Documentos, 223), 2008. 16 p.

FRANKEL, O. H. Genetic perspectives of germplasm conservation. In: Arber, W. K. et al. (Ed.) **Genetic manipulation: impact on man and society.** Cambridge Univ. Press. Cambridge, England. p.161-170. 1984.

FUJITA, D.; SANTOS, R. E.; EBRON, L. A.; TELEBANCO-YANORIA, M. J.; KATO, H.; KOBAYASHI, S.; UGA, Y.; ARAKI, E.; TAKAI, T.; TSUNEMATSU, H.; IMBE, T.; KHUSH, G. S.; BRAR, D. S.; FUKUTA, Y.; KOBAYASHI, N. Development of introgression lines of an Indica-type rice variety, IR64, for unique agronomic traits and detection of the responsible chromosomal regions. **Field Crops Research**, Bangkok, v. 114, n. 2, p. 244-254, 2009.

GARRIS, A. J.; TAI, T. H.; COBURN, J.; KRESOVICH, S.; McCOUCH, S. Genetic structure and diversity in *Oryza sativa* L. **Genetics**, Pittsburgh, v. 169, n. 3, p. 1631-1638, 2005.

GAUCH, H. G. & ZOBEL, R. W. AMMI analysis of yield trials. In: KANG, M. S.; GAUCH, H. G. (Ed.) **Genotype by environment interaction**. Boca Raton: CRC Press, 1996. Cap. 4, p. 85-122.

GRAMENE. **Gramene: A Resource for comparative grass genomics.** 2000. Disponível em: <www.gramene.org,>. Acesso em: 25 set. 2009.

HOYT, E. **Conservação dos parentes silvestres das plantas cultivadas**. Dellaware: Addison-Wesley Iberoamericana, 1992. 52 p.

IDRIS, S. & SAAD, M. S. Chatacterization of plant genetic resources. In: SAAD, M. S.; RAO, V. R. (Ed.). **Establishment and management of field genebank, a training manual.** Serdang: IPGRI-APO, 2001. p. 81-86.

JAIN, S.; JAIN, R. K.; MCCOUCH, S. R.Genetic analysis of Indian aromatic and quality rice (*Oryza sativa* L.) germplasm using panels of fluorescently-labeled microsatellite markers. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 109, p. 965-977, 2004.

JARAMILLO, S. & BAENA, M. **Conservación *ex situ* de recursos fitogenéticos**. Roma: IPGRI, 2000. 209 p.

JIN, L.; LU, Y.; SHAO, Y.; ZHANG, G.; XIAO, P.; SHEN, S.; CORKE, H.; BAO, J. Molecular marker assisted selection for improvement of the eating, cooking and sensory quality of rice (*Oryza sativa* L.). **Journal of Cereal Science**. v. 51, p. 159-164, 2010.

KARIA, C. T. **Caracterização genética e morfoagronômica de germoplasma de *Stylosanthes guianensis* (Aubl.)** SW. 2008. 138 f. Tese (Doutorado em Agronomia: Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia. 2008.

KATO, S.; KOSAKA H.; HARA, S. **On the affinity of rice varieties as show by fertility of hybrid plants.** Fukuoka: Faculty Agricultural, Kyushu University, 1928. p. 132-147. (*Bulletin Scientific, 3*)

KENNEDY, G. & BURLINGAME, B. Analysis of food composition data on Rice from a plant genetic resources perspective. **Food Chemistry**, Barking, v. 80, n. 4, p. 589-596, 2003.

KHUSH, G. S. Origin, dispersal, cultivation and variation of rice. **Plant Molecular Biology**, Zurich, v. 35, n. 1/2, p. 25-34, 1997.

LAPITAN, V. C.; REDONA, E. D.; ABE, T.; BRAR, D. S. Molecular characterization and agronomic performance of DH lines from the F 1 of indica and japonica cultivars of rice (*Oryza sativa* L.). **Field Crops Research,** Bangkok, v. 112, p. 222-228, 2009.

LI, R.; JIANG, T. B.; XU, C. G.; LI, X. H.; WANG, X. K. Relationship between morphological and genetic differentiation in rice (*Oryza sativa* L.). **Euphytica**, Dordrecht, v. 114, p. 1-8, 2000.

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

LOPES, M. A. & NASS, L. L. **Recursos Genéticos.** Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – Embrapa. Artigo publicado na Revista Agroanalysis (2005). Disponível em: <http://www.cenargen.embrapa.br/publica/trabalhos/bne2005/arquivos/bne05.pdf> Acesso em: 28 fev. 2007.

LU, J. J. & CHANG, T. T. Rice in its temporal and spatial perspectives. In: LUH, B. S. **Rice: production and utilization**. Westport: AVI, p. 1-74, 1980.

LU, B. R. Taxonomy of the genus *Oryza* (Poaceae): historical perspective and current status. **International Rice Research Newsletter**. Manila, Philippines, v. 24, n. 3, p. 4-8, 1999.

MAGALHÃES JÚNIOR, A. M. **Recursos genéticos de arroz (*Oryza sativa* L.) no sul do Brasil.** Tese de doutorado. Pelotas, RS, 2007. 160 p.

MAHALINGAM, L.; MAHENDRAN, S.; BABU, R. C.; ATLIN, G. AMMI analysis for stability of grain yield in rice (*Oryza sativa* L.). **International Journal of Botany**, v. 2, n. 2, p. 104-106, 2006.

MARTINS, A. F.; ZIMMER, P. D.; OLIVEIRA, A. C.; CARVALHO, F. I. F.; VIEIRA, E. A.; CARVALHO, M. F.; MARTINS, L. F.; FONSECA, F. S. Variabilidade para caracteres morfológicos em mutantes de arroz. **Ciênc. Agrotec.**, Lavras, v. 29, n. 6, p. 1215-1223, 2005.

MCCOUCH, S. R.; CHEN, X.; PANAUD, O.; TAMNYKH. S.; XU, Y.; CHO, Y. G.; HUANG, N.; ISHII, T.; BLAIR, M. Microsatellite marker development, mapping and applications in rice genetics and breeding. **Plant Molecular Biology.** Zurich, v. 35, p. 89-99, 1997.

MCCOUCH, S. R.; TEYTELMAN, L.; XU, Y.; LOBOS, K. B.; CLARE, K.; WLATON, M.; FU, B.; MAGHIRANG, R.; LI, Z.; XING, Y.; ZHANG, Q.; KONO, I.; YANO, M.; FJELLSTROM, R.; DECLERCK, G.; SCHNEIDER, D.; CARTINHOUR, 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.

MILACH, S. C. K. (Ed.). **Marcadores moleculares em plantas**. Porto Alegre: S. C. K. Milach, 1998. 140 p.

MIRANDA FILHO, J. B. & NASS, L. L. Hibridação no melhoramento. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S. de; VALADARES-INGLIS, M. C. (Ed.) **Recursos Genéticos e Melhoramento - Plantas.** Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 603-628.

MIRANDA, G. V.; SOUZA, L. V.; GUIMARÃES, L. J. M.; NAMORATO, H.; OLIVEIRA, L. R.; SOARES, M. O. Multivariate analyses of genotype x environment interaction of popcorn. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 44, n. 1, p. 45-50, 2009.

MORAIS, L. K.; SILVA, R. M.; CHIORATO, A. F.; AZZINI, L. E.; VILLELA, O. V.; GALLO, P. B.; SAKAI, M.; BASTOS, C. R.; MALAVOLTA, V. M. A. Adaptabilidade e estabilidade fenotípica de genótipos de arroz irrigado para o Estado de São Paulo. **Revista biociências**, Taubaté, v. 14, n. 1, p. 9-16, 2008.

MULLIS, K. & FALOONA, F. Specific synthesis of DNA *in vitro* via a polymerase catalyzed chain reaction. **Methods in enzymology**. v. 55, p. 335-350, 1987.

NASS, L. L. Utilização de Recursos Genéticos no Melhoramento. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. (Eds). **Recursos Genéticos e Melhoramento - Plantas.** Rondonópolis: Fundação MT, 2001, cap. 2. p. 30-55.

OLIVEIRA, A. B.; DUARTE, J. B.; PINHEIRO, J. B. Emprego da análise AMMI na avaliação da estabilidade produtiva em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 38, n. 3, p. 357-364, 2003.

OLIVEIRA, M. S. P. de. **Caracterização molecular e morfo-agronômica de germoplasma de açaizeiro**. 171 f. Tese (Doutorado em Agronomia: Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2005.

OLIVEIRA, M. S. P. de; FERREIRA , D. F.; SANTOS, J. B. dos. Divergência genética entre acessos de açaizeiro fundamentada em descritores morfoagronômicos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 4, p. 501-506, 2007.

OLIVEIRA, J. P.; Del PELOSO, M. J.; MORAIS, O. P.; MELO, L. C.; SILVA, H. T.; FONSECA, J. R.; SILVA, S. C. Parecença entre acessos tradicionais de feijão carioca utilizando o método de Ward. **Documentos,** IAC, Campinas, v. 85, 2008.

PACHECO, R. M.; DUARTE, J. B.; VENCOVSKY, R.; PINHEIRO, J. B.; OLIVEIRA, A. B. Use of supplementary genotypes in AMMI analysis. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 110, p. 812–818, 2005.

PESSONI, L. A. **Estratégia de análise da diversidade em germoplama de cajueiro (*Anacardium spp* L.)**. 159 f., 2007. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa – MG, 159 f., 2007.

PEREIRA, J. A. **Cultura do Arroz no Brasil: subsídios para a sua história.** Teresina: Embrapa Meio-Norte, 2002. 226 p.

PHILLIPS, R. L. & VASIL, I.K. (Eds). DNA-Based Markers in **Plants Series:** Advances in Cellular and Molecular Biology of Plants. 2 ed. v. 6, 532 p. 2001.

RAM. S. G.; THIRUVENGADAM, V.; VINOD, K. K. Genetic diversity among cultivars, landraces and wild relatives of rice as revealed by microsatellite markers. **Journal of Applied Genetics**, v. 48, n. 4, p. 337-345, 2007.

RANGEL, P. H. N.; BRONDANI, C.; ZIMMERMANN, F. J. P.; CORDEIRO, A. C. C.; FERREIRA, M. E. Obtenção de linhagens *Sativa* vetoras de genes de *Oryza glumaepatula*. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE ARROZ IRRIGADO, 2.; REUNIÃO DA CULTURA DO ARROZ IRRIGADO, 24., 2001, Porto Alegre. **Anais...** Porto Alegre: IRGA, 2001. p. 18-20.

RANGEL, P. N.; BRONDANI, R. P. V.; COELHO, A. S. G.; RANGEL, P. H. N.; BRONDANI, C. Comparative linkage mapping of *Oryza glumaepatula* and *Oryza sativa* interspecific crosses based on microsatellite and expressed sequence tag markers. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 30, n. 3, p. 614-622, 2007.

RESENDE, M. D. V. DE, D.F. PRATES, JESUS, A.; YAMADA, C. K. Estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) e melhor predição linear não viciada (BLUP) em Pinus. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo v. 32/33, p. 18-45, 1996.

RESENDE, M. D. V. de. Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes. **Documentos - 47**, Embrapa Florestas, Colombo, 2000.

RESENDE, M. D. V. de. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes.** Embrapa Informação Tecnológica, Brasília, 2002, 975 p.

RESENDE, M. D. V. de. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético.** Embrapa Florestas, Colombo, 2007, 435 p.

RESENDE, M. D. V. de. Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo. **Documentos – 100**. Embrapa Florestas, Colombo. 65 p., 2004.

SAINI, N.; JAIN, N.; JAIN, S.; JAIN, R. K. Assessment of genetic diversity within and among Basmati and non-Basmati rice varieties using AFLP, ISSR and SSR markers. **Euphytica**, Dordrecht, v. 140, p. 133-146, 2004.

SANTOS, V. B. **Avaliação genotípica de linhagens de arroz de terras altas via metodologia de modelos mistos**. 153 f., 2009. Tese (Doutorado em Fitotecnia – Produção Vegetal) – Universidade Federal de Lavras – MG, 159 f., 2009.

SARLA, N. & SWAMY, B. P. M. *Oryza glaberrima*: a source for the improvement of *Oryza sativa*. **Current Science**, Madurai. v. 89, p. 955-963, 2005.

SECOND, G. Origin of the genic diversity of cultivated rice (Oryza spp.): study of the polymorphism scored at 40 isozyme lozi. **Japanese Journal of Genetics**, Shizuoka, v. 57, n. 1, p. 25-57, 1982.

SILVA, R. M.; ROSSE, L. N.; MORO, J. R. Estabilidade e adaptabilidade de híbridos duplos experimentais de milho. **Scientia Agraria**, Curitiba, v. 3, n. 1-2, p. 61-68, 2002.

SILVA, W. C. J. & DUARTE, J. B. Métodos estatísticos para estudo de adaptabilidade e estabilidade fenotípica em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 41, n. 1, p. 23-30, 2006.

SOUZA, H. N**. Análise AMMI e SREG da interação genótipos x ambientes em milho**. 106 f., 2004. Tese (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, MG, 2004.

SUDRÉ, C. P.; RODRIGUES, R.; RIVA, E. M.; KARASAWA, M.; AMARAL Jr., A. T. Divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão utilizando técnicas multivariadas. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 23, n. 1, p. 22-27, 2005.

SWEENEY, M. & MCCOUCH, S. R. The complex history of the domestication of rice. **Annals of Botany**, Edinburgh, v. 1, p. 1-7. 2007.

VALLS, J. F. M. Caracterização morfológica, reprodutiva e bioquímica de germoplasma vegetal. In: ENCONTRO SOBRE RECURSOS GENETICOS, 1., 1988. Jaboticabal. **Anais...** Jaboticabal:UNESP-FCAV, 1988.

VALOIS, A. C. C.; SALOMAO, A. N.; ALLEM, A. C., org. **Glossário de recursos genéticos vegetais**. Brasília: EMBRAPA - SPI/CENARGEN, 1996, 62p. (EMBRAPA-CENARGEN. Documentos, 22).

VICENTE, M. C. de; GUZMÁN, F. A.; ENGELS, J.; RAMANATHA-RAO, V. Genetic Characterization and its use in decision making for the conservation of crop germplasm. In: The role of biotechnology, 2005, Turin. **Proccedings...** Turin, 2005. p. 121-128.

VIEIRA, E. A.; CARVALHO, F. I. F.; SILVA, M. S.; FIALHO, J. F.**Distância genética em trigo estimada por meio de caracteres morfológicos e agronômicos**. Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento 167, Planaltina – DF, Embrapa Cerrados, 2006, 21 f.

VIEIRA, J. **Caracterização morfológica e molecular do banco de germoplasma de arroz irrigado (*Oryza sativa* L.) da EPAGRI**. 2007. 115 f. Dissertação (Mestrado em Recursos Genéticos Vegetais) – Centro de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Santa Catarina, 2007.

WARD, J. H. Hierarchical grouping to optimize an objective function. **Journal of the American Statistical Association**, v. 58, n. 301, p. 236-244, 1963.

WILLIAMS, J. T. Practical considerations relevant to effective evaluation. In: **The use of plant genetic resources** . Ed.: BROWN, A. H. D.; FRANKEL, O. H.; MARSHALL, D. R.; WILLIAMS. J. T. London: Cambridge University Press, p. 235-244. 1989.

XU, J.; CONSTANTINO, S. V.; MAGPANTAY, G.; BENNETT, J.; SARKARUNG, S.; HUANG, N. Classification of rice germplasm - II. Discrimination of indica from japonica via analysis of amplicon length polymorphisms. **Plant Cell Reports**. v. 17, p. 640-645, 1998.

XU, Y.; BEACHELL, H.; McCOUCH, S. R. A marker-based to broadening the genetic base of rice in the USA. **Crop Science,** Madison, v. 44, p. 1947-1959, 2004.

YUAN, X.; WEI, X.; HUA, L.; YU, H.; WANG, Y.; XU, Q.; TANG, S. A Comparative Study of SSR Diversity in Chinese Major Rice Varieties Planted in 1950s and in the Recent Ten Years (1995-2004). **Rice Science**, Hangzhou, v. 14, n. 2, p. 78-84, 2007.

ZHU, J. AFLP markers for study of Rice biodiversity. **Theoretical and Applied Genetics.** Berlin, v. 96, p. 602-611, 1998.

ZIMMER, P. D.; OLIVEIRA, A. C.; CARVALHO, F. I. F.; KOPP, M. M.; FREITAS, F. A. de; MATTOS, L. A. T. de. Dissimilaridade genética em arroz de sequeiro sob encharcamento. **Revista Brasileira de Agrociência**, Pelotas, v. 9, n. 3, p. 201-206, 2003.

ZOBEL, R. W.; WRIGHT, M. J.; GAUCH, H. G. Statistical analysis of a yield trial. **Agronomy Journal**, Madison, v. 80, p. 388-393, 1988.

3 CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA DA COLEÇÃO NUCLEAR DE ARROZ (*Oryza sativa* L.) DA EMBRAPA VIA METODOLOGIA DE MODELOS MISTOS

RESUMO

Visando o conhecimento detalhado da variabilidade genética presente na Coleção Nuclear de Arroz da Embrapa (CNAE), grandes esforços vem sendo desenvolvidos para a caracterização dos acessos, com a integração entre análises agronômicas e genômicas. Com o propósito de verificar a expressão da variabilidade em nível de campo que, especificamente para o arroz, uma planta sensível ao fotoperíodo, possui diferenças fenotípicas marcantes quando ao cultivo em ambientes diferenciados, realizaram-se avaliações em diversos ambientes, com a finalidade de serem realizadas seleções baseadas em modelos estatísticos e biométricos de maneira mais acurada possível. Neste trabalho foi utilizada a metodologia de modelos lineares mistos REML/BLUP (*residual maximum likelihood/best linear unbiased prediction*), que permite a estimação de parâmetros genéticos e a predição dos valores genotípicos. O objetivo deste trabalho foi avaliar a extensão da variabilidade genética dos 550 acessos pertencentes CNAE por meio da caracterização agronômica em nove experimentos conduzidos em seis estados do Brasil. Foram avaliados 18 caracteres fenológico-agronômicos coletados a campo ou em laboratório. As estimativas de componentes de variância foram obtidas pelo método REML e a predição dos valores genéticos de cada indivíduo foi realizada usando o procedimento BLUP. Por meio da metodologia de análise AMMI (*Additive Main Effects and Multiplicative Interactions*) fez-se um estudo mais detalhado do comportamento dos genótipos frente aos ambientes avaliados, permitindo mensurar a adaptação e a estabilidade produtiva de cada genótipo sob teste. As análises dos caracteres fenológico-agronômicos dos acessos de arroz da CNAE permitiram observar uma grande variação dos dados para a maioria dos caracteres. Para a produtividade de grãos ocorreu considerável variação entre os acessos, assim como para a maioria dos caracteres avaliados, no entanto esta não é simplesmente atribuída a fatores genéticos, mas também aos fatores ambientais. Do conjunto de experimentos, em média houve uma superioridade dos ensaios irrigados em relação aos de sequeiro, apresentando médias gerais de 5362 kg ha^{-1} e 2411 kg ha^{-1}, respectivamente. Isto evidencia o aumento do potencial produtivo dos genótipos quando em condições de disponibilidade hídrica ao longo do ciclo de cultivo, por satisfazer às condições naturais de adaptação da cultura do arroz. O estrato de melhor desempenho produtivo médio foi o de linhagens e cultivares brasileiras (LCB), o que evidencia a importância dos programas de melhoramento de plantas no processo de disponibilização de novas cultivares com maior potencial produtivo e adaptação às diferentes condições de cultivo de arroz no Brasil. Nos diferentes ambientes houve ocorrência de genótipos do estrato VT entre os mais produtivos, o que demonstra o potencial deste grupo de germoplasma em gerar novos genótipos regionalmente adaptados. A abordagem AMMI permitiu uma boa discriminação dos genótipos de arroz da CNAE quanto ao seu comportamento adaptativo, indicando os acessos CA880078, CA990001, CA870071 e CNA0009113 como tendo boa estabilidade, produtividade satisfatória e ampla adaptação aos diferentes ambientes.

ABSTRACT

AGRONOMIC CHARACTERIZATION OF EMBRAPA RICE CORE COLLECTION THROUGH MIXED MODELS METHODOLOGY

Aiming to detail the knowledge on the genetic variability of Embrapa's Rice Core Collection (ERiCC), great efforts have been undertaken to characterize the accessions, through the integration of agronomic and genomic analyses. Evaluations in several environmental conditions have been performed with the objective of identifying the variability under field conditions which, in the specific case of rice, a photoperiod sensitive plant, can show markedly phenotypic differences. This allows the selection to be based on statistical and biometrical models in a more accurate manner. An alternative analysis is the Residual Maximum Likelihood/Best Linear Unbiased Prediction (REML/BLUP) that allows the estimation of genetic parameters and the prediction of genotypic values. The objective of this work was to evaluate the extension of the genetic variability of the 550 accessions that compose the CNAE through an agronomic characterization performed in nine experiments conducted in six Brazilian States using mixed models and multivariate methodologies. Phenological-agronomic characters measured both in the field and in the laboratory were evaluated. Estimations of variance components were obtained by REML and predictions of the genetic values for each individual were performed using BLUP. A detailed study of the genotypes' behavior under the environmental conditions was conducted using the AMMI (Additive Main Effects and Multiplicative Interactions) analysis, which allowed the measurement of the adaptability and the yield stability of each genotype. The analyses of the phenological-agronomic characters of the rice accessions from the CNAE allowed the observation of great data variation to most variables. For grain yield, a considerable variation between accessions was observed, as well as for most evaluated characters. However, this variation is not only attributed to genetic factors, but also to environmental factors that caused alterations in the development of certain genotypes. From the whole set of field experiments, it was observed an average superiority of the irrigated assays in comparison with upland assays, with general means of 5362 kg ha^{-1} and 2411 kg ha^{-1}, respectively. This highlights an increase in the yield potential of the genotypes when under conditions where water is available during the whole cultivation cycle, mainly because it satisfies the natural adaptation conditions of rice. The best yield performance was observed for Brazilian lines and cultivars (LCB), which highlights the importance of breeding programs in the process of making available new cultivars with higher yield potential and adapted to Brazilian cultivation conditions. The occurrence of landraces (VT) among the most productive accessions was observed under the environmental conditions tested, demonstrating this group's potential in generating new genotypes regionally adapted. The AMMI approach allowed a good discrimination of the accessions in concern to their adaptive behavior, where the accessions CA880078, CA990001, CA870071 and CNA0009113 showed good stability, satisfactory yield and wide adaptation to different environmental conditions.

3.1 INTRODUÇÃO

O arroz (*Oryza sativa* L.) é o cereal mais consumido no mundo, com produção voltada exclusivamente ao consumo humano, atende à grande parte da necessidade

protéica e calórica da população mundial, além de apresentar grande importância do ponto de vista econômico e social. Nos programas de melhoramento de arroz, apenas um grupo restrito de genótipos geneticamente semelhantes, apesar da extensa variabilidade genética disponível nos acessos armazenados nos bancos de germoplasma, é que vem sendo utilizados exaustivamente como genitores.

Lopes & Nass (2005) salientam que o sucesso em longo prazo de atividades de melhoramento genético no Brasil continuará sendo altamente dependente da amplitude da base genética disponível, na forma de materiais mantidos nos bancos de germoplasma, que são insumos críticos para o contínuo desenvolvimento do agronegócio nacional. O principal fator que limita a utilização mais ampla dos acessos de arroz armazenados em bancos de germoplasma é a obtenção e integração de dados que auxiliem os melhoristas na escolha de genótipos que efetivamente possam contribuir para o programa de melhoramento de arroz (Borba, 2005). Isso ocorre, porque a caracterização detalhada de todos os acessos de um banco de germoplasma é praticamente impossível, fazendo-se necessária a utilização de uma amostragem representativa da variabilidade genética da coleção completa, por meio de uma coleção nuclear.

O conceito de coleção nuclear foi idealizado por Frankel (1984) e consiste de um limitado conjunto de acessos, derivado de uma coleção de germoplasma existente, que seja representativa do máximo de variabilidade genética de toda a coleção original. O reduzido número de acessos se apresenta como a grande vantagem de uma coleção nuclear, o que possibilita um estudo mais detalhado de seus acessos componentes, tanto agronômica quanto molecularmente. Para a cultura do arroz no Brasil, a primeira coleção nuclear foi estabelecida por Abadie et al. (2005), a Coleção Nuclear de Arroz da Embrapa (CNAE) estruturada a partir dos 10 mil acessos do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) dessa instituição. A CNAE é composta por 550 acessos subdivididos em três estratos: 1) Linhagens e Cultivares Brasileiras (LCB), compreendido por genótipos melhorados por programas de melhoramento da Embrapa e outras instituições brasileiras; 2) Linhagens e Cultivares Introduzidas (LCI), constituído por genótipos provenientes de programas de melhoramento de outros países; e 3) Variedades Tradicionais (VT), que reúne acessos obtidos por expedições de coleta de germoplasma realizadas em vários estados do Brasil, durante o período de 1979 a 2002. Dentro desses estratos, os acessos de arroz ainda foram divididos conforme sistemas de cultivo: 1) irrigados (I), e 2) sequeiro (S) (ou de terras altas). No estrato VT, foram incluídos ainda acessos que podem ser cultivados tanto no

sistema de terras altas quanto irrigado, e cuja classificação foi denominada de sistema facultativo (F) (Abadie et al., 2005; Brondani et al., 2006a).

A caracterização da diversidade dos recursos genéticos do arroz tem sido feita morfologicamente (via descrição de caracteres morfológicos), agronomicamente e/ou por meio de técnicas de marcadores bioquímicos e moleculares, com o objetivo de avaliar fontes de variabilidade genética, disponibilizando-as aos programas de melhoramento. Os marcadores moleculares têm se mostrado excelentes ferramentas para promover a caracterização do DNA, avaliando genotipicamente os indivíduos sem a influência do ambiente ou do estádio de desenvolvimento do indivíduo (Souza, 2001). No entanto, para a descrição mais adequada e eficiente de genótipos, deve-se considerar também a expressão desta variabilidade em nível de campo que, especificamente para o arroz, uma planta sensível ao fotoperíodo, possui diferenças fenotípicas marcantes quando ao cultivo em ambientes diferenciados (Brondani et al., 2006).

A resposta diferenciada dos genótipos nos vários ambientes é um fenômeno natural conhecida como interação genótipo com ambiente (G x E) (Eberhart & Russel, 1966) e seus efeitos permitem a identificação de genótipos aptos a um ambiente específico (adaptabilidade), assim como de comportamento geral, aptos a vários ambientes (estabilidade).

Diferentes abordagens vem sendo trabalhadas nos estudos de caracterização e avaliação de genótipos. O contexto dos modelos lineares mistos REML/BLUP (em inglês, *residual maximum likelihood/best linear unbiased prediction*, ou seja, máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viciada) permite a estimação de parâmetros genéticos e a predição dos valores genotípicos dos genótipos sob avaliação. Segundo Resende et al. (1996), este procedimento é bastante recomendável em situações cujos experimentos geram dados desbalanceados ou possuem uma configuração não-ortogonal do delineamento utilizado, como é o caso dos blocos aumentados de Federer (Federer, 1956), por exemplo. Utilizando valores genotípicos, é possível realizar seleção genética, estudos de estabilidade e adaptabilidade associados à produtividade numa única medida e na mesma escala do caráter avaliados, além de permitir estimar a acurácia seletiva e o progresso genético obtido através dos programas de melhoramento (Santos, 2009). O autor salienta ainda que em qualquer situação a utilização de BLUP constitui-se um método igual ou superior aos demais para ordenamento de materiais genéticos, predição de valores genéticos e estimação de ganhos genéticos em programas de

melhoramento.

Além das vantagens da metodologia de modelos mistos nos estudos de caracterização de genótipos, tem-se buscado modelos complementares de análises que expliquem melhor o comportamento dos materiais frente às variações. Dentre as opções complementares de análises se encontram os procedimentos multivariados (Zobel et al., 1988; Crossa, 1990; Gauch & Zobel, 1996; Duarte & Vencovsky, 1999), tais como análise de componentes principais, análise de agrupamento e o método AMMI ("*Additive Main Effects and Multiplicative Interactions*"). Esses procedimentos visam minimizar possíveis erros de estimação e garantir uma maior precisão e eficiência à análise de interação G x E.

Visando obter o conhecimento detalhado da variabilidade genética presente na CNAE, grandes esforços vem sendo feitos para a caracterização de seus acessos componentes, aumentado com isso a ligação entre a análise genômica, conservação de germoplasma e os programas de melhoramento (Borba, 2007). O objetivo deste trabalho foi avaliar a extensão da variabilidade genética dos 550 acessos pertencentes CNAE por meio da caracterização agronômica em experimentos conduzidos em nove locais no Brasil, fazendo uso da abordagem de modelos mistos e metodologias multivariadas.

3.2 MATERIAL E MÉTODOS

3.2.1 Material genético

Foram avaliados os 550 acessos da CNAE (Abadie et al., 2005) (Tabela 3.1), os quais estão estruturados em subgrupos conforme tipo de origem do material e sistema de cultivo destinado. Inicialmente, as sementes de todos os acessos foram multiplicadas para obtenção de um número suficiente e de homogeneidade das condições fisiológicas das sementes.

Para a avaliação do germoplasma, adicionalmente foram incluídas quatro testemunhas, das quais, três também pertencem ao conjunto de acessos avaliados. Foram elas: BR IRGA 409, BRS Caiapó, BRS Colosso e Metica 1. A lista completa dos genótipos avaliados e maiores informações podem ser encontradas no Anexo A e em http://www.cnpaf.embrapa.br/arroz/colecaonuclear/index.htm.

Tabela 3.1 Composição dos estratos da Coleção Nuclear de Arroz da Embrapa e sistemas de cultivo.

Estratos	Sistema de cultivo			Total
	Sequeiro	Irrigado	Facultativo*	
Linhagens e cultivares brasileiras	57	37	-	94
Linhagens e cultivares introduzidas	76	72	-	148
Variedades tradicionais	148	77	83	308
Total	281	186	83	550

* Adaptadas aos dois sistemas de cultivo (sequeiro e irrigado).

3.2.2 Características dos ambientes

Os experimentos para caracterização agronômica dos acessos da CNAE foram distribuídos em seis unidades federativas (Goiás, Roraima, Rio Grande do Sul, Mato Grosso, Piauí e Rondônia). Foram instalados nove ensaios, divididos em dois sistemas de cultivo (irrigado e sequeiro) e por três anos agrícolas (2004/2005, 2005/2006 e 2006/2007, de agora em diante denominados apenas por 2004, 2005 e 2006) (Tabela 3.2).

Tabela 3.2 Localidades, ano agrícola, coordenadas geográficas e altitudes dos experimentos para caracterização da CNAE.

Exp.	Localidade/Ano	Sistema de Cultivo	Coordenadas		Altitude (m)
(E_1)	Goiânia[1] – GO 2004/2005	Sequeiro	16° 28' S	49° 17' W	779 m
(E_2)	Sinop – MT 2005/2006	Sequeiro	11° 51' S	55° 30' W	345 m
(E_3)	Teresina – PI 2006/2007	Sequeiro	5° 05' S	42° 48' W	72 m
(E_4)	Vilhena – RO 2006/2007	Sequeiro	12° 47' S	60° 05' W	600 m
(E_5)	Goiânia[2] – GO 2004/2005	Irrigado	16°26' S	49°23' W	728 m
(E_6)	Goiânia[2] – GO 2005/2006	Irrigado	16°26' S	49°23' W	728 m
(E_7)	Boa Vista – RR 2004/2005	Irrigado	2° 48' N	60° 39' W	61 m
(E_8)	Uruguaiana – RS 2004/2005	Irrigado	29° 45' S	57° 05' W	74 m
(E_9)	Pelotas – RS 2005/2006	Irrigado	31° 52' S	52° 21' W	13 m

[1] Área localizada no município de Santo Antônio de Goiás – GO
[2] Área localizada no município de Goianira – GO

Os experimentos foram instalados seguindo o delineamento de blocos aumentados de Federer (Federer, 1956). As parcelas experimentais foram constituídas por três fileiras de quatro metros, espaçadas 0,30 m entre linhas, perfazendo uma área útil de 3,6 m^2, com densidade de plantio de 100 sementes/m.

3.2.3 Caracteres sob avaliação

Foram avaliadas caracteres agronômicos, produtivos e de qualidade de grãos, coletados a campo ou em laboratório. A seguir são descritos os procedimentos metodológicos adotados conforme recomendações de Fonseca et al. (1982, 2004). Detalhes das escalas de notas dos caracteres podem ser verificados no Anexo B.

Caracteres

- *Floração* (*dias após semeadura)* (Flo): número de dias transcorridos da semeadura até 50% das plantas florescidas na parcela.
- *Altura de plantas* (Alt)*:* distância média, em centímetros, da superfície do solo até a extremidade da panícula mais alta da planta, obtidas de dez plantas tomadas ao acaso por parcela, durante o estádio de grãos pastosos.
- *Acamamento* (Aca): avaliação do grau de acamamento das plantas, na fase de maturação, considerando a escala de 1 (sem acamamento) a 9 (acima de 75% de plantas acamadas).
- *Reação às doenças:* Brusone (*Magnaporthe oryzae*) nas folhas (BF) e panículas (BP); escaldadura (*Gerlachia oryzae*) (Esc), mancha parda (*Drechslera oryzae*) (MP) e mancha de grãos (*Phoma sorghina*) (MG), comparando com escala que varia de 1 a 9 (a medida de aumenta a ocorrência da doença).
- *Número de perfilhos/m^2* (Perf): quantidade de perfilhos contados por ocasião da colheita, com as médias expressas em metro^2.
- *Número de panículas/m^2* (Panic): quantidade de panículas contadas por ocasião da colheita, com as médias expressas em metro^2.
- *Produtividade de grãos* (Kg ha^{-1}): peso de grãos colhidos na área útil da parcela, corrigindo para a umidade padrão de 13% e transformado em kg ha^{-1}.

- *Porcentagem de grãos inteiros* (Int): porcentagem de grãos inteiros obtida da avaliação no ponto de colheita, quando cerca de 2/3 dos grãos das panículas estão maduros.
- *Teor de amilose* (TA): efetuada segundo metodologia descrita por Juliano (1979), em amostras de noventa grãos inteiros, polidos e sadios.
- *Comprimento* (Comp) *e Largura de grãos* (Larg) em cm: efetuada em uma amostra de 30 grãos descascados, com auxílio de um paquímetro.
- *Centro branco* (CB): avaliação das manchas brancas no interior dos grãos, (não incluindo características de gessamento do endosperma) feita visualmente por meio de notas.
- *Textura* (Tex) e *Pegajosidade* (Peg): por meio de análise sensorial e adoção de uma escala mista com atribuição de notas, em que quanto maior a nota, menor a qualidade do produto.

Alguns dos caracteres foram avaliados em alguns experimentos específicos, sendo eles: Perf, Panic, Comp, Larg e CB avaliados apenas no experimento de Goiânia - Irr2004, e Tex, Peg e Soca apenas no experimento de Goiânia - Irr2005.

3.2.4 Análises estatístico-genéticas

Inicialmente, foram realizadas análises de variância individual de cada experimento, para todos os caracteres avaliados.

O modelo geral de delineamentos em blocos aumentados pode ser expresso por:

$$Y_{ijk} = m + B_j + T_k + g_{i(k)} + e_{ij}$$

Em que:

$\boldsymbol{Y_{ijk}}$: valor observado na unidade experimental referente ao *i-ésimo* genótipo, no *j-ésimo* bloco, dentro do tipo de tratamento *k* (totalizando n observações);

$\boldsymbol{m}$: constante comum a todas as observações;

$\boldsymbol{B_j}$: efeito do bloco *j* (*j* = 1, 2, ..., *b*);

$\boldsymbol{T_k}$: efeito do tipo *k* de tratamento *k*, com *k* = 1 ou 2, conforme o tratamento seja uma testemunha (T) ou um acesso (A), respectivamente;

$\boldsymbol{g_{i(k)}}$: efeito do genótipo *i* dentro do tipo de tratamento *k*, (*i* = 1, 2, ..., *t)* para *k* = 1 ou (*i* = 1, 2, ..., *a*) para *k* = 2;

$\boldsymbol{e_{ij}}$: erro experimental aleatório associado a cada parcela.

Assumindo-se uma abordagem metodológica de modelos lineares mistos, e conforme apresentado por Duarte (2000), devido a existência de dois tipos de tratamentos (testemunhas e acessos) com efeitos de naturezas diferentes, fixos para testemunhas e aleatórios para acessos, foi considerado um modelo estatístico baseado na proposta de Scott & Milliken (1993). Com esta proposta, o modelo tradicional do delineamento em blocos aumentados sofre uma reparametrização dos efeitos de tratamentos numa estrutura hierárquica. Neste caso, os novos tratamentos (acessos avaliados) representam efeitos aleatórios distribuídos em torno de uma média fixa comum ($\hat{\mu}_P$), enquanto as testemunhas, de efeitos fixos, representam outras *t* médias paramétricas diferentes ($\hat{\boldsymbol{\mu}}_t$, com *t*=1, 2, ..., *t* testemunhas). O modelo adaptado é dado por:

$$Y_{ij} = m + B_j + C_i + X_i + e_{ij}$$

Em que, além dos efeitos já definidos:

$\boldsymbol{C_i}$: efeito fixo de tratamento (genótipos) para as testemunhas;

$\boldsymbol{X_i}$: efeito aleatório de tratamento (genótipos) para os acessos.

Foram geradas variáveis de classificação associadas a estes efeitos, sendo o fator *C* relacionado a identificação do tratamento *i* (nome do genótipo), se este for uma testemunha e '0' (zero) se *i* for um acesso (genótipos a serem avaliados). O fator *X*, associado aos efeitos de X_i recebe a identificação do tratamento se *i* for um acesso e '0' se *i* for uma testemunha. Detalhes sobre este tipo de abordagem pode ser encontrada em Duarte (2000).

Os ensaios foram agrupados para as análises univariadas conjuntas, conforme sistema de cultivo e análise geral entre todos os experimentos.

Para a análise conjunta de experimentos, o modelo estatístico geral tradicional para o delineamento adotado, é dado por:

$$Y_{ijkl} = m + (B/A)_{jl} + T_k + g_{i(k)} + A_l + (gA)_{il} + e_{ijkl}$$

Em que:

$\boldsymbol{Y_{ijkl}}$: observação do tratamento *i* (genótipo ou acesso) dentro do tipo de tratamento *k*, no bloco *j*, no ambiente *l* (totalizando n observações);

$\boldsymbol{m}$: média geral;

$\boldsymbol{(B/A)_{jl}}$: efeito do bloco *j* (*j* = 1, 2, ..., *b*) dentro do ambiente *l* (*l* = 1, 2, ..., *a*);

$\boldsymbol{T_k}$: observação do tipo de tratamento *k*, com *k* = 1 ou 2, conforme o tratamento seja uma testemunha ou um acesso (genótipo), respectivamente;

$\boldsymbol{g_i}$: efeito aleatório do genótipo *i* dentro do tipo de tratamento *k*, (*i* = 1, 2, ..., *t)* para *k* = 1 ou (*i* = 1, 2, ..., *a*) para *k* = 2;

$\boldsymbol{A_l}$: efeito do ambiente *l*;

$\boldsymbol{(gA)_{il}}$: efeito da interação entre o genótipo *i* e o ambiente *j*;

$\boldsymbol{e_{ijkl}}$: erro aleatório associado à unidade experimental observada *ijkl*.

No procedimento de análise foi considerada a recuperação das informações interblocos e intergenotípica. Para tanto, foram considerados efeitos aleatórios para blocos e genótipos (exceto testemunhas), além do erro experimental.

Conforme metodologia de modelos lineares mistos no processo de estimação-predição (Henderson, 1975), foi possível a obtenção de predições dos valores genotípicos tratados como efeito aleatório, corrigidos para os demais efeitos fixos contidos no modelo.

As estimativas de componentes de variância foram obtidas pelo método REML descrito por Patterson & Thompson (1971) e a predição dos valores genéticos de cada indivíduo foi realizada usando o procedimento BLUP. Os valores preditos dos efeitos aleatórios (EBLUP's) associados a cada um dos acessos contém parte atribuída a estimativa $\hat{\mu}_P$ constante, e outra parte referente aos efeitos genotípicos ($\widetilde{g}_i$) particular de cada acesso. O termo EBLUP (*empirical best linear unbiased predictor*) é utilizado para indicar que a matriz V (variâncias-covariâncias das observações), usada na determinação do preditor, é estimada, ao invés de conhecida parametricamente (Duarte, 2000). Segundo

Wolfinger et al. (1997) estes preditores permitem ordenar e comparar os acessos entre si para fins de seleção com maior eficácia. As análises foram realizadas por meio dos softwares R (R Development Core Team, 2009).

Por meio de uma abordagem de análise AMMI ("*Additive Main Effects and Multiplicative Interactions*") fez-se um estudo mais detalhado do comportamento dos genótipos frente aos ambientes avaliados, permitindo mensurar a adaptação e a estabilidade produtiva de cada genótipo sob teste. O modelo da análise pode ser expresso por:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + a_j + \sum_{k=1}^{n} \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + \rho_{ij} + \bar{e}_{(il)j}$$

Em que:

$\boldsymbol{Y_{ij}}$: é a resposta média do genótipo i (i = 1, 2, ..., *G* genótipos) no ambiente j (j = 1, 2, ..., *A* ambientes);

$\boldsymbol{\mu}$: é a constante comum (média geral);

$\boldsymbol{g_i}$: é o efeito aleatório do genótipo *i* (*i* = 1, 2, ..., g*)*;

$\boldsymbol{a_j}$: é o efeito fixo do ambiente *j* (*j* = 1, 2, ..., a);

$\boldsymbol{\lambda_k}$: é o k-ésimo valor singular (escalar) da matriz de interações original (denotada por *GA*);

$\boldsymbol{\gamma_{ik}}$: é o elemento correspondente ao genótipo *i* no vetor singular *k* (coluna da matriz *GA*);

α_{jk}: é o elemento correspondente ao ambiente *j* no vetor singular *k* (linha da matriz *GA*);

ρ_{ij}: é o ruído associado ao termo $(ga)_{ij}$ da interação clássica do genótipo i com o ambiente j;

$e_{(il)j}$: é o erro experimental médio.

Uma vantagem do método AMMI está na possibilidade de representar, em um único gráfico, os efeitos de interação para cada genótipo e cada ambiente. O gráfico denominado *biplot* (Gabriel, 1971) baseia-se na aproximação DVS (decomposição por valores singulares) da matriz de interação, ou por análises de componentes principais (PCA) como preferem se referir alguns autores (Duarte & Vencovsky, 1999). A denominação *biplot* vem do fato de representar as coordenadas de genótipos e de ambientes nos eixos principais de interação da análise de componentes principais (IPCA – "*interaction principal component analysis"* conforme notação internacional) num mesmo gráfico, que permite descrever a estabilidade e a adaptabilidade dos genótipos aos

ambientes de teste. Para implementação das análises foram utilizados os programas computacionais R e NTSYS (Rohlf, 1989).

3.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.3.1 Análises univariadas

3.3.1.1 *Análises individuais*

As análises descritivas dos caracteres fenológicos-agronômicos na avaliação dos acessos de arroz da CNAE permitiram observar uma grande amplitude e variação dos dados para a maioria das variáveis. A simetria dos dados, sua dispersão, a existência ou não de *outliers* (dados discrepantes) podem ser observados nos gráficos boxplots no Apêndice A, em que também encontram-se os gráficos de distribuição de frequências de cada variável avaliada.

Os valores genotípicos ($\hat{\mu}_p + \hat{g}_i + \hat{ge}$) associados a cada um dos acessos, preditos em cada ambiente apresentaram considerável variação para os distintos caracteres, verificada pela comparação entre os valores médios máximos e mínimos em cada experimento (Tabelas 3.3 e 3.4). Essa variação no entanto não é simplesmente atribuída a fatores genéticos, mas também à fatores de ordem ambiental que provocaram alterações no desenvolvimento de alguns genótipos, influenciando, como por exemplo, no retardamento ou mesmo não florescimento de alguns acessos em função da influência do fotoperíodo.

A utilização dos valores genéticos preditos (EBLUP's) associados a cada um dos acessos permite uma ordenação e comparação de maior eficácia, pois o processo de predição leva em conta a conexão existente entre informações dos blocos e/ou experimentos promovendo um ajuste das médias observadas mais coerentes e representativos da realidade (Resende et al., 1996), além de corresponderem aos valores observados livres do efeito do ambiente. Neste sentido, a apresentação dos resultados é feita com base nestas predições dos valores genéticos e não nos valores observados a campo.

Para a produtividade de grãos, assim como para a maioria dos caracteres avaliados, há grande variação entre os acessos de arroz da CNAE (Figura 3.1).

Tabela 3.3 Estimativas EBLUPs médias, máximas e mínimas, e número de genótipos de arroz avaliados, para caracteres agronômicos em nove experimentos.

Caráter	Descrição	Goiânia Seq2004	Sinop Seq2005	Teresina Seq2006	Vilhena Seq2006	Goiânia Irr2004	Goiânia Irr2005	Boa Vista Irr2004	Uruguaiana Irr2004	Pelotas Irr2005
kg ha^{-1}	Nº Observações	510	447	545	537	546	546	530	424	436
	Média Geral	1772,15	2635,66	3764,90	1469,58	4641,96	4697,90	6014,32	4917,26	6536,10
	Média Acessos	1383,30	2290,90	3203,80	1108,41	4117,80	4258,80	5080,70	4032,70	6272,40
	Média Testemunhas	1869,36	2721,85	3905,18	1559,88	4773,00	4807,68	6247,73	5138,40	6602,03
	Máximo	3030,09	2525,26	5645,91	1794,89	5777,18	5261,16	7664,48	4220,78	9178,86
	Mínimo	270,04	2081,35	2057,73	750,50	2756,06	3114,30	3307,83	3902,84	4438,51
	CV%	22,08	33,64	17,78	26,85	26,73	23,23	25,56	29,84	17,74
Flo	Nº Observações	541	466	549	547	550	550	530	485	461
	Média Geral	92,29	89,79	73,77	96,91	86,72	89,59	71,92	96,85	107,02
	Média Acessos	96,52	90,13	77,17	97,45	91,28	93,23	73,21	96,51	107,94
	Média Testemunhas	91,23	89,71	72,92	96,77	85,58	88,68	71,60	96,93	106,79
	Máximo	102,52	95,13	80,17	100,45	97,28	101,23	77,19	105,22	118,94
	Mínimo	90,52	88,13	72,17	92,45	86,28	90,23	67,80	95,98	104,94
	CV%	13,11	8,42	10,10	7,27	12,09	10,70	10,09	6,04	8,45
Alt	Nº Observações	536	447	549	548	548	-	530	473	428
	Média Geral	87,92	107,29	116,42	80,41	96,48	-	96,56	104,69	100,60
	Média Acessos	98,44	118,22	125,73	88,54	108,54	-	101,97	120,91	114,72
	Média Testemunhas	85,29	104,56	114,09	78,38	93,47	-	95,21	100,64	97,07
	Máximo	129,51	140,07	139,07	115,98	168,41	-	143,14	156,47	143,25
	Mínimo	47,67	89,43	110,55	60,94	29,28	-	69,02	62,73	90,50
	CV%	10,46	10,97	11,81	8,80	6,98	-	9,25	7,34	12,13
Int	Nº Observações	-	-	448	521	536	544	529	404	436
	Média Geral	-	-	56,66	42,95	62,61	53,45	56,38	61,44	59,12
	Média Acessos	-	-	46,79	40,47	59,26	47,12	49,39	61,54	55,09
	Média Testemunhas	-	-	59,13	43,78	63,44	55,03	58,71	61,41	60,12
	Máximo	-	-	66,85	67,54	72,08	69,75	67,91	78,38	70,64
	Mínimo	-	-	12,43	9,35	17,23	2,86	20,53	34,64	19,64
TA	Nº Observações	-	-	450	496	537	546	529	404	436
	Média Geral	-	-	26,52	25,69	24,67	24,72	25,83	23,95	24,89
	Média Acessos	-	-	26,10	24,94	25,03	24,36	24,28	22,52	23,32
	Média Testemunhas	-	-	26,63	25,87	24,58	24,81	26,22	24,31	25,29
	Máximo	-	-	32,99	29,59	32,14	31,24	30,48	28,84	28,45
	Mínimo	-	-	9,05	6,75	4,49	7,70	7,99	6,98	4,63

Continua...

Tabela 3.3 Continuação

Caráter	Descrição	Goiânia Seq2004	Sinop Seq2005	Teresina Seq2006	Vilhena Seq2006	Goiânia Irr2004	Goiânia Irr2005	Boa Vista Irr2004	Uruguaiana Irr2004	Pelotas Irr2005
Aca	Nº Observações	534	-	549	-	546	-	530	539	-
	Média Geral	1,06	-	2,39	-	1,10	-	1,06	1,35	-
	Média Acessos	1,22	-	3,31	-	1,52	-	1,20	1,80	-
	Média Testemunhas	1,02	-	2,16	-	1,00	-	1,02	1,24	-
	Máximo	8,70	-	3,33	-	9,00	-	8,52	6,65	-
	Mínimo	0,98	-	3,29	-	1,00	-	0,72	0,22	-
BF	Nº Observações	550	-	-	550	550	550	-	-	-
	Média Geral	1,94	-	-	1,26	1,26	2,75	-	-	-
	Média Acessos	2,66	-	-	1,96	1,42	3,40	-	-	-
	Média Testemunhas	1,76	-	-	1,09	1,22	2,59	-	-	-
	Máximo	6,64	-	-	7,69	6,49	5,46	-	-	-
	Mínimo	1,31	-	-	0,15	0,59	1,92	-	-	-
Esc	Nº Observações	521	-	-	550	546	-	530	-	-
	Média Geral	4,27	-	-	2,41	1,84	-	2,77	-	-
	Média Acessos	5,00	-	-	2,63	2,66	-	2,65	-	-
	Média Testemunhas	4,09	-	-	2,35	1,63	-	2,80	-	-
	Máximo	5,56	-	-	6,17	7,80		2,65	-	-
	Mínimo	4,44	-	-	2,16	1,02		2,65	-	-
MP	Nº Observações	521	-	-	550	546	-	530	-	-
	Média Geral	5,30	-	-	4,27	2,05	-	2,15	-	-
	Média Acessos	5,71	-	-	4,92	3,23	-	2,04	-	-
	Média Testemunhas	5,20	-	-	4,10	1,76	-	2,17	-	-
	Máximo	6,46	-	-	6,70	5,16	-	2,82	-	-
	Mínimo	4,84	-	-	3,07	1,86	-	1,69	-	-
BP	Nº Observações	522	-	-	548	548	-	-	539	-
	Média Geral	7,58	-	-	6,07	1,76	-	-	1,16	-
	Média Acessos	8,01	-	-	6,04	2,79	-	-	1,15	-
	Média Testemunhas	7,48	-	-	6,08	1,50	-	-	1,16	-
	Máximo	8,01	-	-	6,04	7,91	-	-	3,07	-
	Mínimo	8,01	-	-	6,04	0,61	-	-	1,05	-
MG	Nº Observações	522	-	-	549	545	-	534	539	
	Média Geral	6,92	-	-	6,74	1,64	-	2,54	2,05	-
	Média Acessos	7,53	-	-	6,76	2,62	-	2,47	2,17	-
	Média Testemunhas	6,76	-	-	6,74	1,39	-	2,56	2,02	-
	Máximo	8,51	-	-	6,76	6,53	-	3,48	3,95	-
	Mínimo	4,28	-	-	6,76	1,12	-	2,07	1,53	-

Os traços representam ausência de avaliação dos caracteres, ou ausência de informações quanto às estimativas.

Tabela 3.4 Estimativas EBLUPs médias, máximas e mínimas, e número de genótipos, para os caracteres agronômicos avaliados apenas nos experimentos de Goiânia_Irr2004 e Goiânia_Irr2005.

Descrição	Goiânia_Irr2004					Goiânia_Irr2005		
	Perf	Panic	Comp	Larg	CB	Tex	Peg	Soca
Nº Observações	543	543	548	550	550	457	453	382
Média Geral	145,02	125,45	5,10	4,55	3,39	1,75	5,56	1370,37
Média Acessos	136,53	114,56	5,52	5,77	3,43	2,24	5,67	1145,83
Média Testemunhas	147,14	128,17	5,00	4,25	3,38	1,50	5,50	1426,51
Máximo	173,55	165,37	10,0	9,0	5,6	6,0	7,0	1290,89
Mínimo	108,70	74,53	1,0	1,0	1,0	1,0	2,0	1065,64
CV%	23,11	20,80	-	-	-	-	-	32,28

- Os traços representam ausência de avaliação dos caracteres, ou ausência de informações quanto às estimativas.

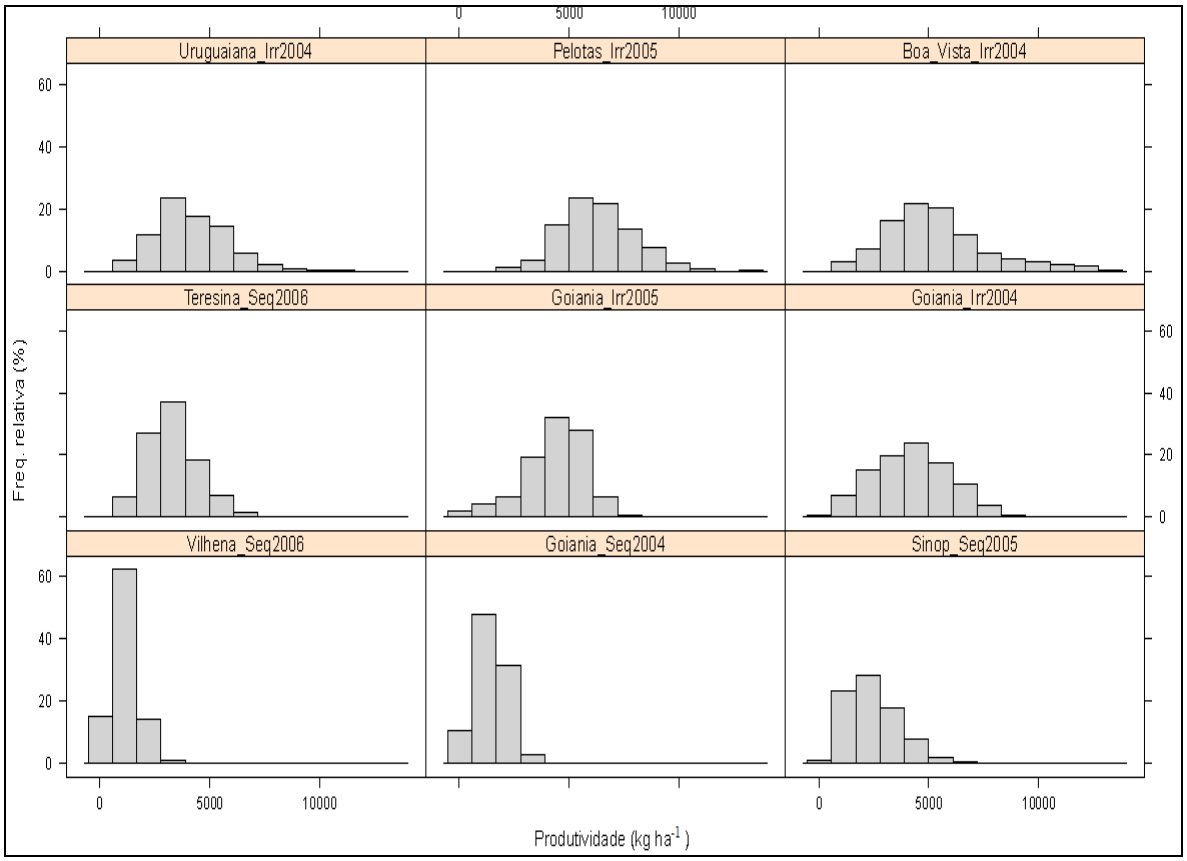


Figura 3.1 Distribuição de frequências por classes, para o caráter produtividade de grãos, e genótipos de arroz da CNAE em nove experimentos.

Verifica-se que a amplitude dos dados é menor entre os experimentos de sequeiro, com médias dos genótipos variando desde menos de mil kg ha^{-1}

(Goiania_Seq2004 e Vilhena_Seq2006) até mais de 5000 kg ha^{-1} (em Teresina_Seq2006). Entre os experimentos irrigados foram identificados valores de produtividade entre 2756 kg ha^{-1} (Goiania_Irr2004) e 9179 kg ha^{-1} (Pelotas_Irr2005) (Tabela 3.3).

As médias de produtividade dos experimentos variaram de 1470 kg ha^{-1} (Vilhena_Seq2006) a 6536 kg ha^{-1} (Pelotas_Irr2005), o que demonstra uma tendência de ampla variação ambiental para expressão do caráter onde os genótipos foram avaliados. Do conjunto de experimentos, nota-se que em média houve uma superioridade dos ensaios irrigados em relação aos sequeiros, apresentando médias gerais de 5362 kg ha^{-1} e 2411 kg ha^{-1}, respectivamente. Isto evidencia o aumento do potencial produtivo dos genótipos quando em condições de grande disponibilidade hídrica, por satisfazer as condições naturais de adaptação da cultura do arroz. Nos experimentos de sequeiro as médias gerais variaram entre 1470 kg ha^{-1} (Vilhena_Seq2006) à 3765 kg ha^{-1} (Teresina_Seq2006), enquanto nos experimentos irrigados ficaram entre 4642 kg ha^{-1} (Goiania_Irr2004) à 6536 kg ha^{-1} (Pelotas_Irr2005). O sucesso produtivo observado nos ensaios de Pelotas_Irr2005 e Boa Vista_Irr2004 podem estar relacionados às condições favoráveis desses ambientes, tanto em relação a estresses bióticos, quanto em relação às condições climáticas.

O estrato de melhor desempenho produtivo médio foi o de linhagens e cultivares brasileiras (LCB), o que evidencia a importância dos programas de melhoramento de plantas no processo de disponibilização de novas cultivares com maior potencial produtivo e adaptação a condições de cultivo brasileiro. Entre os acessos de maior produtividade, considerando como referência o valor médio de todos os acessos mais dois desvios padrões estão incluídos acessos dos três estratos da CNAE, assim como acessos pertencentes aos três tipos de sistema de cultivo (irrigado, sequeiro e facultativo).

Considerando apenas os cinco acessos mais produtivos em cada local avaliado, nota-se que na maioria dos experimentos, três dos genótipos são pertencentes ao estrato de variedades tradicionais (VT). Acessos do grupo VT vem sendo cultivados em ambientes tropicais e subtropicais desde a introdução do arroz no Brasil, o que possibilitou o surgimento de uma variabilidade genética expressiva, com características de adaptação ampla. Brondani et al. (2006) comentam sobre a maior capacidade das VT em produzir sob algum efeito limitante da produtividade, como por exemplo, incidência de doenças, déficit hídrico, e que apesar de demonstrarem um menor potencial produtivo, possuem alta estabilidade da produção, por serem geralmente constituídas por uma combinação de genótipos. Tal combinação é resultante da mistura ao acaso de sementes de outras

variedades tradicionais e/ou cultivares comerciais, ou resultante do fluxo de pólen de genótipos plantados em áreas adjacentes à área sob cultivo de determinada VT. Esta variabilidade intrínseca foi a provável causa da alta produção observada nos diferentes ambientes e reforça o potencial de uso desses materiais em programas de melhoramento genético de arroz.

A Tabela 3.5 apresenta as médias dos genótipos que demonstraram melhores desempenhos produtivos médios, considerando os nove experimentos. Os acessos CA960041, CA960023 e CA830003, pertencentes ao estrato VT dos sistemas de cultivo irrigados e facultativo, respectivamente, são exemplo de materiais promissores, pois além de apresentarem médias superiores às médias gerais dos experimentos, encontram-se entre os mais produtivos em grande parte dos ambientes avaliados. Nota-se que os experimentos em que estes acessos apresentaram grande destaque quanto a produtividade, estão distribuídos nas diferentes regiões brasileiras em que foram conduzidos os ensaios de campo para caracterização agronômica da CNAE (Nordeste, Sul, Centro-Oeste e Norte). Este fato reforça a potencialidade adaptativa das VT à diferentes condições de cultivo e ambientais, mantendo-se características satisfatórias quanto a produção de grãos.

O florescimento médio variou entre 72 dias após a emergência no experimento de Boa_Vista_Irr2004 e 107 dias no experimento de Pelotas_Irr2005 (Tabela 3.3), sendo identificados genótipos no intervalo de floração entre o 67 e 118 dias (CNA0002253 e CNA0002258, respectivamente). O conhecimento do período de floração pode orientar a utilização de determinados genótipos em programas de melhoramento para regiões específicas, facilitando a previsão de práticas culturais, planejamento de épocas de semeadura e de colheita (Endo et al., 2000). A planta de arroz, por ser sensível ao fotoperíodo, pode apresentar um atraso no florescimento à medida que o tempo de exposição à luz aumenta, conforme a região de cultivo, como pode ser verificado nos experimentos de Pelotas_Irr2005 e Uruguaiana_Irr2004. Em média houve pequena variação dos dias para o florescimento entre os diferentes estratos em todos os experimentos, no entanto valores mais extremos foram mais predominantes entre os acessos LCI, seguidos dos VT.

Tabela 3.5 Valores genotípicos preditos dos acessos de arroz da CNAE com melhores produtividades na média dos ambientes, valor médio das testemunhas, para o caráter produtividade de grãos (kg ha^{-1}), em nove ambientes[1] e para a média entre os ambientes[2].

Cód. CNAE	Cult	Genot	Genótipo	Goiânia Seq2004	Sinop Seq2005	Teresina Seq2006	Vilhena Seq2006	Goiânia Irr2004	Goiânia Irr2005	Boa_Vista Irr2004	Uruguaiana Irr2004	Pelotas Irr2005	Média
LCI65	I	G-409	CNA0004566	2108,6	.	4061,2	1044,3	*5137,9*	4407,9	*7664,5*	*4174,0*	7385,3	4497,96
VT274	S	G-283	CA940008	.	.	2516,5	.	3917,8	4134,3	5502,8	*4165,1*	6662,1	4483,11
VT289	I	G-298	CA960041	1831,8	2354,3	*5077,7*	1092,5	4905,3	4783,4	6172,6	.	*9178,9*	4424,55
LCI20	I	G-348	CNA0001423	.	.	3104,4	.	3988,7	4064,9	5890,4	.	.	4262,12
LCI5	I	G-310	CICA_9	1812,6	.	3798,4	1077,1	4706,6	4548,4	6274,6	4112,5	7363,9	4211,76
LCB56	S	G-456	CNA0006422	2062,7	2351,1	3968,6	*1624,8*	4603,8	4681,8	6508,8	.	*7775,6*	4197,14
VT287	I	G-296	CA960030	1040,1	.	3547,3	1041,5	4120,9	*5048,9*	*7559,6*	.	6895,7	4179,14
LCI21	I	G-349	CNA0001467	1383,9	.	3815,6	1262,1	4612,0	4424,6	6527,5	4004,3	7363,6	4174,22
VT23	F	G-032	CA780077	.	2240,1	*4178,7*	932,6	4216,0	4254,6	6211,4	*4183,3*	7068,7	4160,69
LCB4	I	G-006	BRS_BIGUA	1670,7	2243,9	*4410,8*	1071,5	4973,2	*5095,5*	*7122,0*	4112,5	6539,5	4137,75
LCI89	I	G-440	CNA0005853	.	.	2947,1	.	.	3540,0	4909,2	4024,8	5259,6	4136,16
LCB29	S	G-384	CNA0003490	1594,7	2295,6	*4512,9*	1185,9	4981,5	4299,0	*7120,4*	4049,7	7052,8	4121,40
VT283	I	G-292	CA960023	1723,6	2268,0	*4454,7*	1132,5	4097,7	4570,4	*7020,4*	.	*7648,8*	4114,51
LCB7	I	G-009	BRS_JABURU	1517,6	.	3841,2	1100,8	4534,4	4390,9	*6883,1*	4123,2	6523,6	4114,35
LCI132	S	G-512	CNA0010476	1678,8	*2482,5*	*4671,5*	1160,8	4759,4	4368,5	6259,8	4014,0	7513,6	4101,01
LCB94	I	G-549	SCS_BRS_112	1399,5	.	3843,6	1162,2	4646,4	4469,8	5454,1	4064,6	*7720,0*	4095,03
LCI73	S	G-418	CNA0004752	1857,2	.	3345,0	1162,2	*5430,4*	3174,3	*6789,2*	4070,9	6807,3	4079,56
LCB75	I	G-547	RS6PL5-12-6-B	1114,1	2335,2	*4405,1*	992,2	4276,1	4656,0	*7247,1*	.	7587,8	4076,71
LCB50	I	G-450	CNA0006130	1028,4	2232,2	*4397,1*	1001,0	4674,5	4556,7	*7121,6*	*4194,7*	7231,4	4048,62
VT199	S	G-208	CA830125	1436,2	2302,8	*4601,4*	1172,1	*5617,7*	4664,8	*7318,4*	.	5217,0	4041,30
VT187	F	G-196	CA830003	1731,3	2279,2	4035,2	*1405,3*	*5168,5*	4644,3	5310,9	3993,3	7437,3	4000,60
VT71	F	G-080	CA780409	1917,1	2298,5	*4406,7*	1028,9	4910,9	3925,6	*6834,9*	*4128,1*	5732,7	3909,28
VT39	I	G-048	CA780174	1769,3	2335,5	3183,1	*1794,9*	4274,6	*4999,2*	5721,0	4074,3	6741,5	3877,05
VT236	S	G-245	CA870008	*2356,9*	2328,3	2882,0	1122,2	*5777,2*	4659,3	5087,0	4107,3	6457,4	3864,19
LCI140	I	G-529	IR36	1794,3	2208,4	3172,3	995,4	*5237,8*	4202,4	6086,0	*4148,4*	6858,1	3855,91
VT12	S	G-021	CA780022	1769,3	2327,6	2910,9	*1522,4*	4529,4	*5046,4*	5300,7	4057,2	7229,7	3854,84
LCB88	I	G-532	IRGA_418	1847,8	2291,0	4099,0	1330,3	4641,0	*4835,8*	5180,3	*4147,0*	6315,2	3854,17
VT273	I	G-282	CA940007	633,3	.	3318,0	750,5	4038,9	4572,7	5083,8	*4220,8*	*8080,0*	3837,25
LCB32	S	G-393	CNA0004120	*2192,0*	2317,7	2531,0	*1423,3*	4282,3	*4888,0*	5871,5	4063,4	6900,1	3829,91
LCB46	S	G-441	CNA0005901	*2333,6*	2410,3	3367,5	1147,5	*5152,2*	*4833,1*	4399,5	4036,8	6665,8	3816,26
LCI53	I	G-386	CNA0003591	1373,1	2219,8	2515,9	945,1	4636,4	3903,0	6511,5	*4206,6*	*7891,8*	3800,36
LCI39	S	G-371	CNA0003287	1756,7	2315,4	2976,2	*1439,6*	3696,3	4741,7	5469,6	4001,9	*7801,5*	3799,87
LCB80	S	G-523	IAC_165	*2343,3*	*2509,4*	3821,0	1374,8	*5133,6*	4470,3	4044,7	.	6584,1	3785,15
LCI146	I	G-541	ORYZICA_LHANOS_4	2102,1	2160,9	*4487,5*	967,3	4750,7	4689,5	*7051,2*	4023,1	.	3779,01
LCI74	S	G-419	CNA0004759	1359,2	2227,7	2697,2	922,5	*5282,6*	3773,0	*6833,1*	4088,7	6548,8	3748,10
VT255	I	G-264	CA870181	.	.	*5057,5*	982,2	*5143,6*	3764,7	.	.	.	3737,03
-	I	T	BR_IRGA_409	1849,13	2655,80	3567,10	1697,29	5988,70	5442,50	6641,50	5270,40	8285,90	4599,81
-	S	T	CAIAPO	2037,83	2634,00	2929,30	1468,70	2948,90	5720,20	4502,90	4464,20	6756,80	3718,09
-	S	T	COLOSSO	2121,01	4057,20	4310,80	1534,60	3911,00	4785,00	3761,30	6111,10	5623,30	4023,92
-	I	T	METICA_1	1469,46	1540,40	4813,50	1538,92	6243,40	3283,00	10085,20	4707,90	5742,10	4380,43

[1] – Média em cada ambiente: $\hat{\mu}_p + \hat{g}_i + \hat{ge}$;

[2] – Média Geral: $\hat{\mu} + \hat{g} + \hat{ge}_m$

[3] – Valores genotípicos que estão sublinhados compreendem acessos que estão entre os vinte mais produtivos em cada ambiente, num total de 550 genótipos.

Quanto à altura das plantas, os genótipos apresentaram médias entre 29 a 168 cm, com menor média de altura (80 cm) identificada no experimento de Vilhena_Seq2006 (Tabela 3.3). Entre os ensaios de sequeiro, a média dos acessos foi de 108 cm, enquanto entre os irrigados a média encontrada foi de 112 cm. Crusciol et al. (2003) atribuíram a redução na altura de plantas à diminuição na disponibilidade de água, e identificaram uma diferença de 15 cm entre a condição de cultivo de sequeiro em relação à maior disponibilidade hídrica. O comportamento dos acessos em relação a altura de plantas pode ter refletido na incidência de acamamento verificado entre os genótipos avaliados. De modo geral, acessos que apresentaram altura de plantas acima de 130 cm foram os identificados como de maiores índices de acamamento, sendo o ensaio de Teresina_Seq2006 com maior altura média dos genótipos, o local que apresentou maior ocorrência de acamamento. Os genótipos do estrato VT apresentaram as maiores médias de altura de plantas em todos os experimentos.

Para as reações às doenças, houve uma ampla variação das ocorrências atribuídas aos genótipos em todos os experimentos. No entanto, nos ensaios irrigados a incidência de doenças apresentou menores pontuações em média, não ultrapassando o índice três da escala de classificação (Tabela 3.3). Verifica-se que a doença de menor ocorrência foi a brusone nas folhas (BF) tanto no conjunto total de genótipos, quanto no grupo dos mais produtivos. De maneira geral, em todos os ambientes avaliados houve uma incidência de doenças maior nos acessos da CNAE do que nas testemunhas, o que pode ser explicado pela superioridade atingida de tolerância e/ou resistência desses materiais, por meio dos programas de melhoramento. Praticamente não houve variação do comportamento médio à manifestação de doenças entre os três estratos da CNAE e em todos os experimentos avaliados. Contudo, quando se observam os menores índices de doenças em grande parte dos ensaios, encontram-se muitos acessos pertencentes ao estrato VT, o que demonstra o potencial desse grupo de materiais como fontes de genes relacionados a maior tolerância a doenças, e que podem ser utilizados por programas de melhoramento de arroz.

Em relação à variável porcentagem de grãos inteiros (Int) observaram-se maiores médias para os experimentos irrigados, com maior destaque para o ensaio de Goiânia_Irr2004. A condição de não limitação pelo déficit hídrico pode ser a grande responsável pela superioridade desse caráter nas condições irrigadas. Conforme Crusciol et al. (2003), o arroz cultivado no sistema de sequeiro apresenta, em geral, além de baixa

produtividade, qualidade inferior quando comparado com os grãos oriundos de cultura irrigadas por inundação. A maior causa desse problema, além da genética do material, está relacionada com os frequentes períodos de deficiência hídrica que a planta sofre durante o ciclo, o que dificulta o processo de enchimento contínuo dos grãos, levando a um menor rendimento no beneficiamento e uma redução na porcentagem de grãos inteiros. Esta característica variou de 2,9% a 78,4% nos experimentos irrigados e de 9,4% a 67,5% nos experimentos de sequeiro, sendo a menor média geral identificada em Vilhena_Seq2006, com 42,9% (Tabela 3.3). Oliveira (1994) também verificou que os grãos oriundos do cultivo em sistema de sequeiro apresentaram rendimento de grãos inteiros inferior aos provenientes do cultivo irrigado.

Para o teor de amilose (TA) os dados obtidos mostram que os genótipos avaliados classificam-se como não glutinosos, com predominância de teores intermediários de amilose. Conforme Soares (1999), o arroz é classificado como glutinoso quando apresenta de 1% a 2% de amilose, e não glutinoso quando apresentam mais que 2% de amilose, sendo teor intermediário de amilose quando ocorrem valores entre 23% e 27%. Esta classificação representa a preferência de maior parte do consumidor brasileiro, compreendendo os grãos que, quando cozidos, apresentam-se secos e soltos, permanecendo macios quando reaquecidos. As maiores médias foram encontradas nos experimentos de sequeiro, apresentando Teresina _Seq2006 média geral de 26,5%, sem no entanto haver grandes diferenças entre as médias gerais nos diferentes ensaios (Tabela 3.3). Contudo, quando os dados de TA de cada acesso foram comparados entre e dentre os diferentes experimentos, grandes variações foram encontradas, com teores entre 6,8% (CA940006) e 33% (CA810046) para os ensaios de sequeiro, e entre 4,5% (CNA0002253) e 32,1% (CA810067) para os irrigados. Houve uma tendência de que genótipos com teores de amilose muito baixos apresentassem tal ocorrência em praticamente todos os ambientes avaliados, já entre os acessos de mais alto TA, praticamente não houve coincidência entre os diferentes ambientes, à exceção dos genótipos IRGA_420 e CA870153 que estiveram entre os mais altos TA em três dos ambientes avaliados (Vilhena_Seq2006, Goiânia_Irr2004 e Goiânia_Irr2005; e Teresina_Seq2006, Boa_Vista_Irr2004 e Uruguaiana_Irr2004, respectivamente). O conteúdo de amilose pode ser modificado pelo ambiente de maneira parcial e pouco conhecida. Conforme Juliano (1979), a temperatura durante o desenvolvimento do grão, afeta a velocidade de acúmulo e propriedades do amido, que quando elevada, reduz o teor de amilose, podendo oscilar até 6% para a mesmo

genótipo entre diferentes períodos de semeadura e/ou diferentes ambientes. Observou-se a ocorrência de maior influência ambiental sobre os genótipos com elevado teor de amilose, do que sobre os de baixo TA, o que pode ter ocorrido em função da própria limitação genética desses acessos em responder às diferentes condições ambientais.

Entre os acessos avaliados, os pertencentes ao estrato LCI CNA0003241, MINAMI_HATA_MOCHI, CNA0002672 e CNA0002253, assim como a variedade tradicional CA940006 apresentaram-se com os mais baixos teores de amilose na maioria dos experimentos em que esse caráter foi avaliado. Esses genótipos podem ser explorados em programas de melhoramento que visam obter cultivares com grãos especiais para a culinária japonesa.

Os componentes de variância das análises individuais são apresentados nas Tabelas 3.6 e 3.7 com as estimativas dos efeitos do modelo e respectivas razões entre estimativas ($\phi_g = \hat{\sigma}_g^2 / \hat{\sigma}_e^2$ e $\phi_b = \hat{\sigma}_b^2 / \hat{\sigma}_e^2$).

A relação ϕ_b, na maior parte dos ensaios e caracteres, apresentou estimativas superiores a 0,30 para mais de 57% do total observado, havendo poucas situações em que os valores foram praticamente nulos para a estimativa de $\hat{\sigma}_b^2$. Grandes estimativas $\hat{\sigma}_e^2$ podem ser a causa de baixos índices da relação ϕ_b, e quando associado a baixas estimativas de $\hat{\sigma}_b^2$ irão indicar uma pequena diferenciação entre blocos, com heterogeneidade dentro deles, que muitas vezes pode decorrer de uma escolha de blocos baseada apenas numa medida preventiva ao invés de ser uma estratificação criteriosa das unidades experimentais (Duarte, 2000).

Elevados índices de ϕ_b podem estar associados a uma falta de homogeneidade das respectivas áreas experimentais e relacionados a altos valores de $\hat{\sigma}_b^2$. No entanto, para este conjunto de experimentos, já eram esperados elevados índices para estas estimativas, principalmente para as variáveis com correlação significativa com florescimento de plantas, uma vez que a distribuição dos blocos foi feita com base nos ciclos reprodutivos dos genótipos, com o objetivo de minimizar os efeitos competitivos entre materiais de diferentes ciclos e porte das plantas. Para estas condições, Duarte (2000) enfatiza a vantagem em se utilizar métodos de análises que permitam a recuperação da informação interblocos (contida no parâmetro $\hat{\sigma}_b^2$), que em geral garantem a melhoria da qualidade de estimativas do modelo trabalhado.

Em relação à razão ϕ_g, observa-se uma variação bem maior de suas estimativas, entre zero e 25,11 (Tabelas 3.6 e 3.7) , sendo valores mais elevados, decorrentes sobretudo da baixa magnitude das estimativas $\hat{\sigma}_e^2$, predominando para ϕ_g, valores inferiores a 2,0 para 75% do total. De modo geral, maior parcela da variação fenotípica total é decorrente do componente $\hat{\sigma}_g^2$, e suas elevadas estimativas fornecem uma confirmação da variabilidade genética presente na coleção de acessos avaliados da CNAE. Para o caráter produtividade de grãos no entanto, todos os experimentos irrigados apresentaram maior parte da variação total devido à $\hat{\sigma}_e^2$. Alguns fatores contribuem para elevação dessas estimativas, como além do grande número de genótipos avaliados, a utilização de blocos grandes, com heterogeneidade dentro e pouca diferenciação entre si, o que ocorre com maior facilidade nos experimentos irrigados. Neste sistema de cultivo, há uma tendência de maior uniformidade do ambiente experimental, como em relação a disponibilidade de água e redução na competição com plantas invasoras.

Tabela 3.6 Estimativas de componentes de variância de genótipo, bloco e erro ($\hat{\sigma}_g^2, \hat{\sigma}_b^2$ e $\hat{\sigma}_e^2$), suas relações com a variância do erro ($\phi_g = \hat{\sigma}_g^2 / \hat{\sigma}_e^2$ e $\phi_b = \hat{\sigma}_b^2 / \hat{\sigma}_e^2$) para caracteres agronômicos em nove experimentos.

Caráter	Parâmetros	Goiânia Seq2004	Sinop Seq2005	Teresina Seq2006	Vilhena Seq2006	Goiânia Irr2004	Goiânia Irr2005	Boa Vista Irr2004	Uruguaiana Irr2004	Pelotas Irr2005
Kg/ha	$\hat{\sigma}_g^2$	296902	67676	535398	75835	820418	476475	1440588	81866	1215717
	$\hat{\sigma}_b^2$	58272	509247	235016	65243	378522	292237	921043	263559	114838
	$\hat{\sigma}_e^2$	153155	786075	448161	155698	1539444	1191380	2364062	2153412	1344350
	ϕ_g	1,939	0,086	1,195	0,487	0,533	0,4	0,609	0,038	0,904
	ϕ_b	0,38	0,648	0,524	0,419	0,246	0,245	0,39	0,122	0,085
Flo	$\hat{\sigma}_g^2$	1,19E-15	1,25E-17	0	3,14E-18	5,72E-13	0	3,2113	103,936	5,32E-17
	$\hat{\sigma}_b^2$	1,24E+02	1,22E+02	86,963	1,60E+02	1,10E+02	209,18	47,2529	27,791	1,26E+02
	$\hat{\sigma}_e^2$	1,46E+02	5,72E+01	55,515	4,96E+01	1,10E+02	91,83	52,6556	34,208	8,19E+01
	ϕ_g	0	0	0	0	0	0	0,061	3,038	0
	ϕ_b	0,849	2,136	1,566	3,233	0,997	2,278	0,897	0,812	1,545
Alt	$\hat{\sigma}_g^2$	263,45	160,67	77,342	128,09	470,377	-	235,481	347,261	181,14
	$\hat{\sigma}_b^2$	19,06	102,96	176,434	55,506	49,682	-	30,492	20,023	104,74
	$\hat{\sigma}_e^2$	84,55	138,62	189,096	50,093	45,378	-	79,71	59,057	148,79
	ϕ_g	3,116	1,159	0,409	2,557	10,366	-	2,954	5,88	1,217
	ϕ_b	0,225	0,743	0,933	1,108	1,095	-	0,383	0,339	0,704
Int	$\hat{\sigma}_g^2$	-	-	134,33	73,44	59,557	198,25	66,609	28,61	80,242
	$\hat{\sigma}_b^2$	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	$\hat{\sigma}_e^2$	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	ϕ_g	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	ϕ_b	-	-	-	-	-	-	-	-	-
TA	$\hat{\sigma}_g^2$	-	-	12,668	5,845	11,217	8,799	9,566	6,329	7,219
	$\hat{\sigma}_b^2$	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	$\hat{\sigma}_e^2$	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	ϕ_g	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	ϕ_b	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Aca	$\hat{\sigma}_g^2$	1,079	-	0,022	-	2,74	-	0,682	2,014	-
	$\hat{\sigma}_b^2$	0,001	-	3,292	-	0	-	0,013	0,438	-
	$\hat{\sigma}_e^2$	0,043	-	6,333	-	-	-	0,042	1,1	-
	ϕ_g	25,105	-	0,004	-	-	-	16,057	1,832	-
	ϕ_b	0,017	-	0,52	-	0	-	0,311	0,399	-

Continua...

Tabela 3.6 Continuação

Caráter	Parâmetros	Goiânia Seq2004	Sinop Seq2005	Teresina Seq2006	Vilhena Seq2006	Goiânia Irr2004	Goiânia Irr2005	Boa Vista Irr2004	Uruguaiana Irr2004	Pelotas Irr2005
BF	$\hat{\sigma}_g^2$	1,108	-	-	1,926	0,558	0,521	-	-	-
	$\hat{\sigma}_b^2$	0,179	-	-	0,093	0,071	0,296	-	-	-
	$\hat{\sigma}_e^2$	0,761	-	-	0,141	0,24	0,453	-	-	-
	ϕ_g	1,455	-	-	13,706	2,324	1,15	-	-	-
	ϕ_b	0,236	-	-	0,664	0,297	0,654	-	-	-
Esc	$\hat{\sigma}_g^2$	0,374	-	-	0,143	1,881	-	0	-	-
	$\hat{\sigma}_b^2$	0,315	-	-	0,042	0,15	-	0,174	-	-
	$\hat{\sigma}_e^2$	2,498	-	-	0,121	0,582	-	2,025	-	-
	ϕ_g	0,15	-	-	1,18	3,235	-	0	-	-
	ϕ_b	0,126	-	-	0,346	0,259	-	0,086	-	-
MP	$\hat{\sigma}_g^2$	0,561	-	-	1,195	0,965	-	0,294	-	-
	$\hat{\sigma}_b^2$	0,401	-	-	0,483	0,366	-	0,032	-	-
	$\hat{\sigma}_e^2$	2,18	-	-	1,28	1,271	-	0,824	-	-
	ϕ_g	0,257	-	-	0,933	0,759	-	0,357	-	-
	ϕ_b	0,184	-	-	0,377	0,288	-	0,038	-	-
BP	$\hat{\sigma}_g^2$	0	-	-	0	1,895	-	-	0,229	-
	$\hat{\sigma}_b^2$	0,196	-	-	0,721	0,253	-	-	0,014	-
	$\hat{\sigma}_e^2$	1,705	-	-	1,551	0,633	-	-	0,468	-
	ϕ_g	0	-	-	0	2,992	-	-	0,489	-
	ϕ_b	0,115	-	-	0,465	0,399	-	-	0,031	-
MG	$\hat{\sigma}_g^2$	1,273	-	-	0	1,157	-	0,227	0,711	-
	$\hat{\sigma}_b^2$	0,151	-	-	0,57	0,158	-	0,047	0,259	-
	$\hat{\sigma}_e^2$	1,193	-	-	1,924	0,587	-	0,75	1,627	-
	ϕ_g	1,067	-	-	0	1,97	-	0,303	0,437	-
	ϕ_b	0,126	-	-	0,296	0,268	-	0,063	0,159	-

- Os traços representam ausência de avaliação dos caracteres, ou ausência de informações quanto às estimativas.

Tabela 3.7 Estimativas de componentes de variância de genótipo, bloco e erro ($\hat{\sigma}_g^2$, $\hat{\sigma}_b^2$ e $\hat{\sigma}_e^2$), suas relações com a variância do erro ($\phi_g = \hat{\sigma}_g^2 / \hat{\sigma}_e^2$ e $\phi_b = \hat{\sigma}_b^2 / \hat{\sigma}_e^2$) para caracteres agronômicos avaliados apenas nos experimentos de Goiânia_Irr2004 e Goiânia_Irr2005.

Caráter	Parâmetros				
	$\hat{\sigma}_g^2$	$\hat{\sigma}_b^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	ϕ_g	ϕ_b
Goiânia_Irr2004					
Perf	380,405	98,195	1123,29	0,339	0,087
Panic	419,640	101,930	681,00	0,616	0,150
Comp	3,409	-	-	-	-
Larg	3,345	-	-	-	-
CB	0,385	-	-	-	-
Goiânia_Irr2005					
Tex	0,601	-	-	-	-
Peg	0,794	-	-	-	-
Soca	18477	52412	195715	0,094	0,268

- Os traços representam ausência de avaliação dos caracteres, ou ausência de informações quanto às estimativas.

3.3.1.2 *Análises conjuntas*

A Tabela 3.8 mostra as estimativas dos componentes de variância considerando a analise conjunta dos nove ensaios conduzidos, para as características avaliadas. Excetuando os caracteres relacionados à reação a doenças e para porcentagem de grãos inteiros, os componentes da variância referentes aos acessos ($\hat{\sigma}_g^2$) foram superiores em relação aos componentes referentes a interação genótipos x ambientes ($\hat{\sigma}_{g_x a}^2$), assim como suas respectivas relações com a variância residual ($\hat{\sigma}_e^2$). Nesta situação há ocorrência de uma maior influência dos próprios efeitos genotípicos na manifestação dos caracteres, confirmando a existência de variabilidade genética entre os acessos.

Para a produtividade de grãos, o componente do efeito de bloco dentro de ambiente ($\hat{\sigma}_{b(a)}^2$) foi responsável pela maior parcela da variação, seguido dos efeitos de genótipo e da interação acessos x ambientes. Morais et al. (2008) e Blanche et al. (2009) também detectaram menor parcela da variação devido a interação genótipos por ambientes (G x E) para a produtividade de grãos, entretanto, com magnitudes inferiores às encontradas neste estudo (23,84%).

Tabela 3.8 Estimativas de componentes de variância ($\hat{\sigma}_g^2$, $\hat{\sigma}_a^2$, $\hat{\sigma}_{g_xa}^2$ e $\hat{\sigma}_{b(a)}^2$), suas relações com a variância do erro ($\phi_g = \hat{\sigma}_g^2 / \hat{\sigma}_e^2$, $\phi_a = \hat{\sigma}_a^2 / \hat{\sigma}_e^2$, $\phi_{g_xa} = \hat{\sigma}_{g_xa}^2 / \hat{\sigma}_e^2$), $\phi_{g_xa} = \hat{\sigma}_{g_xa}^2 / \hat{\sigma}_e^2$, $\phi_{b(a)} = \hat{\sigma}_{b(a)}^2 / \hat{\sigma}_e^2$).

Parâmetros	kg ha^{-1}	Flo	Alt	Int	TA	Aca	BF	Esc	MP	BP	MG
$\hat{\sigma}_g^2$	284621,5	192,821	275,192	14,997	7,918	0,337	0,481	0,080	0,019	0,223	0,261
$\hat{\sigma}_a^2$	5480,2	0,105	0,328	-	-	0,006	0,002	0,006	0,006	0,005	0,005
$\hat{\sigma}_{g_xa}^2$	193193,6	6,886	54,355	77,297	1,465	1,220	0,559	0,420	0,775	0,079	0,415
$\hat{\sigma}_{b(a)}^2$	326914,3	5,532	36,556	-	-	0,622	0,163	0,197	0,322	0,287	0,235
$\hat{\sigma}_e^2$	1195343,4	23,722	71,511	15,941	1,344	1,355	0,390	1,370	1,357	1,294	1,211
ϕ_g	0,238	8,128	3,848	0,941	5,892	0,249	1,231	0,058	0,014	0,172	0,216
ϕ_a	0,005	0,004	0,005	-	-	0,004	0,004	0,004	0,004	0,004	0,004
ϕ_{g_xa}	0,162	0,29	0,760	4,849	1,090	0,900	1,431	0,307	0,571	0,061	0,342
$\phi_{b(a)}$	0,273	0,233	0,511	-	-	0,459	0,416	0,144	0,237	0,222	0,194

O baixo índice encontrado para o componente de variância ambiental pode ser considerado negligenciável. Isto se deve ao fato do fator ambiental ser de efeito fixo, restando nestes resultados, um pequeno resíduo devido à condição de aninhamento de bloco dentro de ambiente como de efeito aleatório.

A ocorrência de distinção entre blocos, ambientes e genótipos é uma condição favorável para que a interação entre esses fatores se manifeste. Pelos resultados do teste estatístico de Wald para a comparação dos modelos de análise verifica-se para a variável produtividade de grãos uma significância para os efeitos da interação ambientes x testemunhas, embora não tenha sido detectada para a interação ambientes x acessos. Os grupos de acessos avaliados neste estudo possuem ampla variabilidade e adaptação (principalmente as variedade tradicionais) e para um caráter como a produtividade de grãos, em avaliação em vários ambientes que aparentemente demonstram grande diferença ambiental (região, altitude, latitude e longitude, temperatura), o que se esperaria convencionalmente é que fossem detectados efeitos de interação acessos x ambientes também significativos. No entanto, alguns aspectos podem estar relacionados a esta não significância, principalmente devido às diferentes condições de cultivo envolvidos.

O arroz, por ser uma planta tradicionalmente hidrófila, adaptada a áreas encharcadas, apresenta um maior favorecimento para a produtividade quando em condições irrigadas, havendo maior chance dos genótipos expressarem todo o seu potencial produtivo. Além disso, nas condições irrigadas é favorecida a uniformidade dos ambientes

e havendo menor ocorrência de plantas invasoras e consequentemente menor competição entre plantas. O sistema de cultivo irrigado para a cultura do arroz possibilita que as condições experimentais se tornem mais uniformes entre diferentes locais, desde que não haja grande variação de temperatura ou fotoperíodo. Essa padronização ambiental pode ser a causa de não ser detectada interação significativa entre os acessos e os ambientes. Este fato pode favorecer os programas de melhoramento de plantas no processo de seleção de genótipos, em que uma opção é a de se identificar materiais com boa adaptação e maior estabilidade fenotípica possível para uma gama de ambientes (Nunes et al., 2002).

Quando se realiza a avaliação em separado dos grupos de experimentos irrigados e em sequeiro, verifica-se que a análise conjunta dos irrigados apresenta um comportamento semelhante à análise realizada com todos nove locais, não havendo significância para os efeitos da interação acessos x ambientes. Já para a análise conjunta dos experimentos de sequeiro, a significância foi detectada tanto para a interação testemunhas x ambientes, quanto para acessos x ambientes. A presença dessas interações decorrem do comportamento diferenciado dos materiais genéticos frente as condições ambientais distintas (Cruz & Carneiro, 2003).

3.3.2 Análises multivariadas

Quando se avaliam diferentes genótipos, em diferentes condições de ambientes, um questionamento que surge é como minimizar possíveis erros de estimação e garantir uma maior precisão e eficiência das análises, principalmente nos casos em que a interação G x E é muito expressiva, além do interesse em identificar genótipos produtivos e de ampla adaptabilidade. Dentre as técnicas de crescente aplicação nos últimos tempos encontra-se as metodologias multivariadas, ou aqueles que integrem métodos univariados e multivariados, como a análise AMMI. Pela abordagem dessa metodologia foi analisada a variável produtividade de grãos, com o objetivo principal de se conhecer o comportamento dos genótipos em relação à adaptabilidade e estabilidade aos ambientes. Neste processo, os efeitos genotípicos da interação G x E, obtida a partir da análise de variância conjunta, foram utilizados na decomposição de valores singulares (DVS), para que numa última etapa, as coordenadas para os eixos singulares de interação, gerados pela DVS fossem utilizados na representação gráfica dos genótipos e ambientes num gráfico *biplot*.

Os efeitos da interação original puderam ser decompostos em oito componentes principais (CP), dos quais o segundo eixo foi selecionado para construção dos gráficos *biplots*. A contribuição de cada componente principal para explicar a soma de quadrados da interação foi baixa, resultado que normalmente tem sido relatado, inclusive em outras culturas, como por exemplo por Rocha et al. (2004, 2007) em ensaios conduzidos com soja e feijão-caupi e Pereira et al. (2009) com feijão-comum. Os três primeiros eixos, em conjunto, explicaram 49,91% da variação (CP1 = 19,95%; CP2 = 15,39% e CP3 = 14,57%) (Tabela 3.9), inferior aos 90,1% e 94,8% obtidos por McClung et al. (2005) e Morais et al. (2008), também na cultura do arroz.

Tabela 3.9 Proporção da $SQ_{GxE,}$ explicada por cada eixo.

CP/Eixo	Autovalor	Proporção/CP	%Acumulada
CP1	4509,082	0,1995	19,9521
CP2	3478,229	0,1539	35,3428
CP3	3292,824	0,1457	49,9132
CP4	2975,843	0,1317	63,0809
CP5	2286,224	0,1012	73,1972
CP6	2120,445	0,0938	82,5799
CP7	1793,763	0,0794	90,5170
CP8	1243,662	0,0550	96,0201
CP9	899,444	0,0398	100,0000

Arias et al. (1996) consideraram insatisfatórios os resultados obtidos, quando os primeiros componentes principais não explicam um percentual superior a 60% da variação da interação, contudo a utilização de modelos com um número maior que três componentes, do ponto de vista biológico, também é insatisfatória além de ser de difícil manipulação, em relação aos possíveis benefícios. Entretanto, Gauch & Zobel (1996) abordaram que os primeiros componentes AMMI captam maior percentagem do desempenho real "padrão" adjacente à interação genótipos x ambientes e de importância agronômica. Com a subsequente acumulação de componentes, haverá aumento de informações imprecisas ("ruídos"), ou seja, variação aleatória resultante da influência de fatores microambientais e de reduzida importância agronômica. Nesse sentido, apesar da seleção de poucos componentes que expliquem pequena proporção da variação, a informação fornecida pela metodologia AMMI pode ser considerada de melhor qualidade

do que a fornecida por métodos tradicionais para o estudo da interação (Pereira et al., 2009).

A identificação dos acessos mais estáveis pelo método AMMI foi realizada com as informações dos dois primeiros componentes, a fim de obter a média dos escores absolutos de cada genótipo, ponderada pela percentagem de explicação de cada componente (Tabela 3.9). São considerados genótipos mais estáveis aqueles que apresentaram menores valores da amplitude dos escores, os quais apresentam menor contribuição para a interação. Segundo o método AMMI, genótipos com valores de IPCA (escores de componentes principais de interação) próximos de zero demonstram estabilidade aos ambientes, sendo que as combinações de mesmo sinal entre genótipos e ambientes, refletem interações específicas positivas, enquanto que as combinações de sinais opostos apresentam interações específicas negativas (Duarte & Vencovsky, 1999).

Uma das vantagens apresentadas pela abordagem AMMI, diz respeito à representação gráfica, em que são plotados os escores dos efeitos da interação, para cada genótipo e para cada ambiente, simultaneamente. Observando o eixo de componentes principais, interpreta-se como estáveis, genótipos e/ou ambientes que apresentam baixos escores, ou seja, que contribuem pouco ou quase nada para a interação G x E. O gráfico fornece informações sobre a estabilidade de genótipos e também de ambientes, podendo genótipos estáveis serem recomendados amplamente, desde que tenham médias elevadas (Duarte & Vencovsky, 1999).

A Figura 3.2 apresenta o gráfico *biplot* resultante da análise AMMI em combinação dos dois eixos principais, para melhor interpretação. Entre os genótipos que mais contribuíram para a interação G x E estão os acessos CNA0002672, CA800072 CA780071 e CNA0005342, pois apresentaram maiores amplitudes dos valores preditos (EBLUPS) das interações genótipos x ambientes (Tabela 3.10), sendo facilmente identificados por meio das maiores magnitudes de escore no eixo de interação (Figura 3.2). Os três primeiros acessos relacionados anteriormente, mostraram ainda adaptabilidade específica ao local Boa Vista_Irr2004.

Por outro lado, entre os genótipos que menos contribuíram para a interação G x E (mais estáveis) encontram-se CA880078, CA990001, CA870071 e CNA0009113, alocados próximos às coordenadas IPCA de índice zero (Figura 3.3), apresentando baixas interações com os ambientes de estudo (Tabela 3.10). Estes acessos apresentaram plasticidade aos diferentes ambientes avaliados, além de rendimentos satisfatórios.

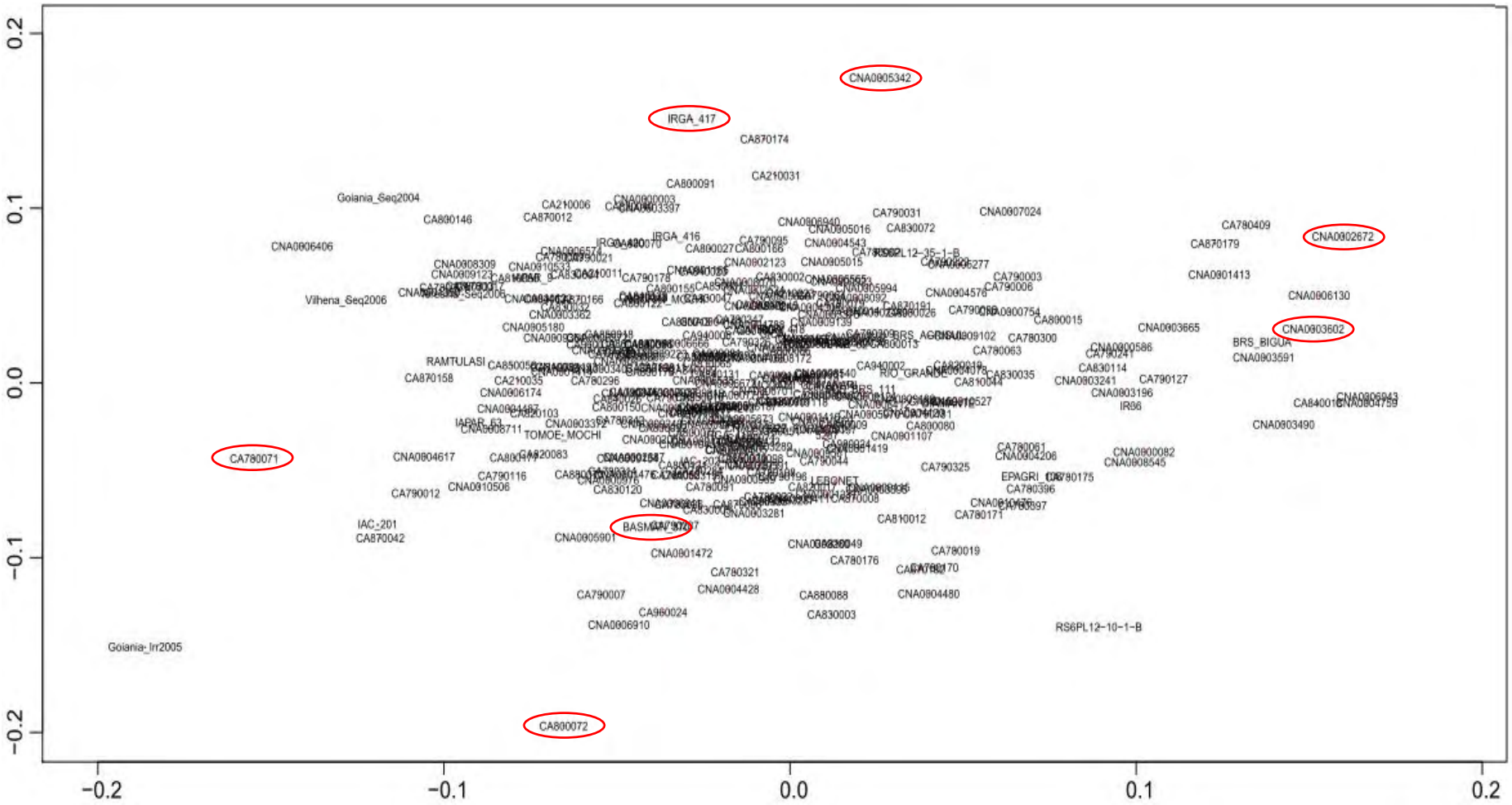


Figura 3.2 Representação gráfica de acessos da CNAE em relação aos dois primeiros componentes principais (CP1 x CP2).

Tabela 3.10 Estimativas EBLUP das interações genótipos x ambientes dos quinze genótipos de maiores e menores amplitudes, envolvendo nove experimentos.

Genótipos	Est	Cult	Goiânia Seq2004	Sinop Seq2005	Teresina Seq2006	Vilhena Seq2006	Goiânia Irr2004	Goiânia Irr2005	Boa Vista Irr2004	Uruguaiana Irr2004	Pelotas Irr2005	Amplitude
CNA0002672	LCI	I	36,5	0,4	-18,6	-75,7	-19,5	-221,8	785,9	-128,9	-283,2	1069,0
CA800072	VT	F	-101,7	-40,7	-151,3	-88,9	75,0	195,7	-385,9	-215,8	660,2	1046,1
BASMATI_370	LCI	I	86,8	13,6	-78,4	40,4	-207,4	-438,8	-231,3	-151,7	569,9	1008,6
IRGA_417	LCB	I	-47,8	-63,8	156,9	136,0	-551,2	275,0	66,0	430,6	-64,4	981,8
CNA0003602	LCI	I	71,1	-130,0	-279,2	-41,8	118,2	-372,7	571,5	224,6	125,0	944,2
CA840018	VT	F	-25,4	-118,0	26,2	-45,2	-54,9	-136,5	729,1	-209,7	159,1	938,8
CA780071	VT	S	-49,2	297,7	-56,7	74,6	-342,8	130,3	-589,1	-24,6	342,7	931,8
CNA0005342	LCB	S	112,6	-223,0	21,6	13,0	-516,5	64,8	242,3	370,9	-181,6	887,4
CNA0006943	LCI	I	15,8	-202,8	-58,6	-92,1	282,4	-96,6	677,8	-86,0	-85,9	880,6
IRGA_420	LCB	I	-85,5	-139,3	167,5	-76,4	-96,2	179,7	-265,1	595,4	-26,1	860,5
CNA0004759	LCI	S	-72,8	-151,3	-179,5	-128,2	396,0	-285,7	565,9	157,9	22,2	851,6
CNA0006130	LCB	I	-217,6	-241,7	166,8	-190,0	78,7	-4,4	607,5	467,8	130,5	849,2
BRS_BIGUA	LCB	I	-83,9	-250,0	156,5	-167,3	180,4	251,9	596,0	164,7	-88,0	845,9
CNA0006910	LCI	I	-10,8	79,2	173,3	-122,2	476,6	31,1	-367,2	-122,1	165,7	843,8
CA870179	VT	F	-209,4	139,8	91,4	-85,7	200,1	-146,8	544,0	193,4	-296,9	840,8
CNA0006187	LCB	S	-45,2	78,7	-45,6	41,4	66,7	88,1	-63,7	156,3	101,3	220,0
CA820071	VT	S	54,7	-42,4	-53,1	31,4	-90,2	-88,1	0,2	-163,1	30,0	217,7
CNA0001118	LCB	S	124,1	-71,9	-91,6	16,3	94,7	-77,1	-38,7	-66,0	-56,4	215,6
CNA0004308	LCI	I	-38,2	32,8	-74,6	55,5	-132,5	-60,9	70,5	-54,2	-141,3	211,8
CA810017	VT	S	-69,6	10,8	-16,6	73,5	-76,7	30,8	-34,1	-94,3	98,9	193,2
CA840032	VT	F	87,9	113,1	-66,8	24,3	-78,7	83,2	-48,6	4,0	-24,3	191,8
CNA0001416	LCB	I	120,6	42,8	131,9	10,4	21,3	-11,2	62,5	-58,9	98,2	190,7
CA870071	VT	S	61,0	-2,0	-97,0	40,5	51,2	35,5	-2,8	92,7	17,2	189,6
CNA0009124	LCI	S	-103,1	-29,7	-27,8	61,9	58,7	-17,4	82,9	-89,5	-69,0	186,0
CNA0009113	LCI	S	114,5	-5,2	-31,2	-6,1	8,9	137,9	65,7	-20,1	-41,5	179,3
CNA0009415	LCI	S	-12,9	51,0	34,2	39,8	9,6	-104,4	-115,1	-100,6	45,4	166,0
CA840036	VT	S	72,6	-52,3	-46,4	13,0	-16,5	-0,5	93,5	112,9	2,9	165,1
CA990001	VT	S	-8,5	-106,0	-113,3	35,2	49,8	14,1	-0,5	-18,9	-106,3	163,0
CA840182	VT	S	-22,6	77,1	-72,5	-0,9	-63,3	69,7	63,7	33,5	-61,6	149,5
CA880078	VT	S	72,8	-37,1	-21,1	42,9	36,6	91,2	52,0	-7,1	0,5	128,3
Amplitude Total[1]			541,9	732,7	838,1	436,1	1122,0	989,7	1375,0	948,4	1067,2	

[1] Considerando os escores de todos os genótipos avaliados em cada experimento.

Uma constatação importante é que estes acessos, excetuando o CNA0009113, e ainda a maioria dos considerados mais estáveis, são pertencentes ao estrato variedades tradicionais (VT) da CNAE. Esse fato demonstra claramente a grande capacidade adaptativa dos acessos desse estrato às diversas condições de cultivo, resultando em boas perspectivas quando da sua utilização em programas de melhoramento com vistas à ampliação da base genética da cultura do arroz.

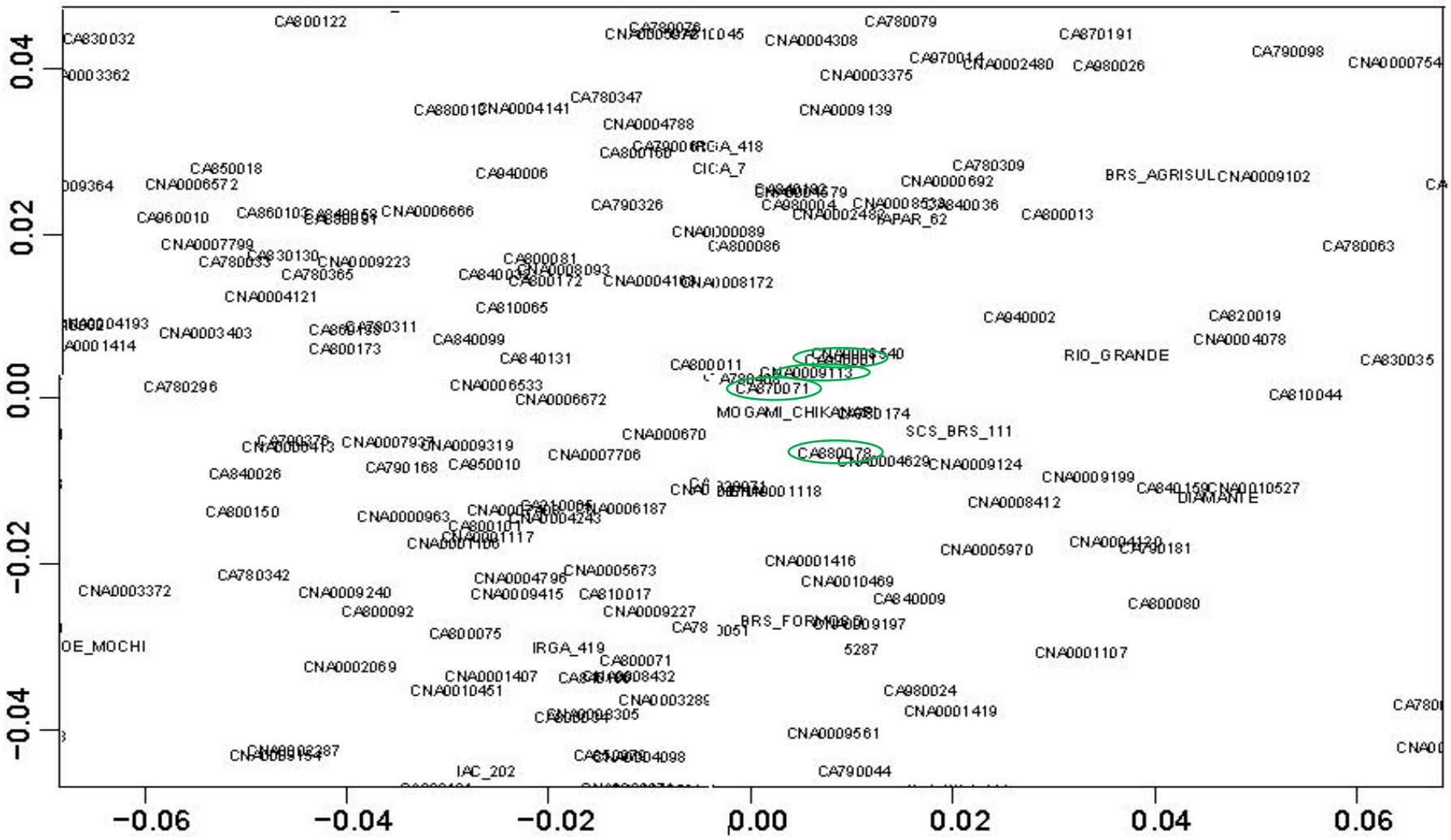


Figura 3.3 Representação gráfica ampliada de acessos da CNAE em relação aos dois primeiros componentes principais (CP1 x CP2).

Os acessos CNA0006130, BRS_BIGUA, CNA0003490 e CNA0004098, pertencentes ao estrato de linhagem e cultivares brasileiras (LCB), embora tenham apresentado as maiores médias gerais, não foram tão estáveis aos ambientes, haja vista terem mostrado elevados índices das estimativas das interações G x E. Entre os acessos de boa produtividade, CNA0002672 e CA840018 apresentaram boa adaptação específica ao ambiente Boa_Vista_Irr2004, representando um ganho de 786 Kg ha^{-1} e 729 Kg ha^{-1}, respectivamente, neste local (Tabela 3.10).

No experimento Vilhena_Seq2006 ocorreram as menores médias preditas para todos os genótipos. No entanto foi o ambiente que apresentou menor amplitude de efeitos de interação, demonstrando uma estabilidade ambiental típica. Nesta condição, a classificação dos acessos apresentou a menor variação em relação a classificação nos outros experimentos. Morais et al. (2008) comentam sobre a consistência dos testes de material genético nesse tipo de ambiente, que tendem a produzir um ordenamento de maior confiabilidade, podendo ser considerado um local estratégico para a condução de experimentos em fases mais preliminares de avaliação de genótipos.

Entre os locais avaliados que mais contribuíram para a interação G x E destaca-se Boa_Vista_Irr2004 e Goiania_Irr2004, podendo ser verificado pelos elevados escores de amplitude de suas estimativas de interação G x E e pelo gráfico na Figura 3.4. Quanto aos ambientes, dentre os mais estáveis encontra-se Goiania_Seq2004, porém está associado a baixa produtividade dos acessos em relação aos respectivos desempenhos nos demais ensaios. Segundo Oliveira et al. (2003), a determinação da estabilidade ambiental tem grande importância, pois informa sobre a confiabilidade no ordenamento dos genótipos em um dado ambiente de teste, em relação à classificação para a média dos ambientes testados.

Com relação aos genótipos em estudo, verificou-se por meio da metodologia AMMI, uma classificação e interpretação simplificada dos resultados de estabilidade e adaptabilidade, identificando com eficácia genótipos superiores. É possível a observação de combinações mais específicas dos genótipos aos ambientes, associando ao potencial produtivo para utilização como possíveis genitores em programas de melhoramento, a finalidade de ampliação da base genética da cultura do arroz.

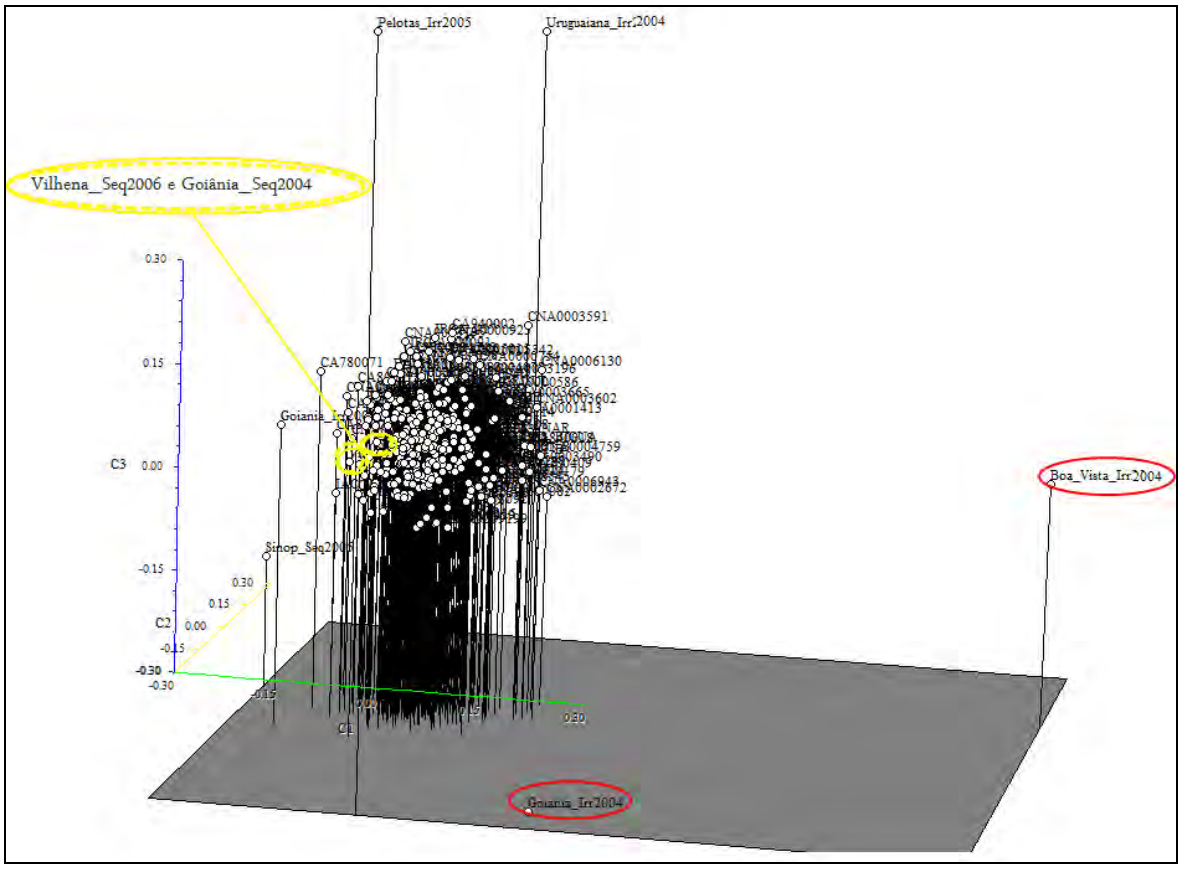


Figura 3.4 Dispersão gráfica de acessos da CNAE em relação aos três primeiros componentes principais (CP1, CP2 e CP3).

3.4 CONCLUSÕES

1) Existe variabilidade genética entre os genótipos da coleção nuclear de arroz da Embrapa, constatada pela amplitude de variação encontrada através da mensuração de caracteres agronômicos.
2) Há presença de genótipos pertencentes ao sistema de cultivo de sequeiro dentre os mais produtivos em todos os ambientes avaliados, o que demonstra uma expressiva variação genética e potencial desses acessos como genitores a fim de serem obtidas novas combinações genéticas.
3) O método AMMI permite uma boa discriminação dos genótipos de arroz da CNAE quanto ao seu comportamento adaptativo;
4) Dentre os acessos que apresentaram boa estabilidade, produtividade satisfatória e ampla adaptação encontram-se os genótipos CA880078, CA990001, CA870071 e CNA0009113.

3.5 REFERÊNCIAS

ABADIE, T.; CORDEIRO, C. M. T.; FONSECA, J. R.; ALVES, R. B. N.; BURLE, M. L.; BRONDANI, C.; RANGEL, P. H. N.; CASTRO, E. M.; SILVA, H. T.; FREIRE, M. S.; ZIMMERMANN, F. J. P.; MAGALHÃES, J. R. Construção de uma coleção nuclear de arroz para o Brasil. **Pesquisa Agropecuária. Brasileira**, Brasília, v. 40, n. 2, p. 129-136, 2005.

BORBA, T. C. de O. **Análise por marcadores SSR dos grupos de genótipos melhorados e introduzidos da coleção nuclear brasileira do arroz.** 2005. 96 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia: Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2005.

BORBA, T. C. de O. **Diversidade genética e mapeamento associativo para produção e qualidade de grão dos acessos melhorados da coleção nuclear de arroz da Embrapa.** 2007. 109 f. Tese (Doutorado em Agronomia: Genética e Melhoramento de Plantas)- Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2007.

BRONDANI, C.; BRONDANI, R. P. V.; RANGEL, P. H. N. **Utilização de Marcadores Moleculares em Programas de Ampliação da Base Genética de Espécies Cultivadas.** Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão (Documentos 155), 2003. 36 p.

BRONDANI, C.; RANGEL, P. H. N.; BRONDANI, R. P. V.; BORBA, T. C. de O.; MENDONÇA, J. A.; MOURA NETO, F. P. de; FRANCO, D. F.; UTUMI, M. M.; PEREIRA, J. A.; CORDEIRO, A. C. C.; FONSECA, J. R. **Coleção nuclear de arroz da Embrapa: caracterização agronômica.** Santo Antônio de Goiás : Embrapa Arroz e Feijão (Documentos, 189), 2006. 28 p.

BRONDANI, R. P. V.; BRONDANI, C. **Aplicação de tecnologias genômicas baseadas em marcadores microssatélites para discriminação de cultivares e análise de pureza genética em feijoeiro comum.** Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão (Comunicado técnico, 132), 2006. 4 p.

BROWN, A. H. D. Core collections: a practical approach to genetic resources management. **Genome**, North York, v. 31, n. 2, p. 818-824, 1989.

CROSSA, J.; GAUCH, H. G. J.; ZOBEL, R. W. Additive main effects and multiplicative interaction analysis of two international maize cultivar trials. **Crop Science**, Madison, v. 30, p. 493-500, 1990.

CRUSCIOL, C. A. C.; ARF, O.; SORATTO, R. P.; ANDREOTTI, M.; RODRIGUES, R. A. F. Produtividade e qualidade industrial de grãos de arroz de terras altas em função de lâminas de água no sistema irrigado por aspersão. **Acta Scientiarum: Agronomy**, Maringá, v. 25, n. 1, p. 125-130, 2003.

CRUZ, C. D. & CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** Ed. UFV, 585 p., Viçosa, 2003.

DUARTE, J. B.; VENCOVSKY, R. **Interação genótipos x ambientes**: **uma introdução à análise AMMI**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1999. 60 p. (Série Monográfica, 9).

DUARTE, J. B. **Sobre o emprego e a análise esstatística do delineamento em blocos aumentados no melhoramento genético vegetal.** 2000. 293 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2000.

FEDERER, W. T. Augmented (or hoonuiaku) designs. **Hawaiian Planter's Records**, Aiea, v. 55, p. 191-208, 1956.

FONSECA, J. R.; RANGEL, P. H.; BEDENDO, I. P.; SILVEIRA, P. M.; GUIMARÃES, E. P.; CORANDIN, L. **Características botânicas e agronômicas de cultivares e raças regionais de arroz (*Oryza sativa* L.) coletadas no Estado do Maranhão**. (Boletim de Pesquisa 1). Goiânia: Embrapa-CNPAF-Cernagen, 1982. 42 p.

FONSECA, J. R.; CASTRO, E. M. de; MORAIS, O. P. de. **Descritores morfoagronômicos e fenológicos de cultivares comerciais de arroz (*Oryza sativa* L.) de terras altas.** Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão (Documentos, 162), 2004. 27 p.

FONSECA, J. R.; NEVES, P. de C. F.; CASTRO, E. da M. de; MORAIS, O. P. de; CUTRIM, V. dos A.; RANGEL, P. H. N. **Comportamento de linhagens de arroz irrigado de ensaios internacionais.** Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão **(**Documentos, 179), 2005. 20 p.

FONSECA, J. R.; BRONDANI, C.; BRONDANI, R. P. V.; RANGEL, P. H. N. Recursos Genéticos. In: SANTOS, A. B.; STONE, L. F.; VIEIRA, N. R. A. (Ed). 2. ed. **A cultura do arroz no Brasil.** Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2006, cap. 8, p. 257-288.

FRANKEL, O. H. Genetic perspectives of germplasm conservation. In: ARBER, W.; LLIMENSEE, K.; PEACOCK W. J.; STARLINGER, P. (Ed). **Genetic Manipulation: Impact on Man and Society**. Cambridge: Cambridge University Press, 1984. p. 161-170.

GABRIEL, K. R. The biplot graphic of matices with application to principal component analysis. **Biometrika**, London, v. 58, n. 3, p. 453-467, 1971.

GAUCH, H. G. & ZOBEL, R. W. AMMI analysis of yield trials. In: KANG, M. S.; GAUCH, H. G., ed. **Genotype by environment interaction. Boca Raton**: CRC Press, 1996. Cap. 4, p. 85-122.

HENDERSON, C. R. Comparison of alternative sire evaluation methods. **Journal of animal science**, v. 41, n. 3, p. 760-770, 1975.

JULIANO, B. D. **The chemical basis of rice grain quality.** In: International Rice Research Institute. Los Baños, IRRI, Philippines, 1979, p. 251-260.

LAVORANTI, O. J. **Estabilidade e adaptabilidade fenotípica através da reamostragem bootstrap no modelo AMMI.** 166 f., 2003. Tese (Doutorado em Estatística e experimentação agrícola) – Escola Superior de Agricultura, Universidade de São Paulo – SP, 2003.

LOPES, M. A.; NASS, L. L.; MELO, I. S. de. Bioprospecção: biotecnologia aplicada a prospecção e uso de serviços e funções da biodiversidade. **Biotecnologia Ciência e Desenvolvimento**, n. 34, p. 29-35, 2005.

MCCLUNG, A. M.; MEDLEY, J. C.; SAMONTE, S. O. P. B.; WILSON, L. T. Targeting cultivars onto rice growing environments using AMMI and SREG GGE biplot analyses. **Crop Science**, Madison, v.45, p.2414-2424, 2005.

MORAIS, L. K.; SILVA, R. M.; CHIORATO, A. F.; AZZINI, L. E.; VILLELA, O. V.; GALLO, P. B.; SAKAI, M.; BASTOS, C. R.; MALAVOLTA, V. M. A. Adaptabilidade e estabilidade fenotípica de genótipos de arroz irrigado para o Estado de São Paulo. **Revista Biociências**, Taubaté, v. 14, n. 1, p. 9-16, 2008.

OLIVEIRA, A. B.; DUARTE, J. B.; PINHEIRO, J. B. Emprego da análise AMMI na avaliação da estabilidade produtiva em soja. **Pesq. agropec. bras**., Brasília, v. 38, n. 3, p. 357-364, 2003.

OUK, M.; BASNAVAKE, J.; TSUBO, M.; FUKAI, S.; FISCHER, K. S.; KANG, S.; MEN, S.; THUN, V.; COOPER, M. Genotype-by-environment interactions for grain yield associated with water availability at flowering in rainfed lowland rice. **Field Crops Research**, Bangkok, v. 101, p. 145-154, 2007.

PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when blocks sizes are unequal. **Biometrika**, London, v. 58, p. 545-554, 1971.

PEREIRA, H. S.; MELO, L. C.; FARIA, L. C.; DEL PELOSO, M. J.; COSTA, J. G. C.; RAVA, C. A.; WENDLAND, A. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de feijoeiro-comum com grãos tipo carioca na Região Central do Brasil. **Pesq. agropec. bras.,** Brasília, v. 44, n. 1, p. 29-37, 2009.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. Vr. 2.10.0. (2009) **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, 2009. Acesso em: 09 Novembro. 2009. Disponível na Internet: http://www.r-project.org/

RESENDE, M. D. V.; PRATES, D. F.; JESUS, A.; YAMADA, C. K. Melhor predição linear não viciada (BLUP) de valores genéticos no melhoramento de *Pinus.* **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n.32/33, p.3-22, 1996.

ROCHA, M. M.; VELLO, N. A.; LOPES, A. C. A.; MAIA, M. C. C. Yield stability of soybean lines using additive main effects and multiplicative interaction analysis – AMMI. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 4, p. 391-398, 2004.

ROCHA, M. M.; FREIRE FILHO, F. R.; RIBEIRO, V. Q.; CARVALHO, H. W. L.; BELARMINO FILHO, J.; RAPOSO, J. A. A.; ALCÂNTARA, J. P.; RAMOS, S. R. R.;

MACHADO, C. F. Adaptabilidade e estabilidade produtiva de genótipos de feijão-caupi de porte semi-ereto na Região Nordeste do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 9, p. 1283-1289, 2007.

ROHLF, F. J. 1989. **NTSYS: numerical taxonomy and multivariate analysis system**. New York, Exeter. 200p.

SAS INSTITUE. **SAS/STAT software**: changes and enhancements through release 6.12. Cary: Statistical Analysis System Institute, 1997. 1167 p.

SCOTT, R. A. & MILLIKEN, G. A. A SAS program for analyzing augmented randomized complete-block designs. **Crop Science**, Madison, v. 33, p. 865-867, 1993.

WOLFINGER, R. D.; FEDERER, W. T.; CORDERO-BRANA, O. Recovering information in augmented designs, using SAS PROC GLM and PROC MIXED. **Agronomy Journal**, Madison, v. 89, p. 856–859, 1997.

ZOBEL, R. W.; WRIGHT, M. J.; GAUCH, H. G. Statistical analysis of a yield trial. **Agronomy Journal**, Madison, v. 80, p. 388-393, 1988.

4 ANÁLISE COMPARATIVA DA DIVERSIDADE GENÉTICA EM GENÓTIPOS DE ARROZ POR MEIO DE CARACTERES AGRONÔMICOS E MARCADORES MOLECULARES SSR

RESUMO

A Coleção Nuclear de Arroz da Embrapa (CNAE) é constituída por 550 acessos, estruturada a partir de 10 mil acessos do Banco Ativo de Germoplasma desta instituição. Os objetivos deste trabalho foram: a) realizar uma análise comparativa da diversidade genética entre os 242 acessos melhorados da CNAE por meio da avaliação por caracteres agronômicos e de marcadores moleculares SSR, e b) identificar genótipos geneticamente divergentes e com características agronômicas satisfatórias, visando apontar potenciais genitores para o desenvolvimento de cultivares de base genética ampla. As 242 linhagens e cultivares da CNAE foram avaliadas por 86 marcadores SSR, além da avaliação em nove experimentos, por cinco características agronômicas: produtividade de grãos, dias até o florescimento, altura de plantas, porcentagem de grãos inteiros e teor de amilose. Os caracteres agronômicos apresentaram expressiva variação tanto entre os acessos de sequeiro quanto irrigado. Em relação às medidas de dissimilaridade dos dois conjuntos de dados, verificou-se que as distâncias agronômicas apresentaram uma maior amplitude de variação entre acessos quando comparadas aos coeficientes obtidos por dados moleculares, havendo para estes uma predominância de altos índices de dissimilaridade. A distribuição dos dados de distância fenotípica e molecular foi marcadamente diferente, evidenciando a dificuldade em se delinear um padrão que reflita o quanto da variação fenotípica é correspondente à real variação genética. Alta diversidade genética foi identificada entre genótipos que apresentaram alta produtividade, em acessos de ambos sistemas de cultivo, indicando de modo claro a complementariedade das avaliações fenotípicas e moleculares para o aproveitamento da diversidade genética associada aos caracteres agronômicos desejáveis. O acesso CNA0005477 (LCI87), de sistema de cultivo irrigado, foi identificado pelas análises fenotípica e molecular como não agrupado com nenhum outro acesso nos dendrogramas, apresentando além de boa divergência genética em relação aos outros acessos, também boa produtividade de grãos. Com base na análise dos 20 acessos mais produtivos de cada um dos sistemas de cultivo verificou-se que as maiores distâncias agronômicas e moleculares foram identificadas entre os acessos irrigados, com distância genética RW máxima de 0,98 entre os acessos BR_IRGA_413 e CNA0005014, BR_IRGA_413 e CNA0005853, e CNA0004552 e CNA0005014, indicando que a ampliação da base genética do arroz pode ser obtida mesmo utilizando como genitores materiais de bom desempenho para caracteres de interesse. Foram identificadas correlações significativas entre os dados fenotípicos e moleculares, tanto no conjunto total de genótipos, quanto entre os mais produtivos para os grupo de acessos irrigados e sequeiros. Os dados de marcadores SSR foram superiores aos dados fenotípicos em discriminar a divergência entre os acessos, no entanto a diversidade molecular entre genótipos só será efetivamente aproveitada se forem associadas à informações quanto ao comportamento fenotípico dos materiais. Desse modo, a seleção de acessos divergentes

molecularmente não irá representar uma perda significativa de características de interesse já fixadas e requeridas por programas de melhoramento genético do arroz.

ABSTRACT

COMPARATIVE ANALYSIS OF GENETIC DIVERSITY IN RICE GENOTYPES THROUGH AGRONOMIC CHARACTERS AND MOLECULAR MARKERS SSR

The Embrapa Rice Core Collection (ERiCC) has 550 accessions, structured from 10 thousand accessions from the Embrapa Rice and Beans GeneBank. The objectives of this work were: a) to make a comparative analysis of genetic diversity among 242 lines and cultivars from ERiCC by means of the characterization of agronomic traits and SSR markers, and b) to identify the genotypes genetically divergent and with good performance to the agronomic traits, aiming to pick potential genitors to the development of genetically broaden cultivars. The 242 lines and cultivars from ERiCC were evaluated by 86 SSR markers, and in nine field experiments by five agronomic traits: grain yield, days to flowering, plant height, intact seed set and amylose content. The agronomic traits showed expressive variation in both upland and lowland rice accessions. In relation to the dissimilarity coefficients in both data sets, it was observed that the phenotypical distances showed a broad range of variation among accessions when compared to molecular data coefficients, i.e. showing high dissimilarity indexes. The data distribution from phenotypical and molecular distance data was markedly different, highlighting the difficulty to define a pattern which indicates how much of the phenotypical variation is related to the real genetic variation. The high genetic diversity was identified among genotypes showing high grain yield, for accessions of both systems of cultivation, clearly indicating the complementarity of phenotypical and molecular analyses to take advantage of the genetic diversity related to agronomic traits. The lowland accession CNA0005477 (LCI87) did not group with any other accessions, in dendrograms obtained by phenotypical and molecular analyses, showing both good genetic diversity and grain yield in relation to remaining accessions. Based on the analysis of 20 accessions with the highest grain yield for both systems of cultivation, the higher phenotypical and molecular distances were identified in lowland accessions, showing the maximum genetic distance of 0.98 between BR_IRGA_413 and CNA0005014, BR_IRGA_413 and CNA0005853, and CNA0004552 and CNA0005014, indicating that the broadening of the rice genetic basis can be obtained even using as genitors, genotypes with good performance to traits of interest. They were identified significant correlations between phenotypical and molecular data, considering both the complete set of accessions, or just the 20 high grain yield accessions. The SSR marker data were superior to phenotypical data to discriminate the divergence of the accessions, however the molecular diversity among genotypes will just be useful if associated to their phenotypical data. As a result, the selection of molecularly divergent accessions will not affect the desirable traits required to rice genetic breeding programs.

4.1 INTRODUÇÃO

O arroz (*Oryza sativa* L.) é um dos principais cultivos, sendo destaque do ponto de vista econômico e social, responsável pela segurança alimentar para mais da

metade da população mundial. Aliado ao processo de domesticação e expansão do cultivo para diferentes regiões seguida por seleção de tipos específicos, o gênero *Oryza* adquiriu extraordinária diversidade varietal, com adaptação à diversos ecossistemas (Harland, 1975). No entanto, desde o final da década de 1980 tem ocorrido um estreitamento da base genética de linhagens e cultivares oriundas de programas de melhoramento, resultante da utilização de poucos e aparentados genótipos elite como genitores em programas de melhoramento, trazendo como consequências, maior vulnerabilidade para uma gama de condições de estresses, além dos baixos índices de ganho genético para características de interesse agronômico. Rangel et al. (1996) relataram a predominância de apenas sete genitores na participação de cerca de 70% do pool gênico de cultivares de arroz de terras altas entre os anos de 1980 e 1992.

A demanda por produtos agrícolas constitui fator de influência da necessidade de conservação da variabilidade de espécies de importância econômica como o arroz. Para que a conservação e utilização do germoplasma sejam realizadas de forma eficiente, é necessário envolver desde a avaliação da variabilidade genética entre e dentro dos genótipos existentes, até a disponibilização de fácil acesso à informação do banco de germoplasma (Williams, 1989). A variabilidade genética representa a essência dos programas de melhoramento de plantas e os recursos genéticos armazenados nos bancos de germoplasma constituem-se componentes estratégicos nesse contexto. Contudo, ainda existe uma demanda de genótipos com características desejáveis para fundamentar as pesquisas (Nass, 2001), além das limitações para a utilização mais ampla dos acessos de arroz armazenados em bancos de germoplasma.

Os principais obstáculos à ampla utilização dos bancos de germoplasma estão relacionados ao grande número de acessos nas coleções de base e aos processos de obtenção e integração de dados que auxiliem os melhoristas na escolha de genótipos que efetivamente contribuam para o programa de melhoramento (Borba, 2007). Constitui-se um problema mundial a baixa utilização dos acessos armazenados neste tipo de conservação *ex situ*, em todas as espécies vegetais de importância econômica. Neste sentido, os trabalhos de caracterização, avaliação, multiplicação, conservação e manutenção de bancos de dados são essenciais, tanto para estimular a utilização desses acessos, como para orientar a tomada de decisões que otimizem as dispendiosas atividades de um banco de germoplasma (Sackville-Hamilton et al., 2002).

Frankel (1984) introduziu o conceito de ‘coleção nuclear’ sendo definido como

uma amostra representativa de uma coleção completa com mínima repetitividade e máxima diversidade genética de uma espécie específica e relacionados. A Coleção Nuclear de Arroz da Embrapa (CNAE) foi estabelecida por Abadie et al. (2005) a partir dos 10.000 acesos componentes do Banco Ativo de Germoplasma desta instituição, é composta por 550 acessos representantes da diversidade genética presente na coleção original. Esta composição foi definida seguindo estratificação conforme sistema de cultivo e tipo de germoplasma considerado (variedade tradicional, linhagens e cultivares brasileiras, e linhagens e cultivares de outros países). Com o menor número de genótipos na coleção nuclear tornam-se possíveis estudos de caracterização de acessos mais detalhados, com efetiva utilização das informações da diversidade genética e de caracteres de interesse agronômico.

No estudo da diversidade genética pode-se trabalhar com um método específico ou uma combinação de métodos (Mohammadi & Prasanna, 2003). Existem várias metodologias disponíveis para análises de diversidade genética em acessos de bancos de germoplasma, cultivares melhoradas ou qualquer tipo de população, e para o sucesso dos objetivos almejados vários tipos de atributos devem ser considerados na avaliação genotípica. Franco et al. (2001) apontam três conjuntos de variáveis importantes a serem consideradas nos processos de avaliação da diversidade, sendo elas: 1) variáveis fenotípicas contínuas, tais como caracteres morfoagronômicos; 2) variáveis fenotípicas discretas e 3) marcadores moleculares. Dessa maneira, consideram que para um total de *p* atributos, cada genótipo pode ser visualizado como sendo localizado em um espaço *p* multidimensional no qual cada dimensão é representada por um atributo.

Na cultura do arroz a caracterização dos recursos genéticos já tem sido feita morfoagronomicamente (baseada na análise do fenótipo com adoção de descritores morfológicos e avaliação de caracteres de interesse agronômico) e/ou por meio de técnicas de marcadores bioquímicos e moleculares, objetivando-se avaliar a diversidade genética e fontes de variabilidade genética entre genótipos (Martins et al., 2005; Brondani et al., 2006a; Magalhães, 2007; Vieira, 2007; Fonseca et al., 2008; Borba et al., 2009). O uso de marcadores morfológicos constituem a primeira fase de todo e qualquer estudo, em que se realizam a descrição detalhada das características fenotípicas dos acessos que compõe um banco de germoplasma. Os descritores morfológicos apresentam-se como ferramentas de extrema importância e aplicabilidade para a maioria das espécies vegetais quando se trabalha com a caracterização e estudos de diversidade genética, demonstrando facilidade

de manipulação e baixo custo na avaliação. No entanto apresentam também limitações, como em relação a subjetividade das avaliações, e principalmente quando envolve a distinção de genótipos elite aparentados e/ou com certo grau de uniformidade para características de interesse. Além disso, a variação morfológica nem sempre reflete a real variação genética, devido às interações genótipos x ambientes e do desconhecimento do controle genético dos caracteres agronômicos de herança poligênica.

O uso de ferramentas biotecnológicas associadas aos métodos convencionais de melhoramento permite explorar a variabilidade genética encontrada em acessos da cultura do arroz e seus parentes silvestres (Rangel et al., 2001). A tecnologia de marcadores moleculares é uma excelente ferramenta para promover a caracterização e detecção de diferenças entre indivíduos no DNA, avaliando genotipicamente sem a influência do ambiente ou do estádio de desenvolvimento do indivíduo. Tem-se atingido um aprimoramento das avaliações, com medidas mais precisas da variabilidade genética existente não somente entre os acessos armazenados, mas também dentro destes acessos (Brondani & Brondani, 2004), permitindo reunir informações úteis ao melhoramento genético, além de servir como complementação às técnicas morfológicas-agronômicas, bioquímicas e citológicas (Weising et al., 2005).

Entre os tipos de marcadores moleculares, Malone et al. (2007) destacam a utilização dos marcadores microssatélites (SSR) especialmente por apresentarem uma relação custo/benefício baixa e o grande número de microssatélites possíveis de ser obtido dependendo da espécie. Salientam ainda que comparando com as demais técnicas de marcadores moleculares, os SSRs são altamente polimórficos em espécies ou indivíduos de uma mesma população, e por serem do tipo co-dominantes, tem o potencial para identificar vários alelos para um mesmo loco. Essas características são de fundamental importância em estudos de estruturação genética de populações, além de análises de paternidade e contaminações genéticas.

No entanto, para a descrição mais adequada e eficiente de genótipos, deve-se considerar também a expressão desta variabilidade em nível de campo que, especificamente para o arroz, uma planta sensível ao fotoperíodo, possui diferenças fenotípicas marcantes quando há o cultivo em ambientes diferenciados (Brondani et al., 2006b). Com o conhecimento também do comportamento fenotípico dos genótipos, principalmente para aquelas características de maior interesse agronômico e impacto econômico, aumenta-se o potencial de uso dos acessos pertencentes aos bancos de

germoplasma. Isto favorece a manipulação e utilização da coleção nuclear desse cereal em programas de melhoramento genético que busquem, entre outros objetivos, a ampliação da base genética da cultura.

O presente trabalho utilizou dados de caracterização agronômica, realizada via metodologia de análise de modelos lineares mistos, utilizando os valores genotípicos preditos eliminando os efeitos de interferência do ambiente, sendo possível trabalhar com maior eficácia e confiabilidade na obtenção dos resultados. Os objetivos desse trabalho foram realizar uma análise comparativa da divergência genética entre 242 acessos da CNAE determinada por características agronômicas e moleculares, e identificar os genótipos com maior diversidade e com melhores atributos agronômicos.

4.2 MATERIAL E MÉTODOS

4.2.1 Material vegetal

Este trabalho avaliou os 242 acessos pertencentes aos estratos LCB (linhagens e cultivares brasileiras, com 94 acessos) e LCI (linhagens e cultivares introduzidas, com 148 acessos) da coleção nuclear de arroz da Embrapa (CNAE), a qual foi estruturada a partir dos acessos do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) da Embrapa Arroz e Feijão.

4.2.2 Caracterização agronômica

Os dados de caracterização agronômica dos acessos da CNAE foram obtidos a partir de nove experimentos seguindo o delineamento de blocos aumentados de Federer (Federer, 1956), conduzidos em seis Estados brasileiros (Goiás, Roraima, Rio Grande do Sul, Mato Grosso, Piauí e Rondônia), nos sistemas de cultivo de sequeiro ou irrigado (item 3.2.2), entre os anos de 2004 e 2006.

Foram avaliados cinco caracteres agronômicos, obtidos a campo e em laboratório (Tabela 4.1): produtividade de grãos (Kg ha^{-1}), dias até o florescimento (Flo), altura de plantas (Alt), porcentagem de grãos inteiros (Int) e teor de amilose (TA).

Tabela 4.1 Caracteres agronômicos utilizados na avaliação de acessos dos estratos LCB e LCI da CNAE.

Caráter	Descrição do caráter
Produtividade de grãos (Kg ha^{-1})	Peso de grãos colhidos na área útil da parcela, corrigindo para a umidade padrão de 13% e transformada em kg ha^{-1}.
Dias até florescimento (Flo)	Número de dias transcorridos da semeadura até 50% das plantas florescidas na parcela.
Altura de plantas (Alt)	Distância média, em centímetros, da superfície do solo até a extremidade da panícula mais alta da planta, medida em 10 plantas por parcela, durante o estádio de grãos pastosos.
Porcentagem de grãos inteiros (Int)	Porcentagem de grãos inteiros obtida da avaliação no ponto de colheita, quando cerca de 2/3 dos grãos das panículas estavam maduros.
Teor de amilose (TA)	Determinado segundo metodologia descrita por Juliano (1979), utilizando-se 90 grãos inteiros, polidos e sadios, seguindo o critério: 1) Baixo – Menos de 22% de amilose 2) Intermediário - 23% até 27% de amilose 3) Alto – Acima de 28% de amilose

4.2.3 Análise dos dados agronômicos

A partir da análise conjunta de experimentos realizada entre os nove ensaios, utilizando-se uma abordagem de modelos mistos (item 3.2.4), obteve-se os valores genéticos preditos dos 242 acessos, livres dos efeitos de interação, com base no procedimento REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viciada). As análises foram realizadas por meio dos softwares R (R Development Core Team, 2009).

A partir da média geral predita para cada genótipo, avaliou-se o conjunto de dados dos 242 acessos e sub-grupos por meio de estatística descritiva e multivariada. A divergência genética entre os acessos foi estimada pelo procedimento de distância Euclidiana média ($d_{ii'}$) (Cruz & Regazzi, 1997) dada por:

$$d_{ii'} = \sqrt{\frac{1}{n}\sum_{j}(x_{ij} - x_{i'j})^2}$$

Em que:

$d_{ii'}$ *:* é a distância euclidiana média baseada em dados padronizados entre o *i*-ésimo e o *i'*-ésimos acessos;

$x_{ij} = \frac{X_{ij}}{S(X_j)}$, sendo:

X_{ij}: a observação no *i*-ésimo acesso (*i = 1, 2, ...a)* em referência ao *j*-ésimo caráter estudado (*j= 1, 2,..., n)*;

$S(X_j)$: é o desvio-padrão dos dados do *j*-ésimo caráter.

4.2.4 Análise dos dados moleculares

Os dados da caracterização molecular por marcadores SSR dos 242 acessos foram obtidos a partir do trabalho de Borba (2007), em que cada acesso foi avaliado em um bulk de quatro plantas. O DNA genômico foi extraído de acordo com o procedimento descrito por Brondani et al. (2002). A divergência genética entre acessos foi estimada por meio da distância de Rogers modificada por Wright (RW) disponível no software NTSYS (Rohlf, 1989).

Foram utilizados o método de agrupamento hierárquico aglomerativo de Ward (Ward, 1963) para a avaliação dos valores genotípicos preditos e UPGMA (*Unweighted pair group method with arithmetic average*) para os dados moleculares. As análises foram realizadas nos programas GENES e NTSYS (Rohlf, 1998; Cruz, 2001).

4.2.5 Comparação entre as distâncias genéticas moleculares e valores genotípicos

A comparação entre as distâncias genéticas e valores genotípicos dos 242 acessos foi realizada com base nas matrizes de dissimilaridade genética (distância Rogers-

Wright) e fenotípica (distância euclidiana média) por meio do teste Z de Mantel (Manly, 1997). Este teste compara duas matrizes entre si, elemento por elemento, fornecendo um valor de correlação (r) que quantifica o grau de relacionamento entre as matrizes, sendo testada a significância de r por meio de permutações (Mantel,1967). Para tanto, foi utilizado o módulo MAXCOMP do software NTSYS-pc 2.1 (Rohlf, 1998), com a significância obtida por meio de 1.000 permutações.

4.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.3.1 Características agronômicas

Com base nas médias preditas obtidas a partir da análise conjunta envolvendo os nove ambientes experimentais, verificou-se que para a maioria dos caracteres avaliados, houve pequena variação entre as médias gerais dos grupos de genótipos irrigados e de sequeiro (Tabela 4.2). No entanto, a amplitude dos dados foi mais expressiva entre os acessos do sistema de cultivo irrigado. A maior amplitudes, comparando-se os dois sistemas de cultivo, ocorreu para a variável altura de plantas, em que os acessos irrigados apresentaram uma variação entre os valores máximos e mínimos 80% superior aos dos materiais de sequeiro.

Tabela 4.2 Medidas descritivas para caracteres agronômicos entre os grupos irrigados (I) e sequeiros (S) de acessos brasileiros e introduzidos da CNAE.

Caráter	Grupo	Média	Desvio Padrão	Máximo	Mínimo
Produtividade	I	3561	196,68	4474	3109
(kg ha^{-1})	S	3494	134,12	4001	2983
Florescimento	I	91,98	0,7883	92,42	88,26
(Dias)	S	92,14	0,4574	92,42	89,82
Altura	I	109,18	2,3018	127,51	103,24
(cm)	S	109,57	0,7419	110,50	105,80
Grãos inteiros	I	51,21	2,5860	55,82	40,84
(%)	S	51,61	2,6219	57,58	42,95
Teor de amilose	I	24,43	0,4557	25,65	22,78
(%)	S	24,35	0,3374	25,49	23,09

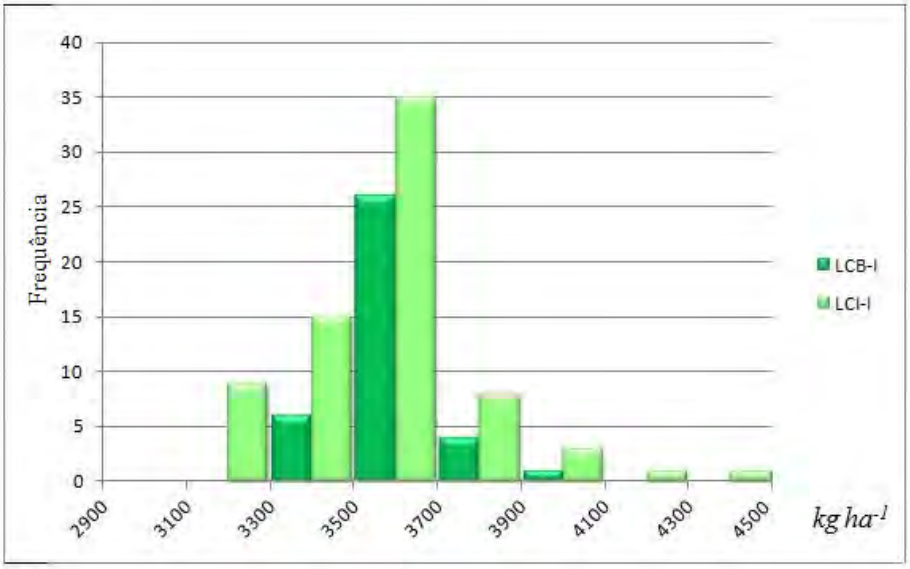
Considerando todas as características, os valores mais extremos foram identificados para acessos do estrato LCI, tanto no conjunto irrigado quanto sequeiro. Acessos pertencentes a este estrato também são maioria entre os de melhor desempenho

médio quanto a produtividade de grãos, o que demonstra o grande potencial produtivo desses materiais como genitores em programas de melhoramento de arroz no Brasil. Para o caráter produtividade de grãos, a classe com maior número de acessos apresentou médias entre 3500 e 3700 kg ha^{-1}. As médias variando desde 3109 kg ha^{-1} (CNA0002258) a 4474 kg ha^{-1} (CNA0005853) nos genótipos irrigados, e de 2983 kg ha^{-1} (CNA0004697) a 4001 kg ha^{-1} (CNA0001006) nos genótipos de sequeiro (Figura 4.l).

Na média dos ambientes, os acessos apresentaram uma tendência para ciclo médio, com ocorrências mínimas de 88 dias e máximas de 92 dias, apesar de terem ocorrido médias de acessos mais precoces, como 77 dias em Teresina_Seq2006 e mais tardias, com 107 dias em Pelotas_Irr2005. Essa variação já era esperada, e é decorrente do prolongamento do período até o florescimento à medida que o tempo de exposição à luz aumenta, a qual no Brasil varia grandemente em decorrência da variação de latitude conforme a região de cultivo, uma vez que a planta de arroz é sensível ao fotoperíodo.

Por meio da análise conjunta dos caracteres relativos à qualidade de grãos, verifica-se que os acessos apresentam predominância de teores intermediários de amilose, com média geral de 24%, normalmente correspondente ao arroz não-glutinoso após o cozimento, o que atende as exigências para o consumo de arroz no Brasil. Houve pequena diferença entre as médias dos acessos provenientes dos grupos sequeiro e irrigado para a variável porcentagem de grãos inteiros, encontrando-se em média cerca de 51% para este caráter.

(a)



(b)

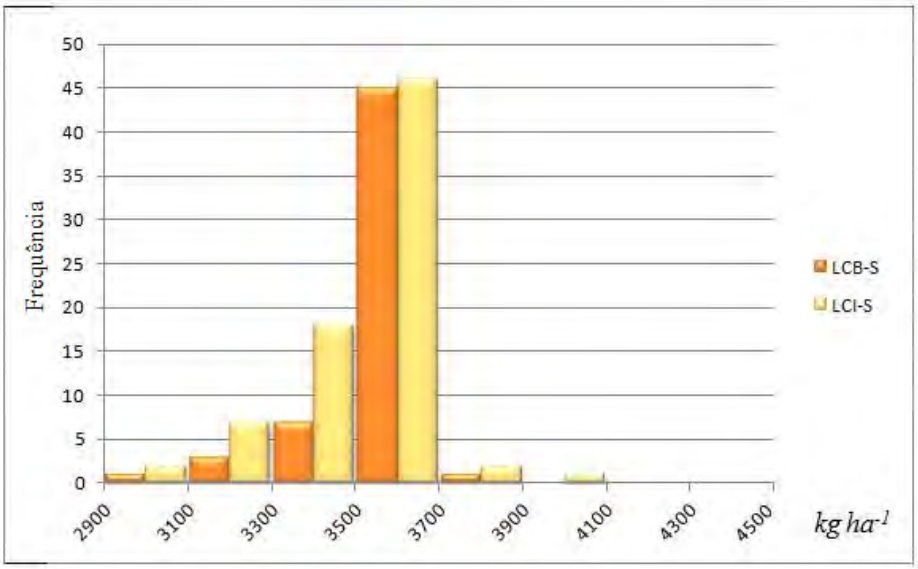


Figura 4.1 Distribuição de frequências para o caráter produtividade de grãos entre os acessos irrigados (a) e sequeiros (b), e estratos de linhagens e cultivares brasileiras (LCB) e linhagens e cultivares introduzidas (LCI).

4.3.2 Medidas de dissimilaridades

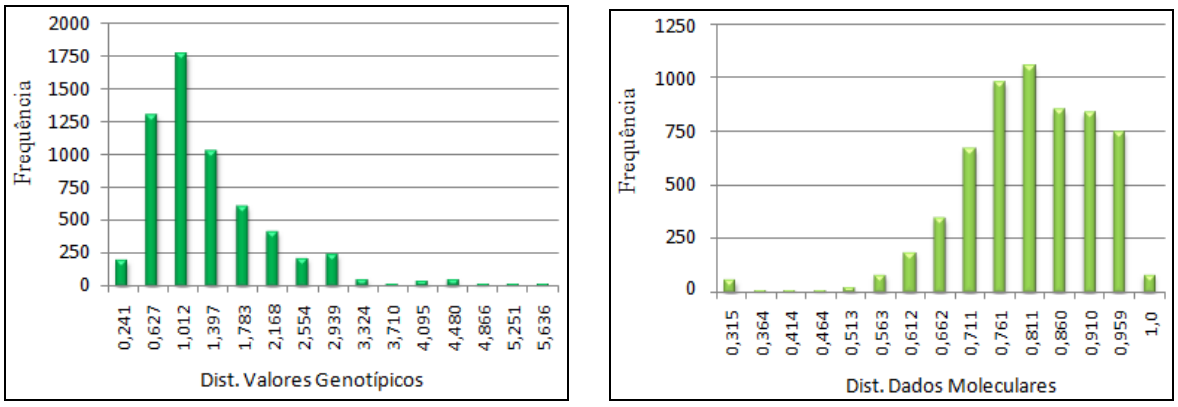
As medidas estatísticas dos índices de dissimilaridade calculados com base nos dados fenotípicos (Distância Euclidiana Média) e moleculares (Distância de Rogers-Wright) para os grupos de acessos melhorados pertencentes à CNAE são apresentadas na Tabela 4.3. Os dados fenotípicos apresentaram uma maior amplitude de variação dos índices de distância entre acessos quando comparados aos dados moleculares. Houve pequena variação entre os valores médios encontrados para as distâncias baseadas em

dados fenotípicos entre acessos irrigados (1,159) e sequeiro (1,148), sendo mínima também para as distâncias obtidas por dados moleculares (0,783 e 0,731 entre irrigados e sequeiros, respectivamente).

Tabela 4.3 Medidas descritivas dos índices referentes às distâncias baseadas nos valores genotípicos (V) e em dados moleculares (M) dos grupos de acessos irrigados (I) e sequeiros (S) melhorados da CNAE.

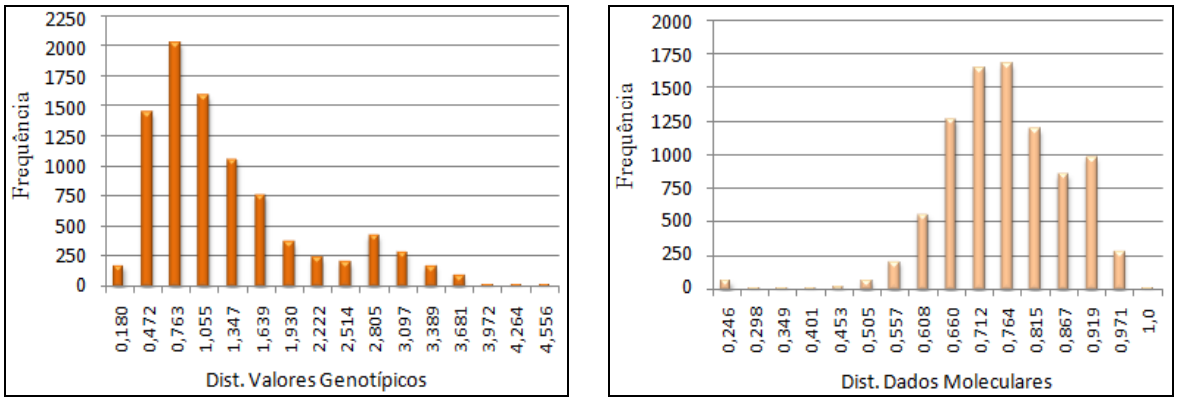
Medidas	VI	MI	VS	MS
Média	1,159	0,783	1,148	0,731
Mínimo	0,049	0,29	0,034	0,22
Máximo	5,490	0,99	4,316	0,98
Amplitude	5,442	0,70	4,282	0,76
Desvio Padrão	0,799	0,127	0,817	0,121

As distribuições de frequência das medidas de dissimilaridade entre os pares de acessos dos grupos irrigados e de sequeiro são apresentadas nas Figuras 4.2 e 4.3, respectivamente. Verifica-se que para as informações fenotípicas (com base nos valores genotípicos), a maior parte dos pares de acessos apresentou baixas medidas de distâncias, sendo a distribuição enviesada, devido a ocorrência de poucos pares com grandes diferenças entre genótipos, e resultante da expressão diferencial para o conjunto de características avaliadas. Já para as distâncias moleculares, foi pequena a ocorrência de baixos índices de dissimilaridade, evidenciando a predominância de pares de acessos com maior diferenciação genética.



(a) **(b)**

Figura 4.2 Distribuição das distâncias dos valores genotípicos (**a**) e moleculares (**b**) entre pares de acessos irrigados. Escala baseada nas frequências de classes.



(a) **(b)**

Figura 4.3 Distribuição das distâncias dos valores genotípicos (**a**) e moleculares (**b**) entre pares de acessos de sequeiro. Escala baseada nas frequências de classes.

Embora os valores genotípicos e moleculares tenham resultado em uma ampla distribuição dos índices de dissimilaridade, a distribuição dessa variação nos dois tipos de distância apresentou-se muito diferente, demonstrando ao menos para este conjunto de genótipos, que os valores genotípicos apresentam pouca correspondência com os dados moleculares. Devido esta baixa relação entre os dados da caracterização fenotípica e molecular, o estudo de genótipos para fins de uso para o melhoramento genético deve incluir ambas avaliações. A análise molecular permite que sejam identificados genótipos com vínculo genético reduzido e caso sejam utilizados como parentais em um cruzamento, aumentam as chances de serem obtidos na progênie indivíduos ou famílias com combinações alélicas inéditas, com a possibilidade de que alguns desses possuam desempenho fenotípico superior.

Entre os acessos de sequeiro, a máxima distância dos valores genotípicos entre acessos (4,31) foi detectada entre CNA0003005 (LCI) e CNA0006030 (LCB), os quais estiveram incluídos entre os acessos de menor média de produtividade. Já as maiores similaridades com base nas informações agronômicas foram detectadas entre os genótipos IAC_201, IAPAR_63 (LCBs) e CNA0003289 (LCI), com índices inferiores à 0,0042 entre os pares de combinações. Entre os acessos de irrigado, os maiores índices de distância com base nos valores genotípicos (acima de 5,13) foram obtidos dos pares de combinações envolvendo o acesso CNA0005477 e a maior similaridade fenotípica foi obtida entre os acessos CNA0001472 e CNA0006910, ambos do estrato LCI.

Quanto à distância genética baseada em marcadores moleculares, no conjunto sequeiro, o acesso CNA0003005 apresentou os maiores valores, principalmente quando comparado aos genótipos CNA0003289, CNA0006572, CNA0009415 (LCIs) e

CNA0004172 (LCB). Todos estes cinco acessos apresentaram as menores médias de produtividade do conjunto de genótipos avaliados. No grupo de genótipos irrigados, os pares de acessos BR_IRGA_413 (LCB) e CNA0002416 (LCI), BRS_BIGUA (LCB) e CNA0005014 (LCI), CNA0003195 (LCI) e RS6PL5-12-6-B (LCB) apresentaram as maiores distâncias, havendo nestes casos, comportamento variável quanto a produtividade de grãos. A variação para produtividade é um exemplo do que pode ocorrer quando os marcadores moleculares são a única fonte de informação para a escolha de genitores visando a ampliação da base genética. A alta diversidade genética pode ser encontrada também entre genótipos que apresentam elevado potencial produtivo tanto nos materiais de sequeiro quanto irrigado (Tabela 4.4).

Tabela 4.4 Pares de genótipos que apresentam combinação de elevada diversidade genética (com base na medida de distância de Rogers-Wright (RW)) e alto potencial quanto a produtividade de grãos.

Cód. CNAE	Genótipo		Cód. CNAE	Genótipo	Dist. RW
Irrigados					
LCB2	BR_IRGA_413	/	LCI89	CNA0005853	0,98
LCB2	BR_IRGA_413	/	LCI77	CNA0005014	0,98
LCI64	CNA0004552	/	LCI77	CNA0005014	0,98
LCB4	BRS_BIGUA	/	LCI77	CNA0005014	0,98
LCI65	CNA0004566	/	LCI77	CNA0005014	0,97
LCI48	CNA0003411	/	LCI89	CNA0005853	0,97
LCI50	CNA0003446	/	LCI89	CNA0005853	0,97
LCI65	CNA0004566	/	LCI102	CNA0006961	0,96
LCI89	CNA0005853	/	LCI108	CNA0008416	0,96
LCB2	BR_IRGA_413	/	LCB14	CNA0001108	0,95
LCI88	CNA0005478	/	LCI89	CNA0005853	0,94
LCB20	CNA0001344	/	LCI64	CNA0004552	0,94
Sequeiros					
LCI9	CNA0000482	/	LCB56	CNA0006422	0,96
LCI17	CNA0001006	/	LCB56	CNA0006422	0,95
LCI17	CNA0001006	/	LCB29	CNA0003490	0,94
LCI9	CNA0000482	/	LCI132	CNA0010476	0,94
LCI74	CNA0004759	/	LCI93	CNA0006034	0,94
LCI17	CNA0001006	/	LCI132	CNA0010476	0,93
LCB39	CNA0004748	/	LCB56	CNA0006422	0,93
LCB46	CNA0005901	/	LCB56	CNA0006422	0,93
LCI93	CNA0006034	/	LCB56	CNA0006422	0,93
LCI1	5287	/	LCB62	CNA0007425	0,93
LCI1	5287	/	LCB29	CNA0003490	0,93
LCI9	CNA0000482	/	LCB29	CNA0003490	0,92

Para maximizar a chance de se obter na progênie uma família ou linhagem com desempenho superior, devem ser priorizados cruzamentos em que os dados de caracterização molecular identifiquem os genitores mais distantes geneticamente, e que possuam um desempenho agronômico *per se* satisfatório. Além disso, a análise de experimentos em dialelo para identificar as melhores combinações envolvendo genitores geneticamente divergentes e com bom desempenho *per se* pode ser de grande utilidade para programas de melhoramento.

4.3.3 Análises de agrupamento

Observou-se que pelo método de agrupamento de Ward, constituído a partir da distância Euclidiana Média para os dados fenotípicos dos grupos de acessos irrigado e sequeiro, houve a formação de oito e quatro grupos, respectivamente. Considerando-se um ponto de corte correspondente ao valor médio das distância entre acessos (1,16 e 1,15, respectivamente), os maiores agrupamentos formados reuniram 50 indivíduos, no conjunto irrigado e 93 no conjunto de genótipos sequeiro.

Na distribuição do conjunto de acessos de sequeiro, o agrupamento com menor número de indivíduos foi constituído por cinco acessos que tiveram os piores desempenhos quanto a produtividade de grãos. Entre os irrigados, quatro grupos foram constituídos por um pequeno número de acessos, dois deles por apenas um indivíduo, todos pertencentes ao estrato LCI. Com relação aos acessos irrigados, foram obtidos grupos de alta diversidade, mas com desempenho produtivo contrastante, ou seja, incluindo acessos com as menores médias de produtividade (ex. CNA0002293), assim como médias entre os mais produtivos (CNA0005853, CNA0001423 e CNA0005478).

Nos agrupamentos formados por menores quantidades de indivíduos, foram identificados em cada conjunto de acessos (irrigados e de sequeiro), dois genótipos previamente selecionados para constituírem a Mini-Coleção Nuclear de Arroz. Esta mini-coleção foi constituída por 24 acessos que apresentaram maiores divergências genéticas dentre as 242 linhagens e cultivares da CNAE analisadas com 86 marcadores SSR (Borba et al., 2009).

Com relação aos dendrogramas gerados a partir dos dados de distância obtidos por marcadores moleculares, não houve a formação de grupos homogêneos até uma distância aproximada de 60% da maior distância entre acessos. Esse fato evidencia que as

linhagens e cultivares da CNAE possuem uma variabilidade genética (baseada nos dados moleculares) satisfatória. Nos conjuntos de acessos irrigados e de sequeiro formaram-se oito e onze grupos, quando considerada a distância média entre os acessos como ponto de corte (0,78 e 0,73, respectivamente).

O acesso CNA0005477 (LCI87), do sistema de cultivo irrigado, apresentou divergência genética suficiente para pertencer a grupos isolados tanto através de dados moleculares quanto agronômicos, além de possuir desempenho favorável para outras características de interesse agronômico.

4.3.4 Correlações entre medidas de dissimilaridades

Na Tabela 4.5 são apresentadas as correlações entre as medidas de dissimilaridade obtidas por valores genotípicos e dados moleculares. Apesar dos coeficientes de correlação serem relativamente baixos para os acessos de irrigados (r=0,156) e de sequeiro (r=0,409), estes foram significativos pelo teste de Mantel (P<0,01).

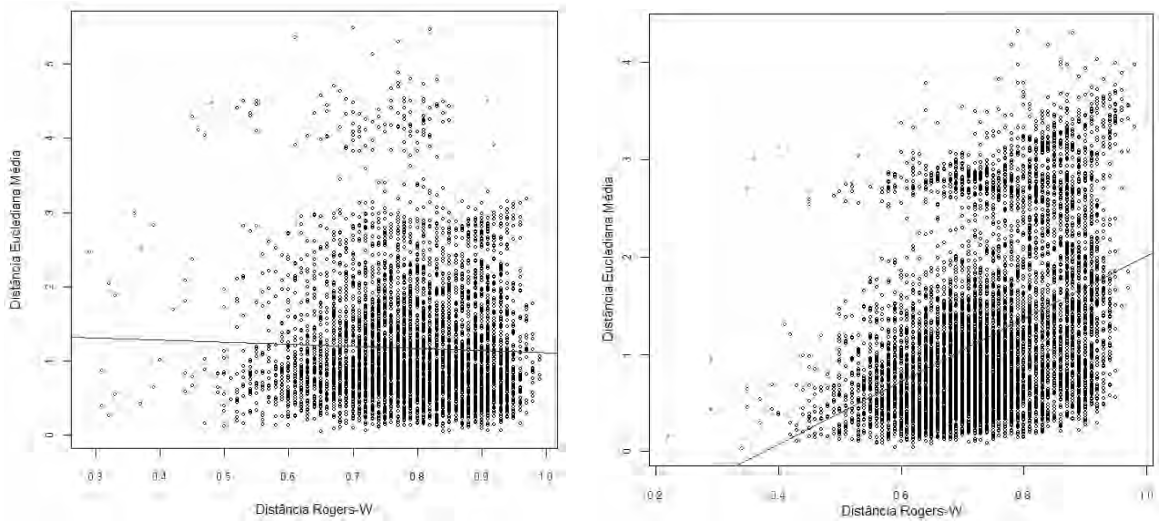
Tabela 4.5 Coeficientes de correlação e intervalos de confiança do teste de Mantel (1.000 simulações) entre as matrizes de dissimilaridade obtidas pelos valores genotípicos e dados molecular, a partir da avaliação dos grupos de acessos irrigados e sequeiros da Coleção Nuclear de Arroz da Embrapa.

Matrizes	Coeficiente de correlação	Nº de acessos	P-valor
VI x MI	0,156 **	109	0,00001
VS x MS	0,409 **	133	0,00001

** e * : Significativo a 1 e 5% de probabilidade pelo teste de Mantel baseado em 1000 simulações.
VI e VS: Matrizes de dissimilaridade dos valores genotípicos entre acessos irrigados e sequeiros, respectivamente.
MI e MS: Matrizes de dissimilaridade dos dados moleculares entre acessos irrigados e sequeiros, respectivamente.

Na Figura 4.4 são apresentadas as relações entre as distâncias dos valores genotípicos e moleculares, dos grupos de acessos irrigados e sequeiros, respectivamente. Apesar de não haver uma distribuição linear dos dados, para o conjunto de acessos de sequeiro, ocorreu uma tendência de dispersão no formato "triangular" para a relação entre as duas distâncias. Este resultado também foi obtido por Dillmann et al. (1997) e Burstin & Charcosset (1997) em estudos comparativos entre as distâncias obtidas por dados fenotípicos e moleculares entre linhagens de milho. Esse tipo de conformação sugere que baixas distâncias moleculares foram associadas com baixas distâncias agronômicas,

enquanto elevadas distâncias moleculares foram associadas com uma ampla variação de distâncias agronômicas.



(a) **(b)**

Figura 4.4 Dispersão dos valores de distâncias estimadas a partir de dados moleculares (abscissa) e valores genotípicos (ordenada) entre acessos irrigados **(a)** e entre acessos de sequeiro **(b)** da CNAE.

Além disto, o formato triangular pode ser explicado pela herança poligênica dessas características, pois um determinado valor quantitativo pode ser obtido a partir de diferentes combinações gênicas (Burstin & Charcosset, 1997). No arroz, a herança poligênica tem sido demonstrada para a maioria dos caracteres que geralmente são considerados na estimação de distâncias fenotípicas, como ocorre com os componentes de produção, qualidade de grãos, características fenológicas, etc. (Zhuang et al., 1997; Liao et al., 2001; Bao et al., 2004; Fujita et al., 2009; Farooq et al., 2010).

Burstin & Charcosset (1997) demonstraram que a correlação entre distâncias obtidas por dados fenotípicos e distâncias obtidas por marcadores necessariamente diminui com o aumento no número de locos envolvidos na manifestação de determinada característica. Outro fator que também afeta a relação entre distâncias quantitativas e moleculares é o desequilíbrio de ligação entre loco marcador e os locos de caracteres quantitativos (QTL) relacionados às características consideradas na estimação da distância Charcosset et al. (1990). O termo desequilíbrio de ligação (DL) se refere a associação não aleatória entre alelos de diferentes locos, e na ocorrência desse fenômeno é esperada uma forte relação entre as medidas de distância fenotípica e molecular, como no caso onde os genótipos envolvidos na análise são muito relacionadas geneticamente. Por outro lado, nas

condições em que não ocorre DL as duas medidas de distância variam independentemente (Dillmann et al., 1997). Para o arroz, o mais alto índice de DL foi encontrado para a subespécie *japonica* Garris et al. (2005), onde normalmente estão incluídos os genótipos de arroz de terras altas, e esta pode ser a causa da existência de maior correlação entre as medidas de distância para o grupo de acessos de sequeiro.

4.3.5 Avaliação comparativa dos acessos mais produtivos

A avaliação da variabilidade genética entre os genótipos pode ser visualizada de forma ainda mais efetiva a partir da avaliação dos dendrogramas. A principal vantagem da utilização desta ferramenta está na possibilidade de reunir diversas variáveis em apenas uma análise. Nesse caso, o resultado é a visualização de uma figura que representa o grau de similaridade ou dissimilaridade que os genótipos possuem. Cruz & Regazzi (2001) apontam a utilização de distância genéticas entre os genótipos como forma de prever a variabilidade entre possíveis combinações híbridas. Entretanto, aliado aos estudos de distância também é necessário que os genótipos destinados a hibridações associem elevado desempenho individual e aspectos de adaptabilidade e estabilidade para produtividade de grãos ou outros caracteres de interesse do melhorista (Magalhães Jr., 2007). Uma vez atendidos estes requisitos, é grande a possibilidade de seleção de genótipos transgressivos, devido à ocorrência de heterose e à ação de genes complementares, pois genótipos com elevada produtividade, porém geneticamente distantes, podem apresentar locos distintos controlando o caráter e, consequentemente, determinando boa capacidade de combinação (Carvalho et al., 2001).

Neste contexto, os acessos mais produtivos foram analisados por marcadores SSR, e o critério utilizado como ponto de corte para a inclusão de acessos foi o do valor médio da produtividade de grãos mais um desvio padrão.

Em todas as variáveis consideradas, praticamente não houve diferenças entre as médias dos acessos mais produtivos dos dois sistemas de cultivo, à exceção para o caráter produtividade de grãos. Entre os acessos irrigados mais produtivos houve uma média de produtividade de 3856 kg ha^{-1}, com variação entre 3690 kg ha^{-1} e 4474 kg ha^{-1}, sendo a maioria dos acessos pertencentes ao estrato LCI. Entre os materiais de sequeiro a média de produtividade foi de 3629 kg ha^{-1}, sendo incluídos os acessos pertencentes aos estratos LCB e LCI na mesma proporção (Tabela 4.6).

Tabela 4.6 Médias preditas para os caracteres agronômicos dos vinte acessos mais produtivos dos grupos de acessos irrigados e sequeiros da Coleção Nuclear de Arroz da Embrapa.

Código CNAE	Genótipo[1]	Kg ha^{-1}	Flo	Alt	Int	TA
		Irrigado				
LCB2	BR_IRGA_413	3833	92,25	109,49	54,28	24,63
LCB7	BRS_JABURU	3746	92,29	108,11	54,86	24,36
LCI5	CICA_9	3753	92,36	108,23	49,10	24,64
LCB14	CNA0001108	3803	91,75	111,77	51,89	24,21
LCB20	CNA0001344	3940	91,81	110,88	52,02	24,36
LCI20	CNA0001423	4179	88,33	104,31	52,22	24,82
LCI21	CNA0001467	3727	90,00	108,21	49,83	24,32
LCI51	CNA0003452	3690	91,66	108,19	50,53	24,29
LCI56	CNA0003668	3704	92,41	108,09	51,97	24,66
LCI64	CNA0004552	3928	91,43	106,60	50,57	24,87
LCI65	CNA0004566	3799	92,37	108,25	55,76	24,91
LCI77	CNA0005014	3834	92,23	108,16	53,69	23,83
LCI88	CNA0005478	4097	89,92	105,25	55,65	24,65
LCI89	CNA0005853	4474	92,14	114,83	46,99	23,70
LCB49	CNA0006129	3694	92,36	108,11	52,66	24,21
LCI102	CNA0006961	3937	92,23	110,23	50,37	24,11
LCI108	CNA0008416	3773	92,29	108,93	52,32	24,64
LCI142	MINAMI_HATA_MOCHI	3771	91,50	109,20	48,18	23,16
LCI145	ORYZICA_1	3702	92,29	107,95	53,49	24,37
LCB94	SCS_BRS_112	3731	92,38	108,11	52,86	24,36
Média		3856	91,70	108,65	51,96	24,36
		Sequeiro				
LCI9	CNA0000482	3659	92,37	108,85	54,51	24,29
LCB11	CNA0000994	3589	92,36	109,14	51,01	24,12
LCI17	CNA0001006	4001	92,26	108,62	55,46	24,26
LCI40	CNA0003288	3616	92,25	108,89	49,97	24,71
LCB29	CNA0003490	3592	92,30	109,47	52,99	24,56
LCB31	CNA0004098	3584	92,26	109,85	53,59	23,91
LCB32	CNA0004120	3565	92,24	110,10	53,49	24,13
LCB37	CNA0004206	3564	92,24	110,05	51,99	24,43
LCB39	CNA0004748	3648	92,26	109,03	48,65	24,49
LCI73	CNA0004752	3723	92,39	108,66	47,56	24,13
LCI83	CNA0005358	3591	92,31	106,14	46,76	24,55
LCB46	CNA0005901	3562	92,18	109,80	53,91	24,40
LCI93	CNA0006034	3743	92,18	110,05	46,63	24,41
LCB53	CNA0006187	3562	92,25	110,11	55,36	24,48
LCB56	CNA0006422	3559	91,45	107,76	50,71	24,79
LCB62	CNA0007425	3739	91,45	105,80	51,87	23,94
LCI113	CNA0009115	3557	92,25	110,15	52,22	24,26
LCI121	CNA0009227	3564	92,23	109,55	52,81	24,61
LCI123	CNA0009280	3558	92,23	109,53	53,37	24,46
LCI132	CNA0010476	3596	92,23	110,44	50,76	24,54
Média		3629	92,18	109,10	51,68	24,37

[1] Genótipos sublinhados são constituintes também da Mini-Coleção Nuclear de Arroz da Embrapa.

A ocorrência de genótipos LCI entre os mais produtivos, apesar de não terem sido desenvolvidos no Brasil, nos dois sistemas de cultivo, pode ser reflexo da sua maior diversidade gênica (0,74) em comparação à encontrada nos acessos oriundos de programas melhoramento brasileiros (0,68), a qual poderia resultar em um maior valor adaptativo frente às diferentes condições de cultivo em que foram conduzidos os experimentos de avaliação da CNAE.

Considerando os materiais mais produtivos, as maiores distâncias agronômicas e moleculares foram identificadas entre os genótipos do sistema de cultivo irrigado, com distância genética máxima de 0,98 entre os acessos BR_IRGA_413 e CNA0005014, BR_IRGA_413 e CNA0005853, e CNA0004552 e CNA0005014. Este padrão de diversidade entre os mais produtivos segue a mesma ocorrência encontrada por Borba et al. (2009) para o conjunto total dos acessos da CNAE, que identificaram um maior valor de diversidade gênica nos acessos irrigados (0,74) em relação aos de sequeiro (0,64), assim como uma maior distância média RW (0,80 e 0,74, respectivamente).

Este fato pode ser explicado a partir das diferentes condições adaptativas que os materiais irrigados foram sofrendo ao longo do processo de domesticação e cultivo, devido às maiores áreas de ocupação e diversificação de ambientes, quando comparados aos acessos de arroz de sequeiro.

As diferenças nos processos de especiação das subespécies *indica* e *japonica* (bases genéticas formadoras dos grupos de acessos irrigados e de sequeiro, respectivamente) certamente estão relacionadas à origem de um número diverso e variado de alelos, contribuindo de modo importante para a variabilidade genética encontrada e diferenciado os acessos irrigados e de sequeiro. Entre os materiais de sequeiro, máximas distâncias genéticas foram identificadas entre os acessos CNA0000482 e CNA0006422, CNA0001006 e CNA0006422, CNA0001006 e CNA0003490 com índices RW maior ou igual a 0,95.

Apesar de ser possível encontrar alta diversidade genética entre os acessos identificados como de maior produtividade, baixos índices de distância RW também foram detectados, como por exemplo, a distância de 0,54 entre os genótipos irrigados CICA_9 e CNA0004552 (LCIs), ORYZICA_1 (LCI) e SCS_BRS_112 (LCB), e de 0,53 entre os pares de acessos de sequeiro CNA0004098 e CNA0004120 (LCBs), CNA0009280 e CNA0010476 (LCIs). Apesar de elevado desempenho produtivo *per se*, é possível que o

ganho genético obtido com a seleção das melhores progênies derivadas dos cruzamentos entre estes genótipos seja reduzido.

Análises de agrupamento foram realizadas para visualizar o relacionamento genético entre os vinte acessos mais produtivos dentro dos grupos sequeiro e irrigado (Figuras 4.5 a 4.8). As respectivas distâncias médias entre acessos foram utilizadas para delimitar a região de corte, e com isto, definir os grupos de similaridade. Pelo método de agrupamento de Ward (Ward, 1963) para os dados referentes a caracterização fenotípica, considerando o conjunto de genótipos irrigados e distância média de 1,19, foram identificados três grupos (Figura 4.5). Dois acessos foram reunidos no primeiro agrupamento, e um indivíduo não agrupou, sendo esses três pertencentes ao estrato LCI e corresponderam aos materiais de melhor desempenho produtivo em relação aos demais acessos. No segundo e terceiro grupos ocorreram oito e nove indivíduos, respectivamente, incluindo-se tanto acessos LCI quanto LCB. No dendrograma gerado com os genótipos de sequeiro houve a formação de três grupos, com o primeiro formado por dois acessos LCB e o segundo por cinco materiais de maioria pertencente ao estrato LCI (Figura 4.7). De maneira semelhante ao conjunto irrigado, o genótipo mais produtivo também não agrupou com os demais materiais de sequeiro, e também é pertencente ao estrato LCI. O maior grupo foi constituído por doze acessos oriundos de diferentes programas de melhoramento do Brasil e exterior.

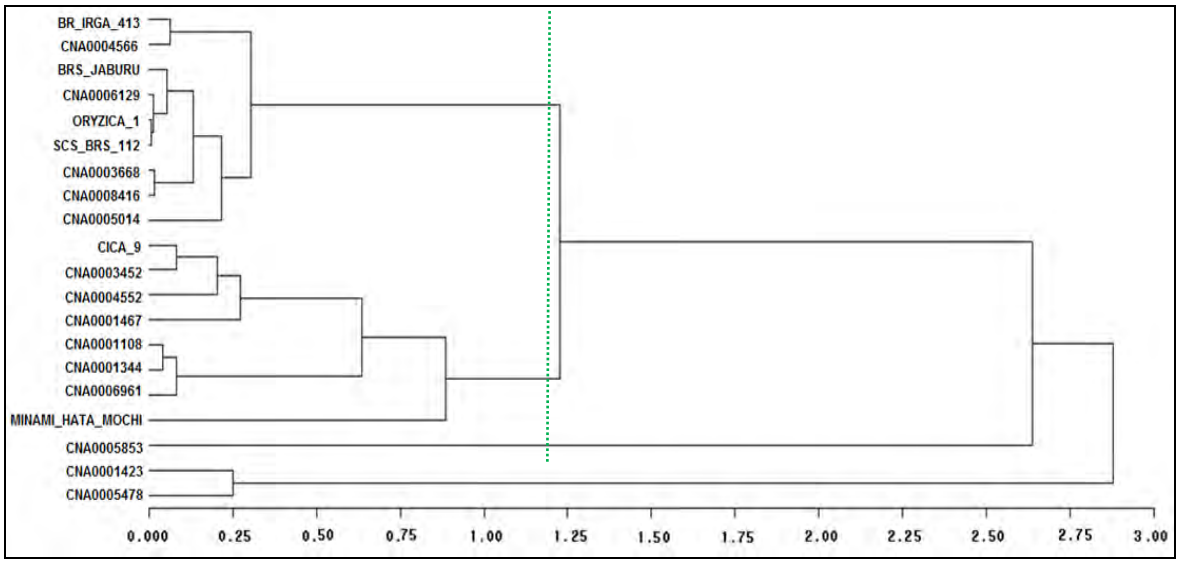


Figura 4.5 Dendrograma formado pelo método de agrupamento de Ward para os dados de distâncias baseada nos valores genotípicos preditos dos vinte acessos mais produtivos do conjunto irrigado.

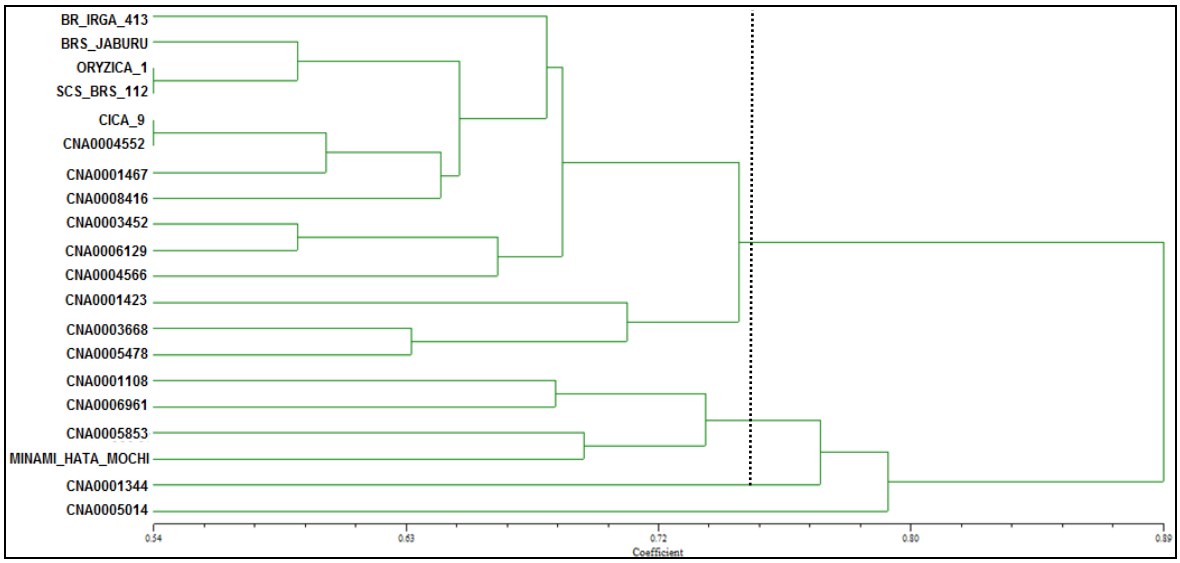


Figura 4.6 Dendrograma formado pelo método de agrupamento UPGMA para os dados de distâncias de RW dos vinte acessos mais produtivos do conjunto irrigado.

Utilizando os dados de distância genética obtida por marcadores moleculares e o método de agrupamento UPGMA, verificou-se uma estruturação diferenciada dos genótipos agrupados quando em comparação aos agrupamentos formados a partir dos dados fenotípicos, tanto no conjunto sequeiro quanto irrigado (Figuras 4.6 e 4.8). Entre os acessos irrigados considerando distância média de 0,75 foram identificados dois grupos, e dois acessos não agrupados, sendo um deles coincidente com um dos pré-selecionados para Mini-CNAE. O primeiro grupo foi constituído por quatro acessos, sendo dois deles também pertencentes a Mini-CNAE, enquanto no segundo grupo foram reunidos 14 acessos com maioria predominante do estrato LCI. No conjunto de sequeiros apenas um acesso foi agrupado em um dos quatro grupos formados em um ponto de corte à distância média de 0,73. No primeiro e segundo grupos foram reunidos três e dois acessos, respectivamente, dentre os quais há ocorrência também de genótipos integrantes da Mini-CNAE, o que demonstra a potencialidade em conciliar alta diversidade genética ao bom desempenho para caracteres de interesse. Os grupos três e quatro foram constituídos por 12 e dois acessos, respectivamente, sendo o último constituído por LCIs que estiveram entre as mais produtivas, ambas oriundas de programa de melhoramento dos EUA.

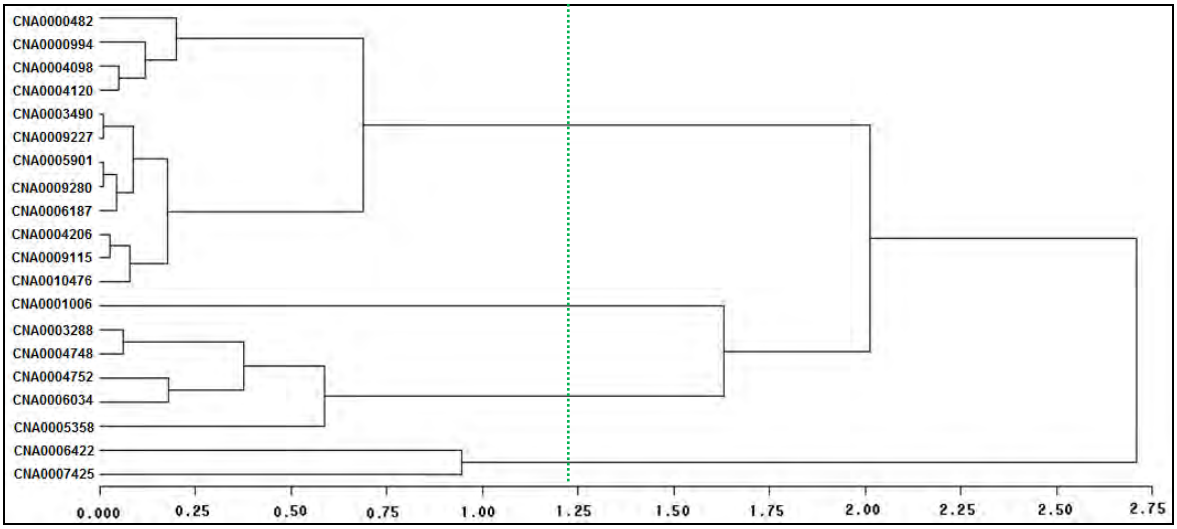


Figura 4.7 Dendrograma formado pelo método de agrupamento de Ward para os dados de distâncias baseada nos valores genotípicos preditos dos vinte acessos mais produtivos do conjunto sequeiro.

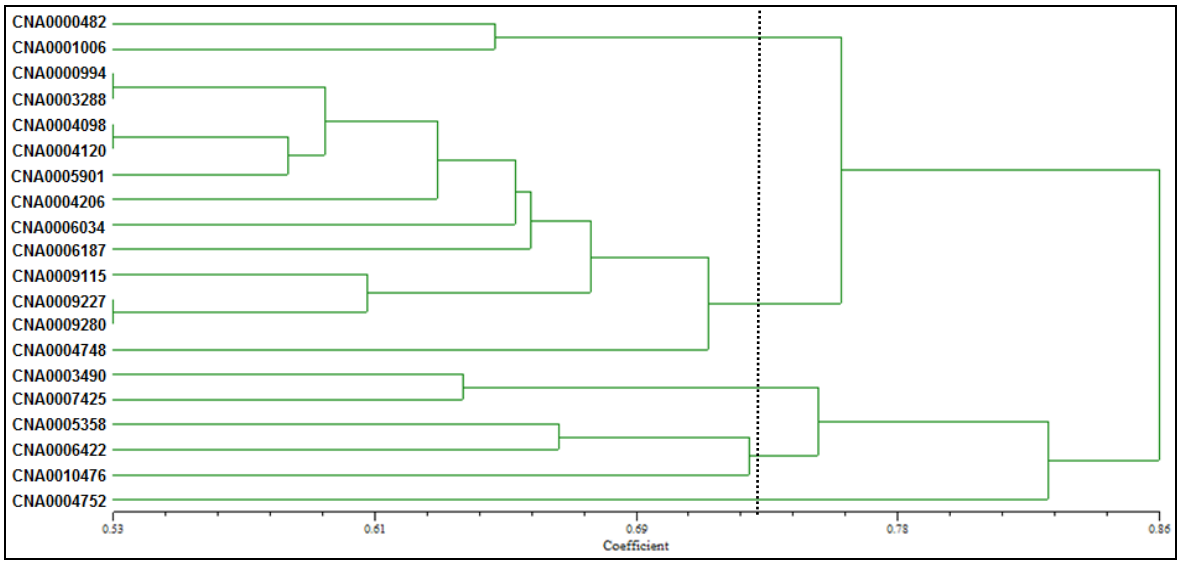


Figura 4.8 Dendrograma formado pelo método de agrupamento UPGMA para os dados de distâncias de RW dos vinte acessos mais produtivos do conjunto sequeiro.

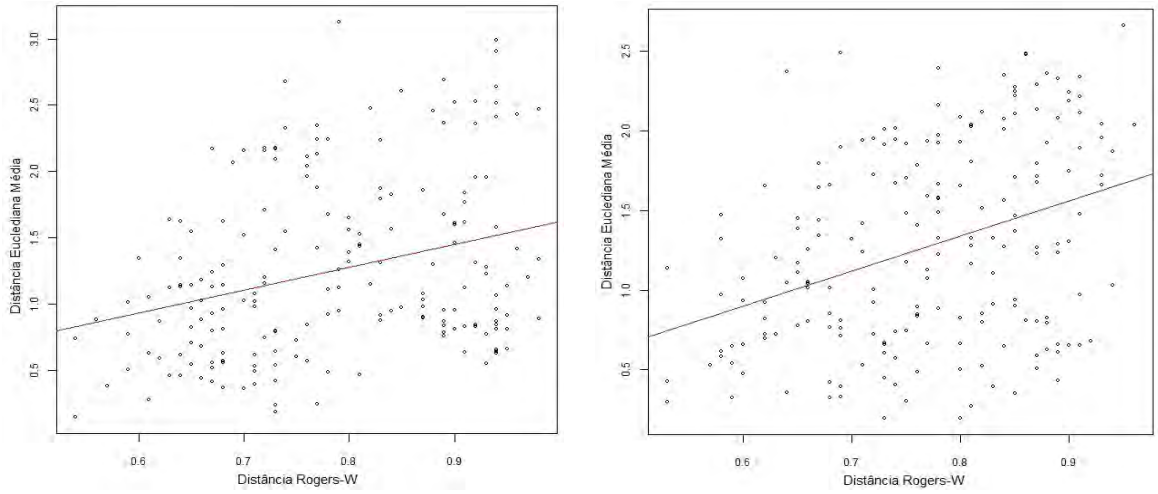
Na Tabela 4.7 são apresentadas as correlações entre as medidas de dissimilaridade obtidas por valores genotípicos e dados moleculares. À semelhança do ocorrido com a avaliação envolvendo todos os acessos em cada grupo (irrigado e sequeiro) os coeficientes de correlação também foram relativamente baixos, apesar de serem significativos pelo teste de Mantel ($P<0,01$).

Tabela 4.7 Coeficientes de correlação e intervalos de confiança do teste de Mantel (1.000 simulações) entre as matrizes de dissimilaridade obtidas pelos valores genotípica e dados molecular, a partir da avaliação dos acessos mais produtivos dos grupos irrigado e sequeiro da CNAE.

Matrizes	Coeficiente de correlação	N^{o} de acessos	P-valor
VI x MI	0,300**	20	0,00489
VS x MS	0,366**	20	0,0001

** e * : Significativo a 1 e 5% de probabilidade pelo teste de Mantel baseado em 1000 simulações.
VI e VS: Matrizes de dissimilaridade dos valores genotípicos entre acessos irrigados e sequeiros, respectivamente.
MI e MS: Matrizes de dissimilaridade dos dados moleculares entre acessos irrigados e sequeiros, respectivamente.

Na Figura 4.9 estão representadas as relações entre as distâncias baseada nos valores genotípicos preditos e moleculares dos grupos de acessos irrigados e sequeiros mais produtivos, respectivamente. De modo semelhante ao resultado envolvendo o conjunto total de acessos, não ocorreu uma distribuição linear dos dados, havendo no entanto uma leve tendência de dispersão "triangular" para a relação entre as duas distâncias, bem menos acentuada que quando observado o conjunto total de dados, e provavelmente resultante da ocorrência de poucas situações de índices muito baixos de distâncias genéticas entre os acessos mais produtivos.



(a) **(b)**

Figura 4.9 Dispersão dos valores de distâncias estimadas a partir de dados moleculares (abscissa) e valores genotípicos (ordenada) entre os vinte acessos mais produtivos, do conjunto irrigado **(a)** e sequeiro **(b)** da CNAE.

4.4 CONCLUSÕES

1) Os dados agronômicos e moleculares apresentaram correlações significativas, tanto no grupo de acessos irrigados, quanto nos de sequeiro, ainda que em níveis relativamente baixos.

2) Baixas distâncias moleculares estiveram associadas a baixas distâncias baseada nos valores genotípicos, no entanto, para elevadas distâncias moleculares, houve ocorrência de ampla variação com base nos valores genotípicos.

3) Os genótipos que apresentaram elevada diversidade e bons índices de produtividade de grãos foram: *Irrigados:* BR_IRGA_413, BRS_BIGUA, CNA0001108, CNA0005853, CNA0005014 e CNA0004552
Sequeiros:CNA0004748, CNA0006422, CNA0003490, CNA0000482, CNA0001006 e CNA0010476

4.5 REFERÊNCIAS

ABADIE, T.; CORDEIRO, C. M. T.; FONSECA, J. R.; ALVES, R. B. N.; BURLE, M. L.; BRONDANI, C.; RANGEL, P. H. N.; CASTRO, E. M.; SILVA, H. T.; FREIRE, M. S.; ZIMMERMANN, F. J. P.; MAGALHÃES, J. R. Construção de uma coleção nuclear de arroz para o Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 40, n. 2, p. 129-136, 2005.

BAO, J. S.; CORKE, E. H.; SUN, E. M. Nucleotide diversity in starch synthase IIa and validation of single nucleotide polymorphisms in relation to starch gelatinization temperature and other physicochemical properties in rice (*Oryza sativa* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 113, p. 1171–1183, 2006.

BORBA, T. C. de O. **Diversidade genética e mapeamento associativo para produção e qualidade de grão dos acessos melhorados da coleção nuclear de arroz da Embrapa**. 2007. 109 f. Tese (Doutorado em Agronomia: Genética e Melhoramento de Plantas)- Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2007.

BORBA, T. C. O.; BRONDANI, R. P. V.; RANGEL, P. H. N.; BRONDANI, C. Microssatellite marker-mediated analysis of the Embrapa rice core collection genetic diversity. **Genetica**, New York, v. 137, p. 293-304, 2009.

BURSTIN, J.; CHARCOSSET, A. Relationship between phenotypic and marker distances: theoretical and experimental investigations. **Heredity**, v. 79, p. 477-483, 1997.

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. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 104, p. 1192-1203, 2002.

BRONDANI, C.; BRONDANI, R. P. V. Germoplasma: base para a nova agricultura. **Ciência Hoje**, Belo Horizonte, v. 35, n. 207, p. 70-73. 2004.

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

BRONDANI, C.; RANGEL, P. H. N.; BRONDANI, R. P. V.; BORBA, T. C. de O.; MENDONÇA, J. A.; MOURA NETO, F. P. de; FRANCO, D. F.; UTUMI, M. M.; PEREIRA, J. A.; CORDEIRO, A. C. C.; FONSECA, J. R. **Coleção nuclear de arroz da Embrapa: caracterização agronômica.** Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão (Documentos, 189), 2006b. 28 p.

BRONDANI, R. P. V.; BRONDANI, C. **Aplicação de tecnologias genômicas baseadas em marcadores microssatélites para discriminação de cultivares e análise de pureza genética em feijoeiro comum.** Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão (Comunicado técnico, 132), 2006c. 4 p.

BURSTIN, J. & CHARCOSSET, A. Relationship between phenotypic and marker distances: theoretical and experimental investigations. **Heredity**, v. 79, p. 477-483, 1997.

CARVALHO, F. I. F; SILVA, S.A.; KUREK, A. J.; MARCHIORO, V. S. **Estimativas e implicações da herdabilidade como estratégia de seleção.** Pelotas: Editora e gráfica da UFPel, 2001. 99 p.

CHARCOSSET, A.; LEFORT-BUSON, M.; GALLAIS, A. Use of top-cross designs for predicting performance of maize single cross hybrids. **Maydica**, Provincia di Bergamo. v. 35, p. 23-27, 1990.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** 3 ed. v. 1, Viçosa: UFV, 2004. 480 p.

DILLMANN, C.; BAR-HEN, A.; GUERIN, D.; MURIGNEUX, A.; CHARCOSSET, A. Comparison of RFLP and morphological distances between maize inbred lines. Consequences for germplasm protection purposes. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 95, p. 92-102, 1997.

FAROOQ, M.; TAGLE, A. G.; SANTOS, R. E.; EBRON, L. A.; FUJITA, D.; KOBAYASHI, N. Quantitative Trait Loci mapping for leaf length and leaf width in rice cv. IR64 derived lines. **Journal of Integrative Plant Biology**, v. 52, n. 6, p. 578–584, 2010.

FRANKEL, O. H. Genetic perspectives of germplasm conservation. *In*: Arber, W.; Llimensee, K.; Peacock, W. J. (Eds) . **Genetic Manipulation: Impact on man and society.** Cambridge University Press, Cambridge, England, p. 161-170, 1984.

FEDERER,W. T. Augmented (hoonuiaku) designs. **Hawaian Planters' Record,** Aiea, v. 55, p. 191-208, 1956.

FONSECA, J. R.; NEVES, P. C. F.; CUTRIM, V. A.; OLIVEIRA, J. P.; SILVA, J. B. V.; GUSMÃO, A. R. E.; FARIA, J. M. **Avaliação agronômica de linhagens de arroz irrigado de viveiros internacionais.** Embrapa Arroz e Feijão (Documento 223), 2008. 16 p.

FUJITA, D.; SANTOS, R. E.; EBRON, L. A.; TELEBANCO-YANORIA, M. J.; KATO, H.; KOBAYASHI, S.; UGA, Y.; ARAKI, E.; TAKAI, T.; TSUNEMATSU, H.; IMBE, T.; KHUSH, G. S.; BRAR, D. S.; FUKUTA, Y.; KOBAYASHI, N. Development of introgression lines of an Indica-type rice variety, IR64, for unique agronomic traits and detection of the responsible chromosomal regions. **Field Crops Research**, Bangkok, v. 114, n. 2, p. 244-254, 2009.

GARRIS, A. J.; TAI, T. H.; COBURN, J.; KRESOVICH, S.; McCOUCH, S. Genetic structure and diversity in *Oryza sativa* L. **Genetics**, Pittsburgh, v. 169, n. 3, p. 1631-1638, 2005.

GUPTA, P. K.; RUSTGI, S.; KULWAL, P. L. Linkage disequilibrium and association studies in higher plants: Present status and future prospects. **Plant Molecular Biology**, Zurich, v. 57, n. 4, p. 461-485, 2005.

HARLAND, J. R. **Crops and man. Madison: American Society Agronomic**, 1975. 295 p.

JULIANO, B. O. The chemical basis of rice grain quality. In: Workshop on chemical aspects of rice grain quality, 1979, Los Baños. **Proceedings**... Los Baños: IRRI, 1979. p. 69-90.

LIAO, C. Y.; WU, P.; HU, B.; YI, K.K. Effects of genetic background and environment on QTLs and epistasis for rice (*Oryza sativa* L.) panicle number. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 103, p. 104-111, 2001.

MAGALHÃES JÚNIOR, A. M. **Recursos genéticos de arroz (Oryza sativa L.) no sul do Brasil.** Tese de doutorado. Pelotas, RS, 2007. 160p.

MALONE, G.; ZIMMER, P. D.; CASTRO, M. A. S.; ARIAS, L. N.; MENEGHELLO, G. E.; PESKE, S. T. Caracterização bioquímica e molecular de acessos de arroz vermelho coletados no estado do Rio Grande do Sul**. Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 37, n. 2, p. 77-85, 2007.

MANLY, B. F. **Randomization, bootstrap, and Monte Carlo methods in biology** (2nd Ed.). London: Chapman and Hall, 1997.

MANTEL, N. The detection of disease clustering and a generalized regression approach. **Cancer Research**, v. 27, n. 2, p. 209-220, 1967.

MOHAMMADI, S. A.; PRASANNA, B. M. Analysis of Genetic Diversity in Crop Plants—Salient Statistical Tools and Considerations. **Crop Science**, Madison, v. 43, p. 1235–1248, 2003.

NASS, L. L. **Utilização de Recursos Genéticos no Melhoramento**. In: NASS, L.L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. (Eds). Recursos Genéticos e Melhoramento - Plantas. Rondonópolis: Fundação MT, 2001, cap. 2. p. 30-55.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. Vr. 2.10.0. (2009) **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, 2009. Acesso em: 09 Novembro. 2009. Disponível na Internet: http://www.r-project.org/

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**, Brasília, v. 31, p. 349-357, 1996.

RANGEL, P. H. N.; BRONDANI, C.; ZIMMERMANN, F. J. P.; CORDEIRO, A. C. C.; FERREIRA, M. E. Obtenção de linhagens *Sativa* vetoras de genes de *Oryza glumaepatula*. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE ARROZ IRRIGADO, 2.; REUNIÃO DA CULTURA DO ARROZ IRRIGADO, 24., 2001, Porto Alegre. **Anais...** Porto Alegre: IRGA, 2001. p. 18-20.

ROHLF, F. J.; LOY, A.; CORTI, M. Morphometric analysis of Old World Talpidae (Mammalia, Insectivora) using partial warp scores. **Syst. Biol**., v. 45, p. 344- 362, 1996.

SAS INSTITUTE**. SAS language and procedures: usage**. Version 6. Cary, 1995. 373 p.

SACKVILLE HAMILTON, N. R.; ENGELS, J. M. M.; VAN HINTUM, T. J. L.; KOO, B.; SMALE., M. **Accession Management: combining or splitting accessions as a tool to improve germplasm management efficiency**. IPGRI Technical Bulletin n. 5, International Plant Genetic Resources Institute, Rome: IPGRI, 2002. 67 p.

VIEIRA, J. **Caracterização morfológica e molecular do banco de germoplasma de arroz irrigado (*Oryza sativa* L.) da EPAGRI.** 2007. 115 f. Dissertação (Mestrado em Recursos Genéticos Vegetais) – Centro de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Santa Catarina, 2007.

WARD, J. H. Hierarchical grouping to optimize an objective function. **Journal of the American Statistical Association**, v. 58, n. 301, p. 236-244, 1963.

WILLIAMS, J. T. **Practical considerations relevant to effective evaluation. In: The use of plant genetic resources .** Ed.:BROWN, A. H. D.; FRANKEL, O. H.; MARSHALL, D. R.; WILLIAMS. J. T. London: Cambridge University Press, p. 235-244. 1989.

WEISING, K.; NYBOM, H.; WOLFF, K.; KAHL, G. **DNA fingerprinting in plants – Principles, Methods, and Applications**. Germany: Taylor & Francis Group, 2 ed., 2005, 444 p.

ZHUANG, J. Y.; LIN, H. X.; LU, J.; QIAN, H. R.; HITTALMANI, S.; HUANG, N.; ZHENG, K. L. Analysis of QTL x environment interaction for yield components and plant height in rice. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 95, p. 799-808, 1997.

5 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Cada genótipo de arroz possui um número estimado de 30 a 50.000 genes (Goff et al., 2002). Cada gene possui um número desconhecido de alelos e cada alelo pode modificar o modo como as plantas de arroz se desenvolvem. Levando-se em conta o grande número de acessos e o grande número de genes e seus alelos, percebe-se a grande diversidade do arroz. Considerando a enorme complexidade das reações bioquímicas que direcionam a vida de qualquer organismo, cada alelo pode ter um efeito diferente em qualquer um dos milhares de passos de uma rota metabólica. Para descobrir o efeito de um alelo ou de uma série alélica em um determinado loco, é necessário que sua expressão seja detectada, o que pode estar relacionada com a composição genética do resto do genoma. O sucesso deste tipo de análise depende primordialmente da escolha de genótipos que sejam geneticamente distintos, a qual está na dependência da condução de programas de pré-melhoramento. A reunião destes com o aprimoramento de técnicas de genômica, proteômica e metabolômica poderá determinar em futuro próximo qual a melhor combinação alélica para determinada característica, para cada ambiente onde o arroz é cultivado, orientando com isto o desenvolvimento de cultivares que possuam tal combinação.

A CNAE foi estabelecida com o objetivo de reunir uma amostra de genótipos de arroz representativos da variabilidade genética dos acessos do BAG de arroz (instalado na Embrapa Arroz e Feijão), e disponibilizá-los para utilização em programas de melhoramento para a ampliação da base genética da cultura do arroz. Pelos resultados obtidos das avaliações agronômicas e moleculares da CNAE é possível concluir que ambas fornecem informações complementares no processo de seleção de genótipos para utilização em programas de melhoramento de plantas, assim como na avaliação de atividades futuras que objetivem a adição de novos acessos ou a remoção de parte dos genótipos componente da CNAE, num processo contínuo para que esta continue sendo representativa da variabilidade genética da maior coleção ativa de germoplasma de arroz no Brasil.

Verificou-se ampla variabilidade genética no conjunto total de acessos da CNAE considerando-se tanto a caracterização agronômica quanto a molecular, além de

ocorrer também dentro dos subgrupos de sistema de cultivo irrigado e sequeiro, o que demonstra que resultados satisfatórios podem ser obtidos para a ampliação da base genética dos programas de melhoramento sem que haja necessidade de intercruzamentos entre genótipos de características adaptativas tão distintas.

A identificação dos diferentes estratos da CNAE entre os mais produtivos em ambientes específicos ou no ambiente médio (considerando os valores preditos médios da análise conjunta) demonstraram a potencialidade de utilização direta dos acessos, seja nos sistemas produtivos ou em programas de melhoramento para desenvolvimento de novas cultivares. O estrato VT demonstrou grande potencial de uso no fornecimento de variabilidade genética com características de ampla adaptação à diferentes ambientes, apresentando alta estabilidade da produção, que pode ser favorecida em função da constituição de uma combinação de genótipos.

Alta diversidade genética pode ser encontrada entre vários pares de acessos, e esta pode estar presente também entre genótipos que apresentam bons atributos agronômicos, como elevado potencial produtivo, tanto nos materiais de sequeiro quanto nos irrigados. Esse fato reafirma o grande potencial e complementariedade de avaliações fenotípicas e moleculares para o aproveitamento da diversidade genética associada à características agronômicas desejáveis. Atendidos estes requisitos, é grande a possibilidade de seleção de genótipos transgressivos, devido à ocorrência de heterose e à ação de genes e alelos complementares, uma vez que genótipos com elevada produtividade, porém geneticamente distantes, podem apresentar locos distintos controlando o caráter e, consequentemente, determinando boa capacidade de combinação, e dessa forma favorecer a ligação entre a conservação de germoplasma, a análise genômica e os programas de melhoramento de plantas.

Como o arroz é alimento básico para boa parte da população mundial, os esforços do melhoramento genético deverão continuar para a obtenção de variedades altamente produtivas e tolerantes a estresses bióticos e abióticos. A análise da CNAE comprovou que existe extensa variabilidade genética para caracteres como produção, tolerância à brusone e outras doenças, e características relacionadas à qualidade do grão, a qual será fundamental para a introdução desta variabilidade em genótipos que serão utilizados por programas de melhoramento genético para o desenvolvimento de novas cultivares de arroz.

APÊNDICES

Apêndice A. Gráficos de distribuição de frequências e boxplots com base nos dados observados, para cada caractere avaliado nos diferentes ambientes.

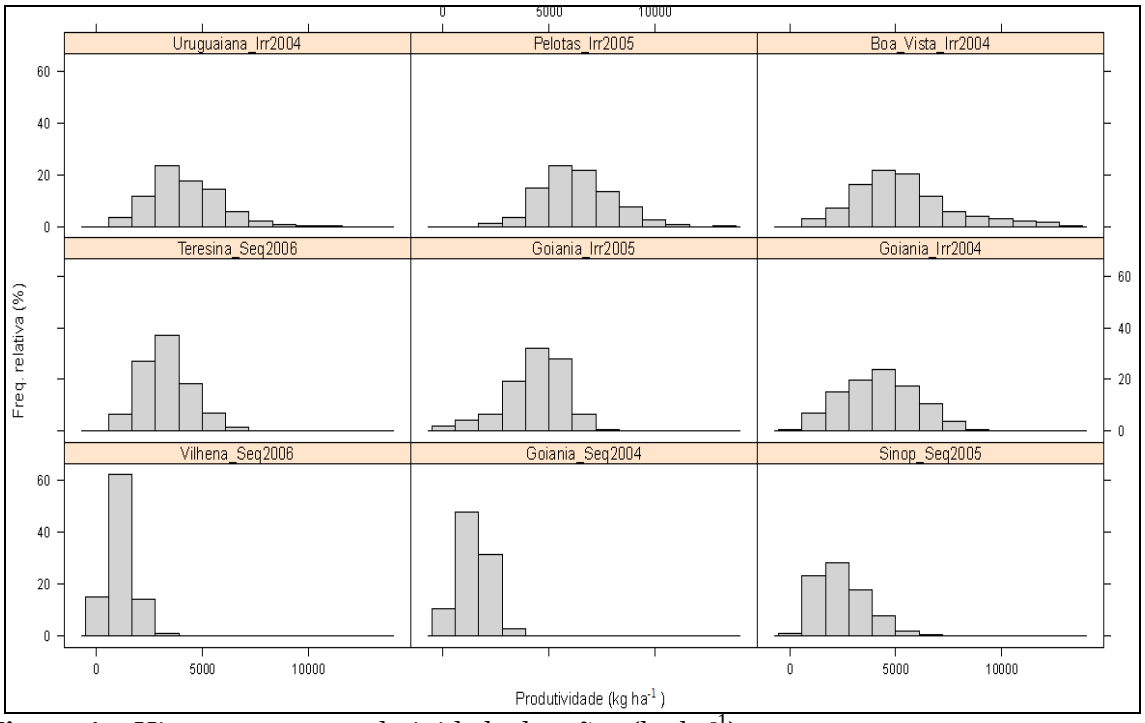


Figura 1a. Histogramas – produtividade de grãos (kg ha^{-1}).

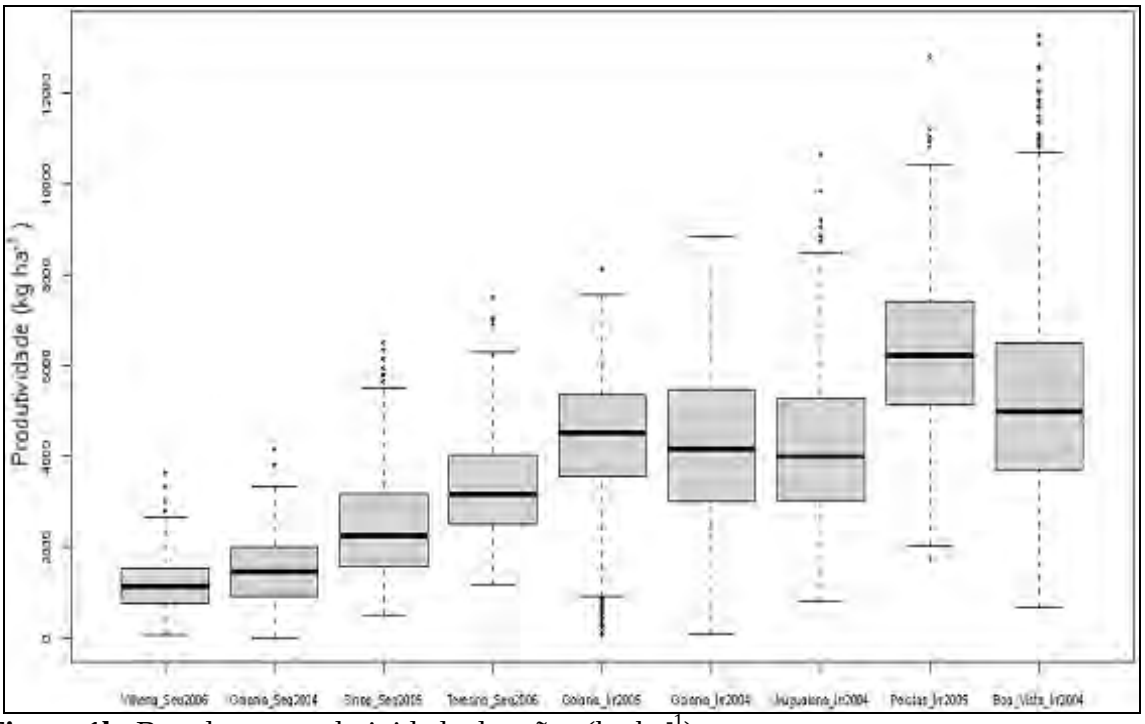


Figura 1b. Boxplots – produtividade de grãos (kg ha^{-1}).

Apêndice A. Continuação.

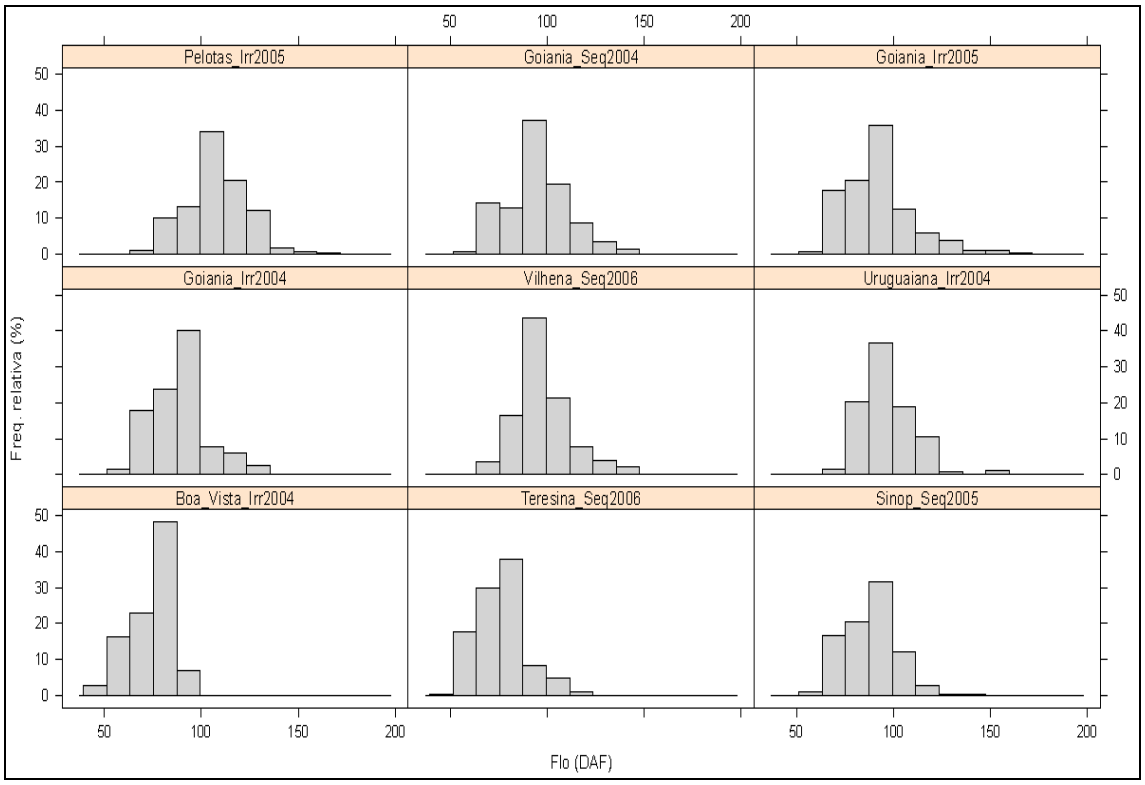


Figura 2a. Histogramas – florescimento (Flo).

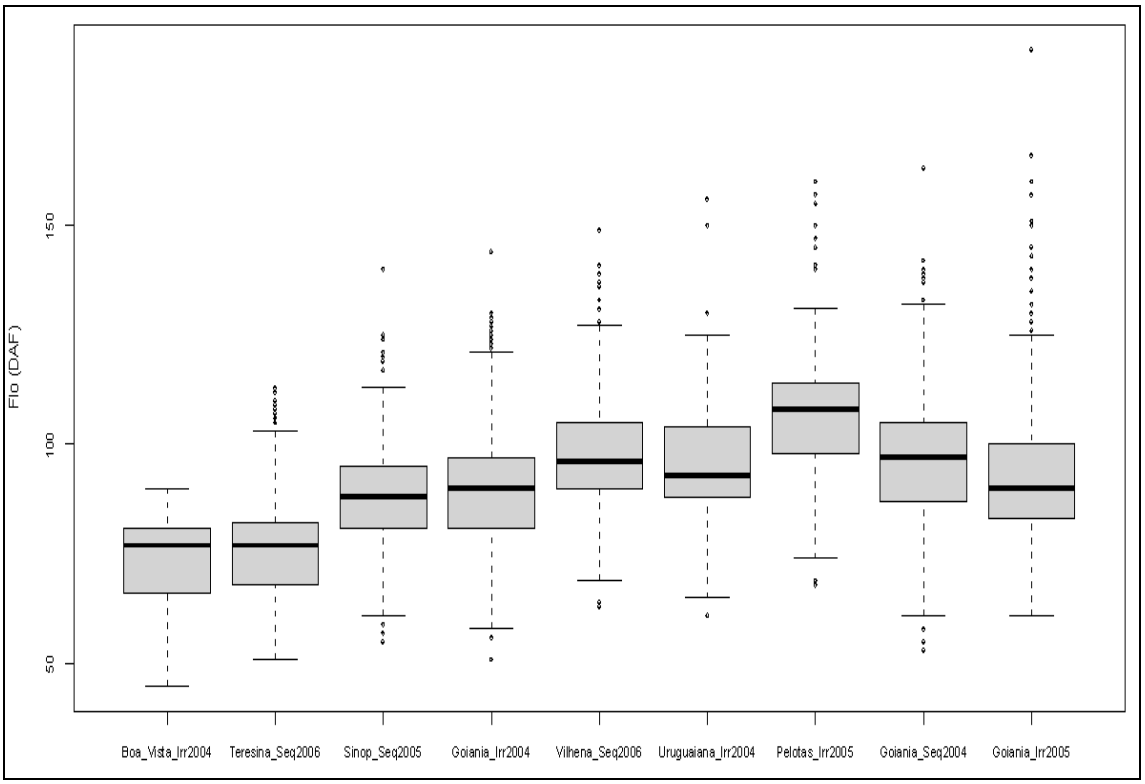


Figura 2b. Boxplots – florescimento (Flo).

Apêndice A. Continuação.

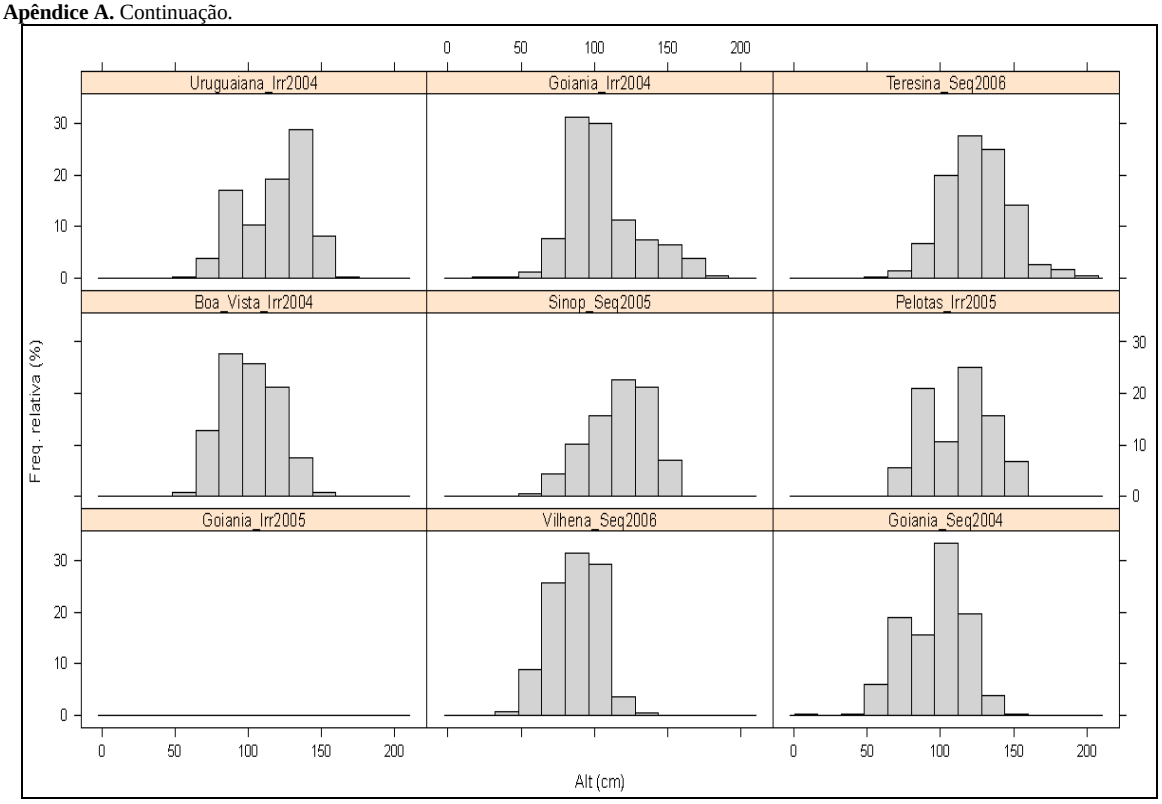


Figura 3a. Histogramas – altura de plantas (Alt).

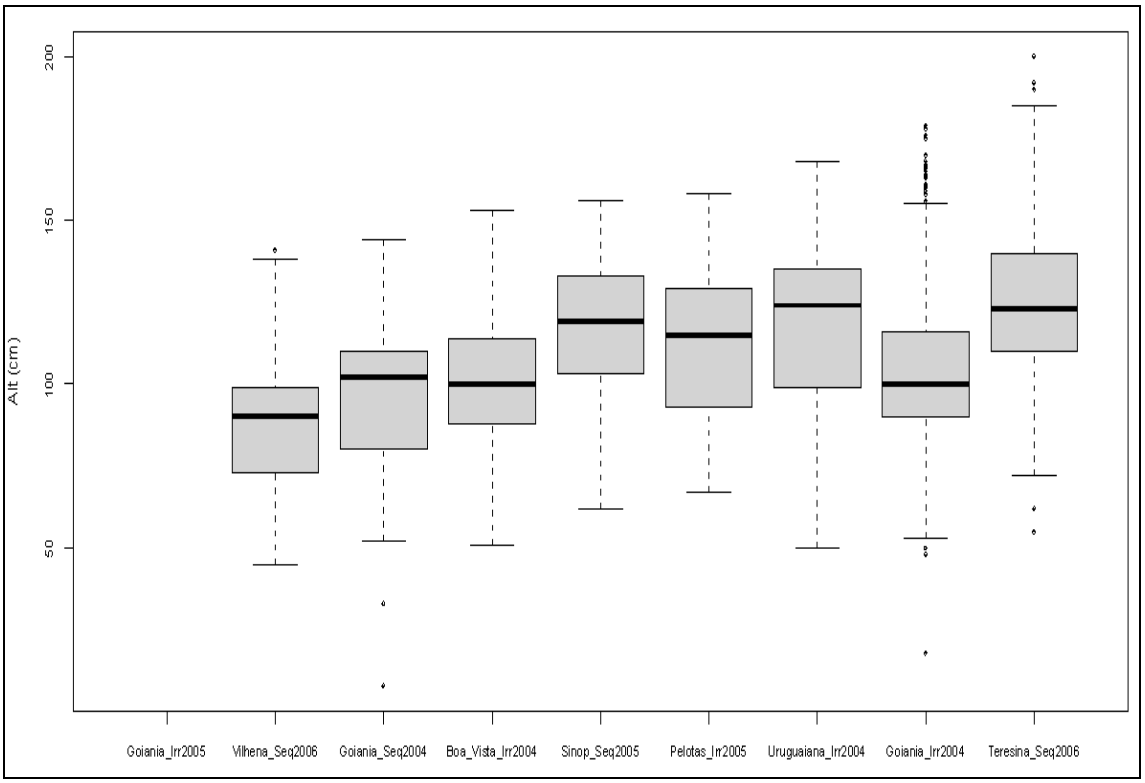


Figura 3b. Boxplots – altura de plantas (Alt).

Apêndice A. Continuação.

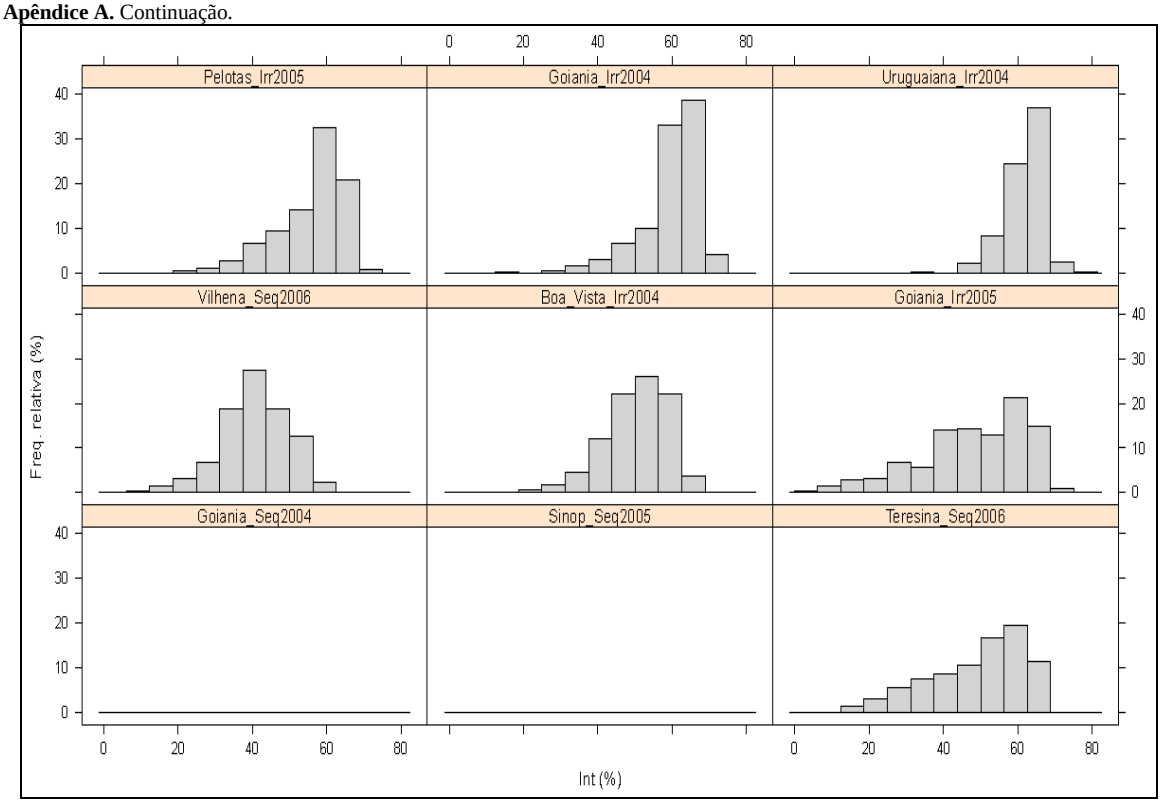


Figura 4a. Histogramas – porcentagem de grãos inteiros (Int).

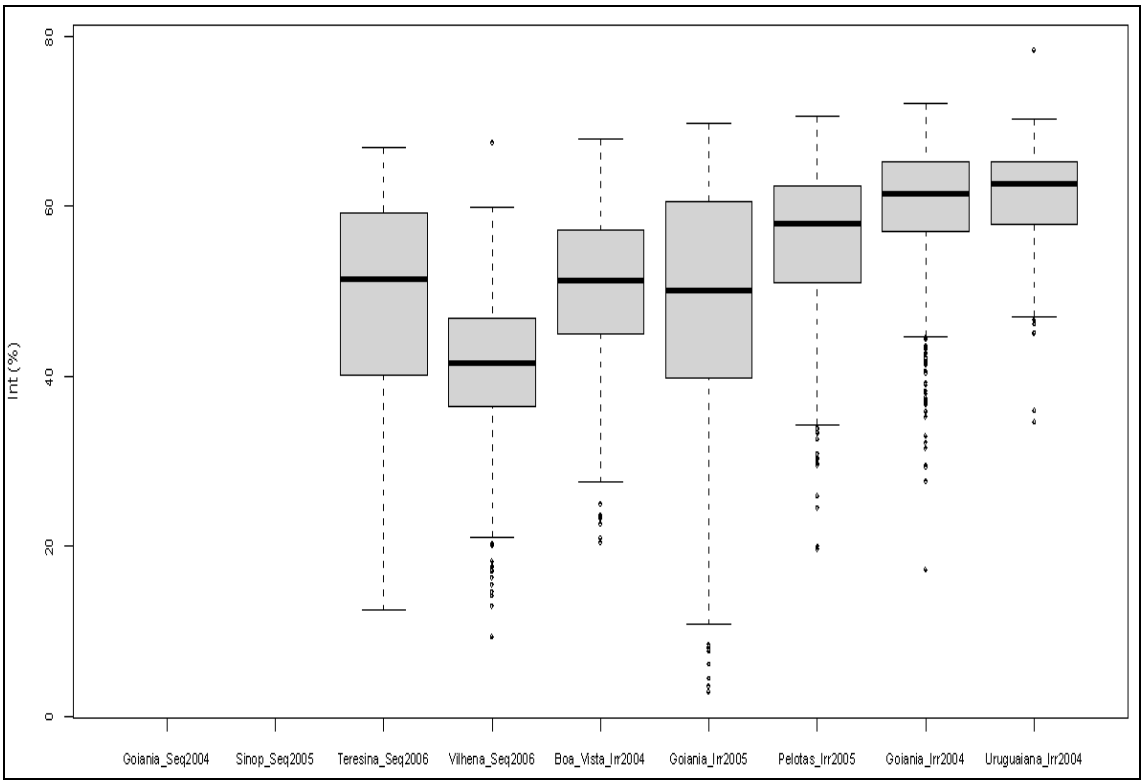


Figura 4b. Boxplots – porcentagem de grãos inteiros (Int).

Apêndice A. Continuação.

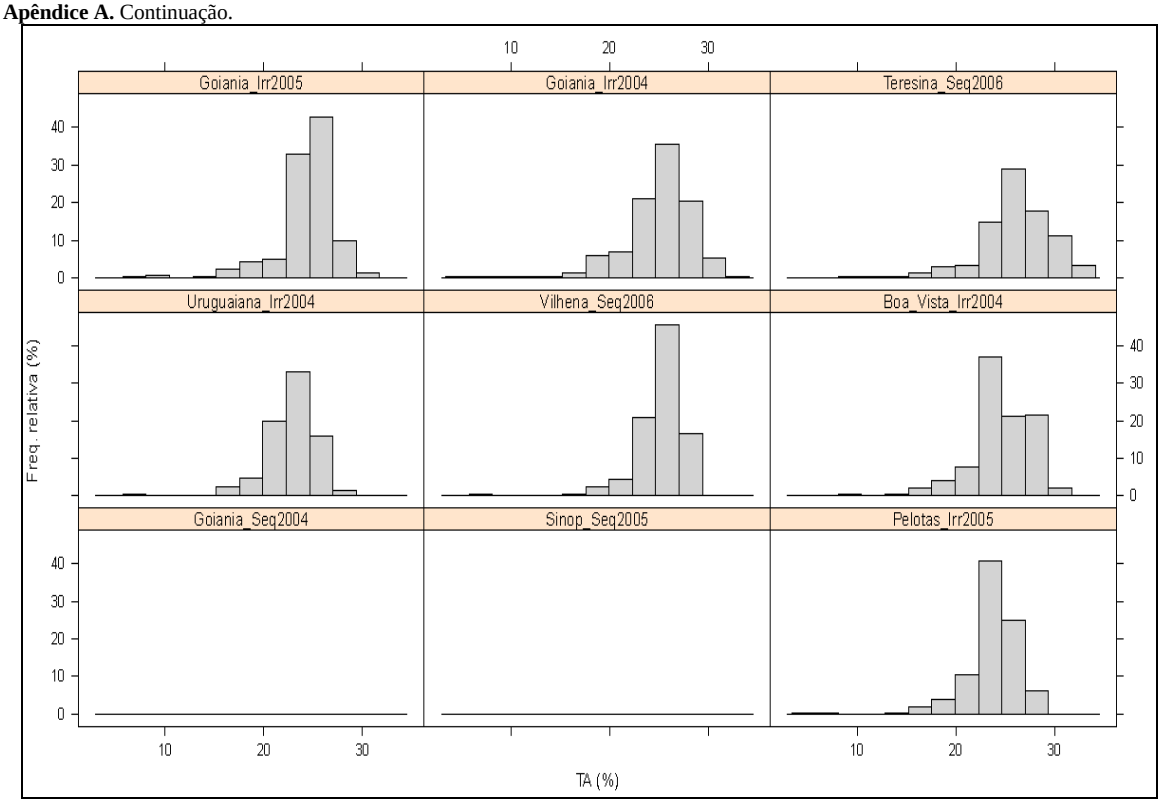


Figura 5a. Histogramas – teor de amilose (TA).

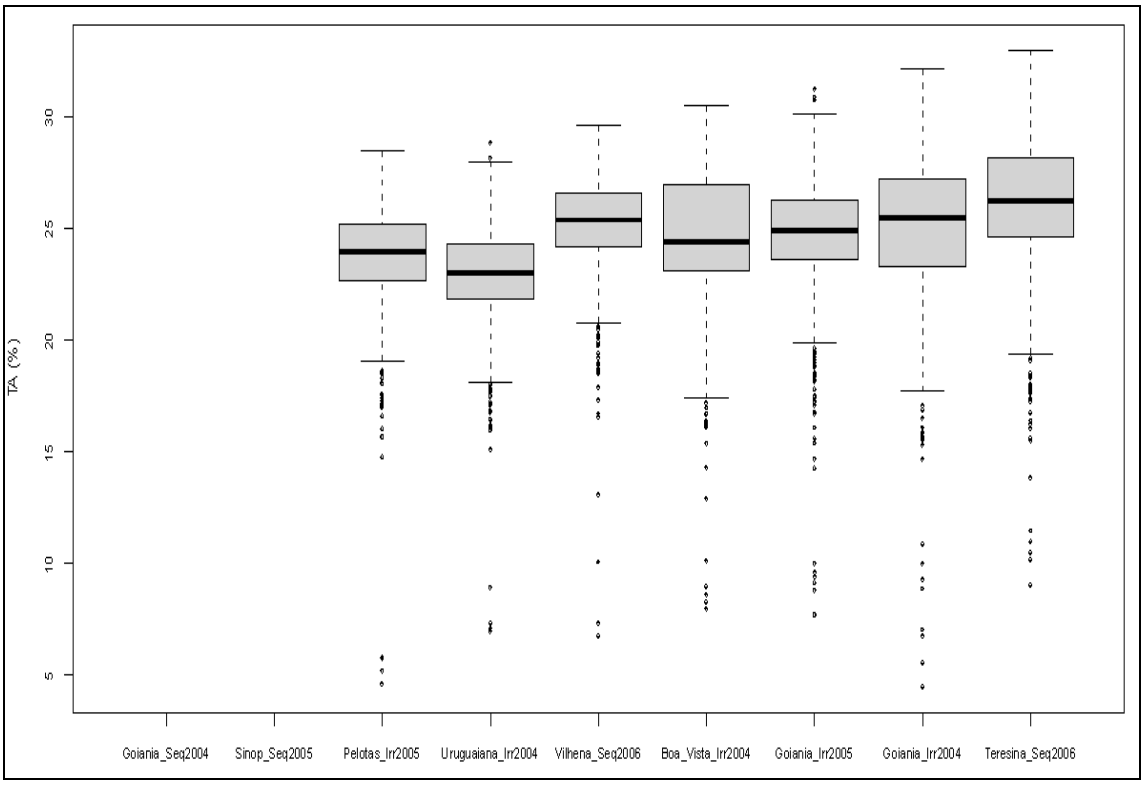


Figura 5b. Boxplots – teor de amilose (TA).

Apêndice A. Continuação.

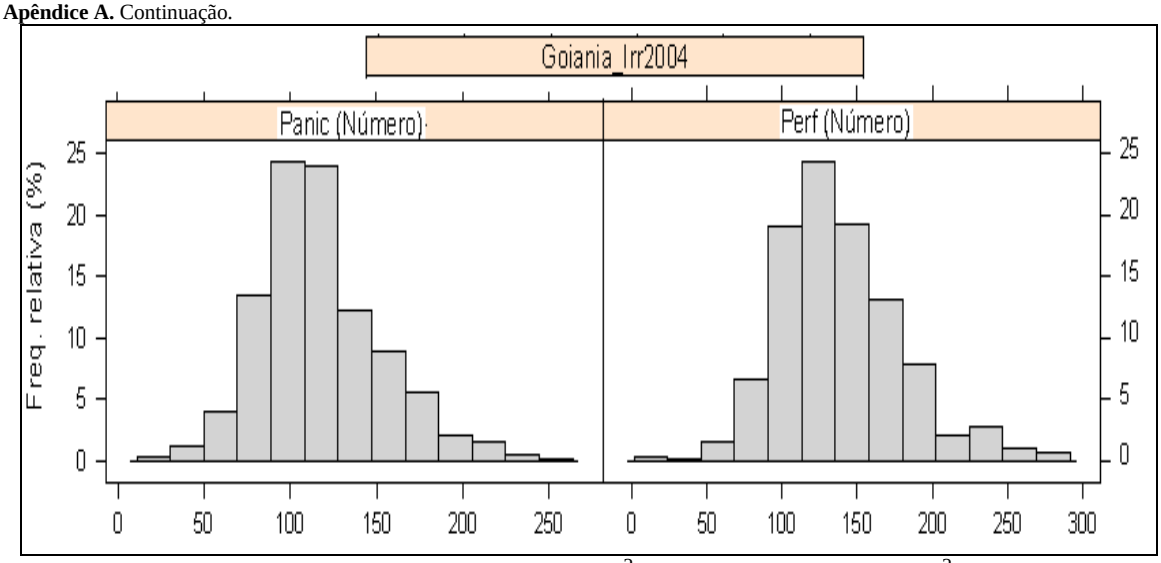


Figura 6a. Histogramas – número de panículas/m^2 e número de perfilhos/m^2 (Panic e Perf).

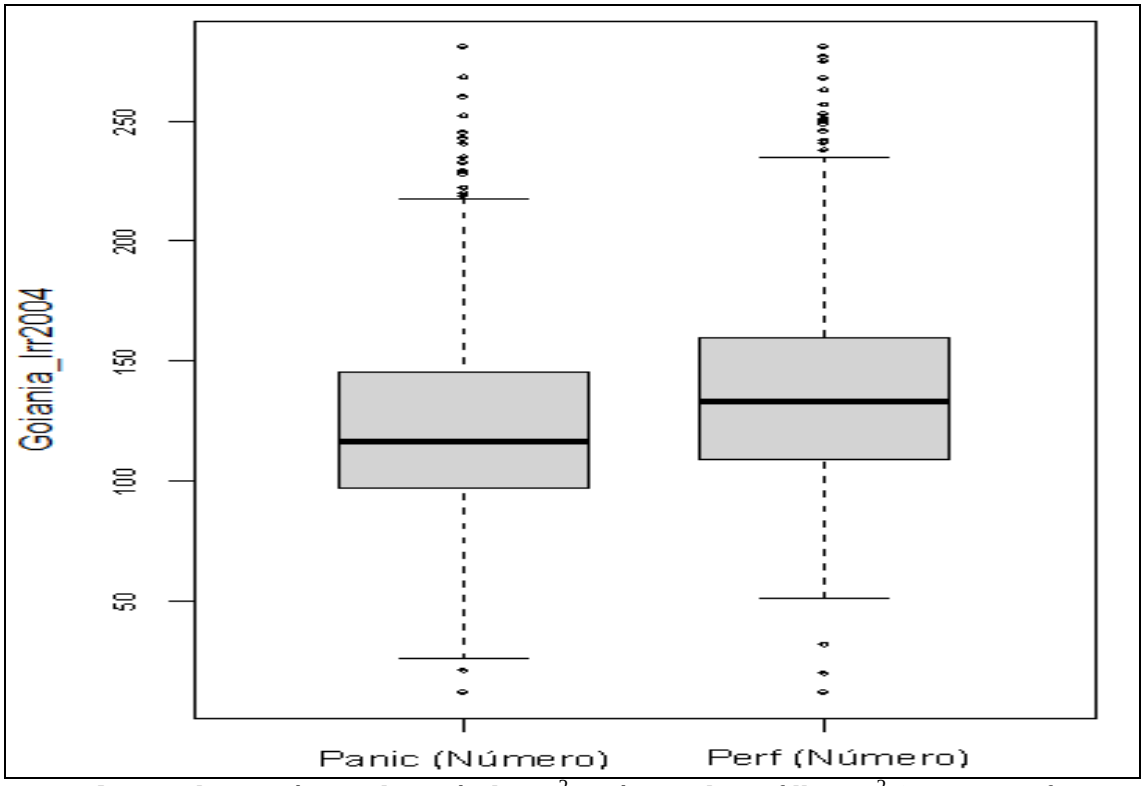


Figura 6b. Boxplots – número de panículas/m^2 e número de perfilhos/m^2 (Panic e Perf).

Apêndice B. Valores genotípicos dos acessos da CNAE para o caráter produtividade de grãos (kg ha^{-1}) em nove experimentos[1] e para a média entre os experimentos[2].

Cód CNAE	Cult	Genótipo	Goiânia Seq2004	Sinop Seq2005	Teresina Seq2006	Vilhena Seq2006	Goiânia Irr2004	Goiânia Irr2005	Boa Vista Irr2004	Uruguaiana Irr2004	Pelotas Irr2005	Média[2]
LCI65	I	CNA0004566	2108,6	.	4061,2	1044,3	*5137,9*	4407,9	*7664,5*	*4174,0*	7385,3	*4497,96*
VT274	S	CA940008	.	.	2516,5	.	3917,8	4134,3	5502,8	*4165,1*	6662,1	*4483,11*
VT289	I	CA960041	1831,8	2354,3	*5077,7*	1092,5	4905,3	4783,4	6172,6	.	*9178,9*	*4424,55*
LCI20	I	CNA0001423	.	.	3104,4	.	3988,7	4064,9	5890,4	.	.	*4262,12*
LCI5	I	CICA_9	1812,6	.	3798,4	1077,1	4706,6	4548,4	6274,6	4112,5	7363,9	*4211,76*
LCB56	S	CNA0006422	2062,7	2351,1	3968,6	*1624,8*	4603,8	4681,8	6508,8	.	*7775,6*	*4197,14*
VT287	I	CA960030	1040,1	.	3547,3	1041,5	4120,9	*5048,9*	*7559,6*	.	6895,7	*4179,14*
LCI21	I	CNA0001467	1383,9	.	3815,6	1262,1	4612,0	4424,6	6527,5	4004,3	7363,6	*4174,22*
VT23	F	CA780077	.	2240,1	*4178,7*	932,6	4216,0	4254,6	6211,4	*4183,3*	7068,7	*4160,69*
LCB4	I	BRS_BIGUA	1670,7	2243,9	*4410,8*	1071,5	4973,2	*5095,5*	*7122,0*	4112,5	6539,5	*4137,75*
LCI89	I	CNA0005853	.	.	2947,1	.	.	3540,0	4909,2	4024,8	5259,6	*4136,16*
LCB29	S	CNA0003490	1594,7	2295,6	*4512,9*	1185,9	4981,5	4299,0	*7120,4*	4049,7	7052,8	*4121,40*
VT283	I	CA960023	1723,6	2268,0	*4454,7*	1132,5	4097,7	4570,4	*7020,4*	.	*7648,8*	*4114,51*
LCB7	I	BRS_JABURU	1517,6	.	3841,2	1100,8	4534,4	4390,9	*6883,1*	4123,2	6523,6	*4114,35*
LCI132	S	CNA0010476	1678,8	*2482,5*	*4671,5*	1160,8	4759,4	4368,5	6259,8	4014,0	7513,6	*4101,01*
LCB94	I	SCS_BRS_112	1399,5	.	3843,6	1162,2	4646,4	4469,8	5454,1	4064,6	*7720,0*	*4095,03*
LCI73	S	CNA0004752	1857,2	.	3345,0	1162,2	*5430,4*	3174,3	*6789,2*	4070,9	6807,3	*4079,56*
LCB75	I	RS6PL5-12-6-B	1114,1	2335,2	*4405,1*	992,2	4276,1	4656,0	*7247,1*	.	7587,8	*4076,71*
LCB50	I	CNA0006130	1028,4	2232,2	*4397,1*	1001,0	4674,5	4556,7	*7121,6*	*4194,7*	7231,4	*4048,62*
VT199	S	CA830125	1436,2	2302,8	*4601,4*	1172,1	*5617,7*	4664,8	*7318,4*	.	5217,0	*4041,30*
LCB76	I	RS6PL12-10-1-B	1024,3	2237,4	4000,2	1048,4	*5175,8*	4669,4	6175,2	3995,8	*7836,7*	**4018,14**
LCB2	I	BR_IRGA_413	.	2381,1	3505,9	1394,5	4375,9	4240,9	5496,1	4076,8	6578,1	**4006,17**
LCB31	S	CNA0004098	1984,9	2289,9	*4254,4*	1360,8	4145,4	4703,7	5209,1	4099,5	*7992,3*	**4004,45**
VT187	F	CA830003	1731,3	2279,2	4035,2	*1405,3*	*5168,5*	4644,3	5310,9	3993,3	7437,3	**4000,60**
VT67	S	CA780397	1477,4	2300,1	3925,1	1055,8	4911,4	4569,3	5973,2	4078,4	*7643,1*	**3992,63**
VT49	F	CA780307	958,8	.	3787,3	937,3	4434,6	3980,5	6312,7	4098,3	7368,6	**3984,76**
LCB91	I	MARAJO	1897,7	2260,1	4114,5	1155,1	4217,6	4563,3	6326,7	.	7268,9	**3975,49**
VT271	I	CA940004	.	2283,8	3625,8	995,4	3356,5	4610,9	5735,1	3995,8	7106,0	**3963,66**
VT10	S	CA780019	1453,3	2373,8	3771,5	1250,3	4487,0	4551,3	6050,4	3988,8	*7740,5*	**3962,99**
LCB62	S	CNA0007425	1340,1	.	.	995,9	4618,3	4247,6	5764,3	.	6767,0	**3955,54**
VT305	I	CNA0003857	1360,7	2323,5	3728,6	1098,1	4862,5	4541,9	6572,1	.	7065,2	**3944,06**
VT261	S	CA880075	1492,7	2216,5	*4454,7*	1132,5	4325,7	4704,7	5843,6	.	7333,5	**3937,98**
VT280	I	CA960008	.	.	3514,9	.	4185,9	4113,2	.	.	.	**3937,98**
LCI48	I	CNA0003411	1233,4	2382,9	4136,8	1070,0	4935,8	*4870,4*	5297,2	4075,3	7275,6	**3919,71**
LCB79	I	EPAGRI_108	1910,3	2347,1	2879,9	1233,7	*5295,8*	4229,0	5888,2	4098,3	7351,5	**3914,87**
VT263	S	CA880088	1163,8	2219,2	4088,8	1267,3	4454,3	4489,9	5221,7	4022,2	*8273,3*	**3911,18**
VT71	F	CA780409	1917,1	2298,5	*4406,7*	1028,9	4910,9	3925,6	*6834,9*	*4128,1*	5732,7	**3909,28**
LCI26	I	CNA0002253	.	.	3413,9	975,6	4411,1	4271,9	6471,5	.	.	**3908,78**
LCI17	S	CNA0001006	405,7	.	2908,2	.	4297,2	4241,8	4774,0	3902,8	6824,6	**3907,76**
VT214	I	CA840077	1363,9	.	3502,1	1109,6	3714,4	4311,9	6702,9	.	6634,5	**3905,61**
LCB26	I	CNA0001416	*2314,2*	2350,0	3998,5	1284,4	4362,9	4375,6	5453,7	4039,6	6953,6	**3903,60**

Continua…

Apêndice B. Continuação.

VT203	F	CA840018	1524,9	2265,2	3546,2	1140,8	4162,2	4105,2	*7241,3*	3990,5	7083,5	**3895,52**
LCI77	I	CNA0005014	605,0	2184,7	2924,7	.	4660,8	4368,3	5216,7	4079,2	7033,9	**3884,15**
LCI121	S	CNA0009227	1103,7	2414,0	*5645,9*	1263,8	4801,6	4465,8	5319,6	3991,9	5921,1	**3880,82**
VT306	F	CNA0004482	1995,2	.	2554,6	1167,4	4851,8	4099,6	6011,3	3990,9	6348,0	**3877,35**
VT39	I	CA780174	1769,3	2335,5	3183,1	*1794,9*	4274,6	*4999,2*	5721,0	4074,3	6741,5	**3877,05**
VT236	S	CA870008	*2356,9*	2328,3	2882,0	1122,2	*5777,2*	4659,3	5087,0	4107,3	6457,4	**3864,19**
LCI100	I	CNA0006943	1668,6	2212,3	3242,9	1033,9	5005,5	4186,2	*7121,2*	4023,1	6276,4	**3863,35**
LCI140	I	IR36	1794,3	2208,4	3172,3	995,4	*5237,8*	4202,4	6086,0	*4148,4*	6858,1	**3855,91**
VT12	S	CA780022	1769,3	2327,6	2910,9	*1522,4*	4529,4	*5046,4*	5300,7	4057,2	7229,7	**3854,84**
LCB88	I	IRGA_418	1847,8	2291,0	4099,0	1330,3	4641,0	*4835,8*	5180,3	*4147,0*	6315,2	**3854,17**
VT248	S	CA870160	1692,3	.	3480,8	1397,4	4422,2	4626,0	4651,7	4102,7	6407,9	**3847,62**
LCB93	I	SCS_BRS_111	1217,1	2299,6	3761,8	1393,1	4373,1	*4906,6*	5601,4	4104,4	6963,6	**3846,73**
LCB49	I	CNA0006129	1933,8	.	3251,7	951,1	4672,5	4216,6	5502,1	4049,7	6150,8	**3841,05**
VT273	I	CA940007	633,3	.	3318,0	750,5	4038,9	4572,7	5083,8	*4220,8*	*8080,0*	**3837,25**
LCB92	I	RIO_GRANDE	1831,0	2261,2	3886,4	1225,9	4003,6	4406,6	5770,3	4056,4	7066,4	**3834,21**
LCB32	S	CNA0004120	*2192,0*	2317,7	2531,0	*1423,3*	4282,3	*4888,0*	5871,5	4063,4	6900,1	**3829,91**
LCI88	I	CNA0005478	.	.	3288,4	.	3750,1	4320,3	3955,1	.	.	**3828,48**
VT33	F	CA780110	667,3	.	3932,1	1015,7	3899,3	4135,2	5581,0	4112,5	7249,7	**3824,11**
LCI145	I	ORYZICA_1	1430,6	.	3696,4	852,1	5023,6	4179,0	4754,4	4110,1	6496,7	**3817,87**
LCB37	S	CNA0004206	2125,5	2326,2	2637,6	1186,1	5093,0	4469,9	5950,8	4042,0	6529,6	**3817,86**
VT258	F	CA870191	*2498,3*	2292,7	3902,6	1224,4	4216,2	4039,4	5628,6	4086,0	6464,0	**3816,91**
LCB46	S	CNA0005901	*2333,6*	2410,3	3367,5	1147,5	*5152,2*	*4833,1*	4399,5	4036,8	6665,8	**3816,26**
VT284	F	CA960024	1831,0	2305,8	3598,1	1133,4	4467,4	4332,4	4530,2	4007,5	*8125,0*	**3814,54**
VT37	F	CA780170	1271,3	2334,7	2992,2	1143,9	5122,6	4510,0	5549,0	4041,0	7362,8	**3814,17**
LCI10	I	CNA0000586	1008,9	2335,2	3242,9	1227,2	3765,7	4624,7	*6771,0*	4057,3	7276,9	**3812,21**
LCB28	S	CNA0003281	1971,4	2268,1	3704,6	1170,0	4726,4	4403,6	4927,7	4035,0	7097,7	**3811,61**
VT189	S	CA830005	1338,6	2371,6	3378,7	1251,9	4856,2	*5005,6*	4941,5	4068,6	7049,2	**3806,87**
VT242	S	CA870086	1405,0	2282,6	4043,7	1403,9	4798,7	4648,4	4967,8	4013,8	6655,4	**3802,14**
VT175	S	CA820017	1898,5	2272,8	3721,4	1207,4	4217,7	4552,2	5384,8	3988,5	6976,0	**3802,14**
LCI55	I	CNA0003665	1121,7	2267,8	3038,8	1079,4	4468,7	4714,7	6624,1	4120,7	6775,0	**3801,22**
LCI53	I	CNA0003591	1373,1	2219,8	2515,9	945,1	4636,4	3903,0	6511,5	*4206,6*	*7891,8*	**3800,36**
LCB14	I	CNA0001108	.	2389,0	3007,3	798,4	3799,4	4509,5	5549,3	4053,6	6293,2	**3799,96**
LCI39	S	CNA0003287	1756,7	2315,4	2976,2	*1439,6*	3696,3	4741,7	5469,6	4001,9	*7801,5*	**3799,87**
LCI142	I	MINAMI_HATA_MOCHI	.	2168,9	3786,0	1096,3	4075,8	4047,1	4708,4	4019,0	6456,7	**3794,78**
LCI123	S	CNA0009280	1844,1	*2429,9*	3150,6	1099,1	5073,1	4792,9	5404,8	3967,4	6382,6	**3793,82**
LCB80	S	IAC_165	*2343,3*	*2509,4*	3821,0	1374,8	*5133,6*	4470,3	4044,7	.	6584,1	**3785,15**
LCB74	I	RS6PL1-34-4-B	1118,7	2273,1	3841,2	1021,6	4639,1	4360,9	6252,5	.	6771,5	**3784,81**
LCI97	I	CNA0006910	1493,8	2371,2	4044,8	948,5	*5465,1*	4447,9	4249,3	4010,9	7006,0	**3781,94**
VT70	F	CA780408	2058,3	2250,3	4050,3	1400,7	4404,8	4215,2	5125,8	4067,1	6439,0	**3779,04**
LCI146	I	ORYZICA_LHANOS_4	2102,1	2160,9	*4487,5*	967,3	4750,7	4689,5	*7051,2*	4023,1	.	**3779,01**
VT57	S	CA780333	1716,4	2260,9	3630,5	1241,5	4273,4	4663,6	5100,7	4004,0	7054,3	**3771,69**
LCI61	S	CNA0004480	853,2	2233,2	3562,4	1297,8	4294,9	4198,0	5531,3	3969,4	*7973,2*	**3768,16**
VT55	F	CA780320	.	2327,1	2482,8	1151,1	4731,3	4337,0	4449,6	4031,8	6577,0	**3760,96**
VT227	S	CA850019	1833,8	.	3521,1	1336,2	4118,7	4276,6	4176,0	4047,9	6753,0	**3757,93**
LCB77	I	DIAMANTE	1145,5	2192,5	3900,5	1221,3	5036,4	4569,0	5510,1	4079,3	6154,3	**3756,54**
VT44	F	CA780284	1885,5	2315,7	3296,3	*1466,4*	4623,1	4403,6	4799,8	4056,2	6948,1	**3754,98**

Continua…

Apêndice B. Continuação.

VT18	S	CA780061	1551,2	2355,2	2652,1	908,6	4321,7	4569,9	6024,6	4061,2	7342,4	**3754,09**
LCI131	S	CNA0010469	1447,4	*2441,2*	3590,2	1108,5	4027,1	4734,1	5719,8	3993,2	6716,2	**3753,07**
LCI56	I	CNA0003668	1016,4	.	3479,2	1109,6	4982,4	4506,1	5703,5	4082,6	5138,6	**3752,31**
VT80	S	CA790048	1438,0	.	3387,8	1243,0	3887,1	4708,0	4764,5	4028,4	6550,7	**3750,93**
VT244	S	CA870120	1108,8	2216,5	4114,5	1081,1	4357,1	4339,0	5923,0	.	6861,9	**3750,24**
LCB53	S	CNA0006187	1584,4	2365,9	3272,3	1338,4	4463,7	4562,7	5115,0	4097,6	6936,5	**3748,51**
LCI74	S	CNA0004759	1359,2	2227,7	2697,2	922,5	*5282,6*	3773,0	*6833,1*	4088,7	6548,8	**3748,10**
LCI79	I	CNA0005016	1560,3	2409,9	4008,1	1239,6	3882,8	4621,5	5763,8	*4127,3*	6111,5	**3747,21**
VT16	S	CA780052	1940,2	*2459,1*	3404,0	1264,1	4937,7	4546,5	4845,6	4023,1	6301,2	**3746,83**
LCI51	I	CNA0003452	814,0	.	2979,5	896,4	*5191,2*	3963,8	6128,1	4060,5	5920,1	**3744,19**
VT41	I	CA780176	1471,0	2268,1	2842,9	1226,9	4605,0	4733,5	5279,1	4001,9	7256,8	**3742,81**
LCI113	S	CNA0009115	1504,0	2314,3	3318,0	1119,6	*5377,5*	4795,5	5321,2	4018,9	5912,2	**3742,37**
VT38	I	CA780171	754,1	2184,4	3367,5	988,7	4145,7	4426,0	5665,7	4068,8	*8052,9*	**3739,31**
VT255	I	CA870181	.	.	*5057,5*	982,2	*5143,6*	3764,7	.	.	.	**3737,03**
VT14	F	CA780036	1865,0	2244,0	3044,2	1387,2	3570,4	4720,3	4915,6	4010,9	*7852,3*	**3734,44**
VT98	S	CA790241	1359,2	2270,1	3189,8	1116,3	4689,8	4755,2	6333,6	4044,6	5788,1	**3727,42**
VT254	F	CA870179	848,5	2406,6	3807,0	1069,1	4854,7	4109,6	*6817,2*	4105,1	5515,2	**3725,89**
LCB23	I	CNA0001407	1887,0	2347,4	3817,8	*1425,8*	4378,7	4373,6	5011,8	3986,2	6293,7	**3724,66**
LCB38	S	CNA0004243	1154,6	2347,2	3219,8	1385,0	3875,2	4676,8	5119,4	4110,3	7627,5	**3723,96**
VT262	S	CA880078	1962,0	2282,6	3250,0	1270,6	4325,0	4507,0	5356,8	4047,4	6489,2	**3721,18**
LCB12	I	CNA0001106	1735,9	2377,7	3862,4	1205,1	4483,0	4494,1	4983,8	4025,3	6315,9	**3720,36**
LCI12	I	CNA0000754	614,4	2279,7	3656,6	1120,3	4481,2	4377,5	5801,2	*4178,9*	6956,7	**3718,50**
LCI3	I	CEYSVONI	889,2	2299,5	3724,7	983,7	4673,5	4480,3	5903,9	.	6782,9	**3717,21**
LCI138	I	ELONI	1291,3	.	3968,6	971,4	4090,1	3517,7	5187,9	4040,2	6659,6	**3715,83**
LCI54	I	CNA0003602	1948,3	2236,2	2242,0	1103,2	4566,0	3585,3	*6803,1*	4103,2	6854,8	**3715,80**
VT269	S	CA940001	.	2234,5	3552,3	1031,2	4073,2	4522,4	4971,7	3931,9	5408,2	**3715,67**
LCI112	S	CNA0009113	*2218,6*	2299,1	3196,3	1161,0	4253,4	4600,0	5388,1	4041,0	6260,6	**3713,12**
VT88	S	CA790127	1479,8	2283,5	3095,1	1060,0	4512,3	4215,6	6468,6	4019,8	6264,5	**3711,03**
LCB20	I	CNA0001344	.	.	3030,9	988,9	3781,0	4619,5	3794,1	3935,2	5811,8	**3708,79**
VT83	S	CA790064	*2343,1*	2347,1	2863,0	*1460,9*	3446,6	4411,8	5619,0	4065,0	6817,5	**3708,23**
VT191	S	CA830035	1136,9	2257,0	4061,6	1127,8	4279,3	4622,2	6066,7	3990,4	5823,0	**3707,19**
VT46	F	CA780296	2083,5	*2426,5*	3831,7	1079,3	4159,7	4679,9	4679,7	4049,0	6358,4	**3705,30**
VT243	F	CA870097	1938,4	2354,8	3503,6	1050,9	3790,6	.	5460,8	4118,7	7418,4	**3704,54**
VT176	S	CA820019	1667,6	2276,8	3472,1	1195,9	4009,1	4270,8	5903,2	4022,6	6474,0	**3699,13**
LCI110	S	CNA0008545	740,2	2188,7	3628,0	1146,3	4548,6	4462,5	6252,2	3976,1	6349,1	**3699,07**
LCB30	S	CNA0004078	1207,5	2287,8	2947,6	1180,6	4286,9	4414,0	5660,4	*4127,1*	7176,3	**3698,68**
VT94	S	CA790196	1376,2	2308,5	3358,3	1167,8	4670,5	4513,6	5011,6	4049,1	6830,2	**3698,42**
LCI70	I	CNA0004629	1549,7	2275,9	3469,1	1152,1	4133,8	4326,8	5282,8	4072,7	6973,1	**3692,90**
LCI130	S	CNA0010451	*3030,1*	2339,3	2606,9	1357,7	4601,4	4422,8	4811,2	3997,9	6053,1	**3691,16**
LCI42	S	CNA0003362	*2524,7*	2291,0	3577,5	1375,9	3500,4	4597,2	4589,5	4084,9	6627,2	**3685,38**
VT106	I	CA800011	1873,1	2366,8	3730,4	1204,2	4160,3	4389,8	5310,9	3998,2	6112,1	**3682,87**
LCB78	I	EPAGRI_107	1368,0	2281,0	3660,0	1010,1	4306,7	4472,3	4774,3	.	7571,7	**3680,51**
VT256	S	CA870182	1202,5	2236,4	2661,0	1111,0	4975,9	4363,6	5181,1	4040,9	7348,4	**3680,10**
LCI52	I	CNA0003569	1688,4	2363,1	3537,1	1254,3	3794,4	4262,6	5727,0	.	6813,5	**3680,05**
VT304	I	CNA0002387	1273,1	2296,6	3336,0	*1736,7*	3940,6	4782,2	4746,8	4018,9	6983,1	**3679,33**

Continua…

Apêndice B. Continuação.

VT103	S	CA790332	.	.	3252,3	.	3144,1	3610,5	4704,2	.	.	**3677,78**
LCI22	F	CNA0001472	957,4	2311,3	2777,8	1230,4	4758,4	*5261,2*	4757,8	4034,3	6980,7	**3674,34**
VT15	S	CA780051	1996,9	2272,3	3312,7	1135,0	4230,9	*4819,3*	5237,8	3988,9	6065,6	**3673,28**
VT270	I	CA940002	1194,1	2220,4	3015,6	1118,1	4131,7	4389,7	5293,9	*4169,5*	7525,8	**3673,20**
VT32	I	CA780109	1040,1	2398,8	3774,3	1098,1	4410,5	4541,9	5290,0	.	6817,8	**3671,43**
LCI102	I	CNA0006961	.	.	2364,4	830,8	.	3992,4	4951,3	4046,8	5837,0	**3670,44**
LCB66	S	CNA0008070	*2338,7*	2295,8	3543,4	1313,6	3913,0	4282,4	5109,5	4087,1	6125,2	**3667,64**
VT232	S	CA850079	1862,5	2323,1	3208,6	1136,1	4449,3	4231,7	4841,0	4046,5	6909,8	**3667,63**
LCI13	I	CNA0000798	574,8	.	3614,2	1044,2	4221,5	3965,2	5482,1	3986,5	6449,1	**3667,21**
LCI1	S	5287	2078,8	2266,8	2864,1	847,1	4924,2	4204,2	4961,1	4097,8	6733,3	**3664,15**
LCB24	I	CNA0001413	892,0	2326,8	3196,3	996,2	4144,9	4095,8	*6804,6*	4094,5	6413,0	**3662,68**
VT208	S	CA840036	1942,0	2288,2	3154,3	1226,1	4153,4	4342,2	5422,9	4072,4	6350,5	**3661,32**
VT150	S	CA800172	1275,9	*2497,8*	3219,8	1183,3	4072,0	4581,1	5212,8	4087,4	6793,1	**3658,12**
VT101	F	CA790325	1737,7	2230,5	2372,0	1162,0	4370,0	4688,0	5679,3	4015,8	6662,6	**3657,55**
VT157	S	CA810012	986,1	2351,1	2718,3	1060,6	4564,2	4642,4	5577,3	4014,5	7000,6	**3657,24**
VT127	S	CA800085	1569,9	2343,0	2482,8	1088,5	4049,1	4518,4	4652,4	.	*8547,8*	**3656,48**
LCB87	I	IRGA_417	1438,1	2279,8	3988,8	*1546,3*	2891,3	*4936,6*	5418,4	*4164,1*	6244,1	**3656,41**
LCI45	S	CNA0003395	1215,9	2354,5	3169,3	1290,7	4284,7	3977,3	5399,6	4012,6	7173,3	**3653,09**
LCI38	I	CNA0003241	916,6	2240,2	3660,5	1018,9	4554,6	4253,3	6116,6	4027,5	6088,4	**3652,95**
VT285	I	CA960025	1063,9	2232,3	3932,7	1138,1	4588,2	4483,3	5472,1	.	6312,5	**3652,88**
LCB58	S	CNA0006672	1636,0	*2482,0*	2947,6	*1481,6*	4384,9	4468,3	5118,2	4036,0	6267,4	**3646,89**
VT240	S	CA870071	1872,9	2312,1	2924,7	1280,4	4344,1	4394,3	5188,6	4071,9	6431,8	**3646,75**
LCI23	I	CNA0001476	1572,6	2315,9	3380,7	1135,0	3673,3	4642,1	4769,1	4014,1	7297,0	**3644,44**
VT107	F	CA800013	1517,2	2210,6	3505,9	1236,0	3943,4	4320,9	5567,0	4056,9	6418,5	**3641,82**
LCI90	S	CNA0005970	1551,8	2337,5	3369,8	1127,9	3988,6	4320,9	5642,2	3978,9	6448,9	**3640,74**
LCI33	I	CNA0002672	1704,7	2300,6	3222,2	957,5	4106,7	3832,3	*7265,4*	4004,3	5358,0	**3639,08**
LCI104	S	CNA0008092	2015,3	2394,7	2922,5	1347,9	4832,1	4481,0	5567,7	4067,8	5114,9	**3638,19**
LCI108	I	CNA0008416	.	2252,0	3384,5	819,0	3795,0	4280,3	5658,2	4080,8	4826,4	**3637,02**
LCB70	S	CNA0008533	1706,5	2331,4	3242,1	1140,7	4378,6	4526,8	5381,2	4063,4	5962,1	**3636,96**
VT61	F	CA780366	.	.	2832,3	984,7	3800,5	4237,7	4333,3	.	5624,4	**3635,50**
LCI9	S	CNA0000482	1190,5	.	4070,6	1094,1	4243,2	4241,3	4039,9	4002,7	6193,3	**3634,44**
VT183	S	CA820092	.	2194,8	2576,2	826,9	4028,5	3995,3	4831,6	4005,6	6615,1	**3634,25**
VT294	S	CA980024	1202,5	2276,3	3063,4	1294,2	4242,4	4360,8	5254,8	4050,4	6950,8	**3632,83**
LCI7	I	CNA0000082	1225,8	2210,6	2984,4	1127,9	4924,2	4085,2	6130,7	3990,3	5994,5	**3630,42**
LCI107	S	CNA0008412	1749,8	2248,5	3698,6	953,2	4004,3	4063,6	5432,1	3998,4	6493,0	**3626,84**
VT1	S	CA210005	*2252,1*	2227,7	3082,6	1121,3	4275,7	4254,4	4810,4	4056,9	6548,8	**3625,55**
LCB33	S	CNA0004121	*2371,2*	2268,1	3339,3	1075,2	4152,0	4385,2	4427,5	4102,7	6505,1	**3625,15**
VT225	S	CA850015	1627,7	.	2463,6	1156,3	4226,0	4559,5	4582,4	3990,9	6385,0	**3623,94**
LCB3	I	BRS_AGRISUL	1442,4	2274,1	2825,5	1037,2	4356,8	4370,9	5538,1	*4125,7*	6642,7	**3623,69**
VT234	S	CA860103	2173,5	2308,5	3494,4	*1417,7*	4104,3	4532,2	4687,9	4041,4	5853,3	**3623,69**
LCB10	S	CNA0000976	1744,8	2301,8	3188,6	1201,9	3963,6	4383,8	4424,5	4038,5	7361,7	**3623,24**
VT123	F	CA800080	1301,1	2260,9	3040,9	1054,1	3807,9	4657,9	5836,5	3980,6	6657,3	**3621,92**
LCI43	S	CNA0003372	2092,7	2322,7	3690,8	*1512,1*	4272,9	4658,6	4559,0	3963,8	5521,7	**3621,59**
VT40	I	CA780175	1164,5	2144,8	3095,4	1073,8	4554,9	3838,9	5707,8	4032,1	6970,6	**3620,31**
VT105	S	CA790376	1465,9	2369,2	3914,2	1291,3	4083,3	4268,1	4696,6	4032,0	6415,2	**3615,09**
VT76	S	CA790012	1682,3	2391,2	3562,6	1374,8	3828,5	4482,2	3954,1	4007,6	7222,4	**3611,72**

Continua…

Apêndice B. Continuação.

LCB65	S	CNA0007937	2022,4	2354,6	2833,3	1161,0	4417,2	4600,0	4764,8	4070,7	6267,2	**3610,13**
VT108	F	CA800015	1456,7	2276,1	2729,1	1385,8	4058,9	4296,4	6256,8	4022,1	5967,9	**3605,54**
LCB72	S	CNA0008711	1772,8	*2446,3*	3287,3	*1488,4*	3858,3	4360,0	4259,4	4029,4	6945,4	**3605,26**
LCB71	S	CNA0008540	1103,7	2390,2	2992,2	1331,3	4685,5	4114,4	5179,5	4111,6	6538,4	**3605,20**
VT307	F	CNA0006533	1879,5	*2422,5*	3559,5	1175,9	4211,0	4161,4	4946,6	4009,2	6053,1	**3602,09**
LCI105	S	CNA0008093	2015,3	2398,7	3149,4	876,2	3468,6	4006,7	5175,4	4065,4	7261,8	**3601,94**
VT7	F	CA780002	1968,6	2312,7	2911,5	1331,1	3643,7	4395,2	5742,2	4064,6	6045,4	**3601,67**
LCB90	I	IRGA_420	1231,2	2243,5	*4144,2*	1091,9	3991,5	4757,2	4480,1	*4201,7*	6271,0	**3601,38**
VT303	I	CNA0002069	1922,6	2215,6	3739,7	1024,3	4171,1	*4890,5*	4690,8	3957,2	5780,7	**3599,17**
VT66	S	CA780396	1321,4	2334,1	2206,5	1155,7	4514,1	4445,6	6078,4	3949,8	6363,4	**3596,55**
LCB35	S	CNA0004168	1155,3	2406,4	3775,8	1085,0	4043,6	4761,7	5324,2	4005,0	5811,0	**3596,43**
LCB67	S	CNA0008172	1174,3	2287,2	3332,4	1246,1	3862,9	4611,5	5284,8	4055,4	6504,7	**3595,48**
LCI114	S	CNA0009123	*2715,5*	2259,3	*4144,2*	1114,5	3512,5	4354,4	4045,8	4089,4	6118,6	**3594,92**
VT182	S	CA820083	1103,5	2315,7	4133,5	1285,1	4019,4	4366,6	4239,6	4039,0	6827,6	**3592,22**
LCI99	S	CNA0006941	514,6	2341,4	3415,5	1247,1	4505,8	4780,9	4661,9	4039,6	6812,2	**3591,01**
VT142	S	CA800131	1376,6	2390,7	2834,7	1324,4	3732,4	4410,4	4974,6	3996,7	7263,2	**3589,30**
VT219	F	CA840136	1093,8	2323,5	3899,7	1124,5	4830,5	4274,2	4689,9	4034,7	6019,4	**3587,80**
LCB39	S	CNA0004748	1895,1	.	2927,3	964,7	3617,6	4220,8	5129,0	3977,9	5964,0	**3587,04**
VT207	F	CA840032	1913,0	2359,2	3067,1	1239,9	3974,3	4502,3	5034,6	4039,8	6145,6	**3586,22**
LCI116	S	CNA0009139	1686,2	2390,0	3104,4	*1437,7*	4388,7	4222,0	5338,9	4041,0	5641,5	**3583,38**
VT56	F	CA780321	1446,1	2303,4	2369,5	1281,8	4454,4	4445,5	4792,5	3977,5	7173,9	**3582,73**
VT79	S	CA790044	1550,4	2303,8	3183,1	994,1	5002,9	4116,5	4927,5	4032,0	6120,9	**3581,23**
LCI78	I	CNA0005015	614,9	2271,2	4008,1	1126,0	3154,4	4680,1	5616,1	4098,7	6644,3	**3579,31**
LCI49	I	CNA0003417	957,4	.	2503,2	998,6	4005,0	3919,5	6144,7	4041,6	6045,4	**3576,94**
LCB89	I	IRGA_419	1551,8	2326,8	3309,6	1070,2	4547,8	4491,5	4886,4	4008,8	5999,4	**3576,93**
VT131	I	CA800101	1500,4	2248,7	3060,8	1013,1	4338,3	4795,6	4750,5	4071,5	6411,4	**3576,70**
VT22	F	CA780076	*2284,6*	2365,2	2689,4	1326,7	3945,2	4523,8	5321,9	4032,9	5692,9	**3575,83**
VT220	I	CA840158	1508,2	.	4139,5	.	4482,4	4159,1	.	.	.	**3572,29**
VT29	I	CA780103	.	2343,1	3770,4	1074,8	4546,2	4044,7	4718,2	.	4501,1	**3571,21**
LCI111	S	CNA0009102	1735,1	2117,5	2749,8	1285,1	4635,4	4486,6	5445,7	4084,7	5589,6	**3569,94**
LCB13	I	CNA0001107	924,2	2314,3	2932,1	1125,5	4355,3	4028,5	5369,6	4054,2	7024,9	**3569,85**
VT196	S	CA830114	1767,8	2223,2	2523,8	1233,3	4636,3	3114,3	5731,1	4089,4	6801,2	**3568,94**
VT54	S	CA780319	1853,8	2244,4	3024,1	1151,6	4537,4	4767,8	4950,5	.	6012,1	**3567,71**
LCB40	S	CNA0005180	1904,6	*2493,2*	3123,6	1336,2	3928,7	4364,4	4465,0	4087,1	6383,1	**3565,10**
LCB9	S	CNA0000969	849,9	2282,0	3416,3	997,1	4660,6	4768,1	4808,9	4022,8	6269,6	**3563,93**
LCI40	S	CNA0003288	1640,1	.	3231,5	1193,1	3850,3	4587,4	4666,9	.	5776,8	**3563,72**
VT53	F	CA780314	1323,4	2335,7	3267,5	1163,5	3910,4	4620,7	4607,4	4006,0	6835,8	**3563,39**
VT120	F	CA800072	798,5	2278,1	2622,6	934,5	4284,1	4672,4	4008,0	3968,9	*8498,2*	**3562,81**
LCB1	I	BR_IRGA_409_A	1621,5	2250,9	2410,6	1159,6	4699,1	4055,6	5271,5	.	6994,5	**3557,92**
LCI117	S	CNA0009154	1494,3	2290,5	3476,5	1028,9	4126,2	4421,3	4552,2	4010,2	6621,2	**3557,92**
LCB34	S	CNA0004141	1509,3	2319,4	3172,3	1199,8	3654,9	4432,4	4998,9	4077,5	6593,6	**3550,91**
VT129	F	CA800091	1921,7	2241,4	2707,4	*1432,3*	3578,0	4750,9	4957,6	*4181,8*	6150,8	**3546,88**
VT58	F	CA780342	1428,4	2366,9	3333,8	1164,6	3807,9	4263,3	4659,7	4017,2	6876,1	**3546,44**
LCB57	S	CNA0006666	*2367,7*	2354,0	3091,1	1017,4	4351,7	4155,6	4740,3	4045,0	5783,5	**3545,15**
LCB27	S	CNA0002123	1655,1	2175,0	4141,2	997,2	3863,5	4263,8	4858,8	4097,1	5842,0	**3543,74**
LCB63	S	CNA0007706	1521,8	2386,3	3196,3	1286,1	4221,5	4137,2	5090,6	3998,3	6050,2	**3543,15**

Continua…

Apêndice B. Continuação.

LCI133	S	CNA0010503	1658,7	2329,6	3507,2	1275,5	4221,5	3831,1	5979,6	.	5533,6	**3542,10**
VT97	S	CA790237	1604,0	2254,3	3166,9	1093,7	4473,2	4501,0	4512,3	3954,3	6313,8	**3541,50**
LCI87	I	CNA0005477	.	.	2914,7	.	.	4167,6	.	.	.	**3541,16**
VT93	S	CA790181	1352,5	2228,7	3018,2	1098,0	4149,0	4333,6	5537,1	3990,5	6160,6	**3540,91**
LCB45	S	CNA0005673	1353,6	2370,9	3081,4	1174,9	3859,3	4441,0	5153,0	3982,3	6451,2	**3540,85**
LCB59	S	CNA0006701	1758,8	2351,2	2652,1	999,7	4249,2	4494,2	5011,4	4048,1	6301,0	**3540,63**
VT133	I	CA800109	1391,8	2239,4	3512,7	1046,9	3936,1	3930,6	5054,4	.	7212,0	**3540,50**
LCI134	S	CNA0010506	1345,5	2305,8	*4187,6*	1173,3	4328,3	4286,7	3829,8	3990,5	6395,5	**3538,11**
VT202	I	CA840009	1466,3	2311,5	2854,4	1097,6	3818,5	4496,7	5535,3	3960,8	6291,6	**3536,97**
LCI93	S	CNA0006034	.	2168,2	2624,9	1006,7	3696,3	4225,8	4741,1	4011,7	5799,5	**3534,28**
VT130	S	CA800092	1710,7	2244,0	2273,4	1279,2	3542,7	4604,6	4675,4	4056,4	7411,1	**3533,05**
LCI37	I	CNA0003196	748,6	2224,3	2514,2	921,4	4434,3	3678,2	5938,4	4115,5	7190,6	**3529,49**
VT138	I	CA800123	.	2319,7	2547,8	772,3	4386,0	4457,9	4138,0	3970,9	5635,5	**3528,52**
LCI31	I	CNA0002482	1398,4	*2432,6*	3233,7	912,1	4005,3	4268,1	5483,6	4023,9	5997,8	**3528,40**
VT184	S	CA820103	1649,1	2402,4	3027,3	1221,5	4395,3	4433,1	4236,0	4061,7	6326,2	**3528,09**
VT233	F	CA860048	943,6	2176,2	2810,4	962,2	4607,8	4157,2	6066,7	.	6471,0	**3524,38**
VT8	S	CA780009	1783,2	*2438,5*	3679,5	1302,2	3602,5	4258,1	4628,3	4081,6	5931,9	**3522,87**
VT124	F	CA800081	1599,4	2230,5	3620,4	957,5	3870,7	4779,5	4932,6	4003,1	5696,4	**3521,12**
VT308	I	CNA0006565	1611,5	2265,2	2911,5	1305,5	3325,6	4308,0	5552,9	4044,6	6360,7	**3520,63**
LCI96	S	CNA0006574	1545,1	*2505,1*	3940,1	1097,5	3260,9	4281,5	4827,7	4062,9	6162,8	**3520,39**
VT31	I	CA780108	1616,1	2232,5	2456,9	1152,9	4438,1	4456,4	4887,7	4015,3	6425,7	**3520,19**
VT36	F	CA780169	1498,1	2376,1	2752,5	1350,7	3603,7	4530,9	5356,8	.	6679,9	**3518,59**
VT239	F	CA870042	1182,2	2378,9	3786,0	1266,6	3817,1	4417,1	3713,7	3967,7	7118,2	**3516,41**
LCI129	S	CNA0010445	1235,5	2307,3	3050,0	974,9	4276,5	3992,7	4816,8	.	7431,8	**3510,69**
VT90	S	CA790157	.	2252,0	2902,7	1073,5	3866,9	3840,5	4484,3	3998,2	5662,4	**3510,06**
VT218	F	CA840131	1111,5	2264,0	3944,9	1227,0	4082,4	4205,7	4803,6	4012,9	5900,7	**3505,85**
LCI14	I	CNA0000923	1236,5	2279,8	3104,3	944,3	3133,0	4123,8	5500,2	4093,4	7133,1	**3505,39**
VT42	S	CA780261	1550,2	2295,9	3069,3	943,0	4522,9	4123,6	5567,0	.	5961,3	**3504,14**
VT74	I	CA790007	1132,7	2192,8	3183,1	*1590,5*	4537,4	4265,0	4137,9	3935,1	6558,2	**3503,65**
LCI120	S	CNA0009223	1805,6	2382,3	2493,0	1121,3	4251,0	4500,0	4689,9	4086,0	6199,3	**3503,17**
LCI64	I	CNA0004552	.	.	2753,6	978,9	3564,7	3717,7	5101,1	.	4891,2	**3501,19**
VT197	S	CA830120	1776,7	2303,8	3069,3	994,1	4538,0	4150,8	4260,6	4005,0	6405,8	**3500,44**
LCI119	S	CNA0009199	1229,1	2314,9	3196,3	1053,2	4462,0	4382,9	5584,2	3958,0	5317,5	**3499,79**
LCI18	I	CNA0001419	1640,1	2224,1	3322,1	1054,5	4781,3	3942,7	5010,0	3961,0	5556,0	**3499,10**
LCB68	S	CNA0008305	1570,1	2168,3	3150,6	1092,8	4476,9	4214,4	4591,1	4021,2	6199,3	**3498,31**
LCB60	S	CNA0007024	1569,9	2307,8	2956,1	1198,5	4533,3	4070,8	5843,5	4097,6	4906,1	**3498,16**
LCB16	I	CNA0001117	1419,2	2402,4	2732,3	1050,9	3819,7	4667,4	5037,2	3990,4	6343,3	**3495,86**
VT200	F	CA830130	1749,0	2311,4	3424,2	1184,9	3467,9	4569,0	4883,9	3961,0	5876,0	**3491,93**
VT223	S	CA840182	1339,0	2343,6	2927,3	1118,0	3956,6	4420,7	5254,8	4043,1	6021,4	**3491,63**
VT19	F	CA780063	1630,9	2236,8	3423,9	939,4	3631,8	3367,2	5749,8	3988,2	6431,8	**3488,87**
VT193	S	CA830047	924,4	2291,7	3786,0	1158,9	3642,0	4417,1	4883,0	4075,8	6206,0	**3487,22**
VT146	S	CA800155	1480,8	2343,4	3521,1	1257,0	3996,1	4262,4	4750,8	4078,0	5681,2	**3485,64**
LCB85	S	IAPAR_9	1475,7	2410,3	3254,3	1272,6	4003,8	4676,0	4381,7	4107,9	5780,1	**3484,73**
LCI4	I	CICA_7	1218,8	2225,3	4038,7	843,8	4397,9	3802,3	4684,4	4088,1	6057,1	**3484,04**
VT211	F	CA840058	1846,5	2378,8	3044,2	1040,7	3493,2	4530,3	4901,6	3998,7	6098,6	**3481,41**
VT73	S	CA790006	1368,5	2283,5	3163,2	1065,9	3955,9	3867,0	5892,4	4015,3	5715,1	**3480,77**

Continua…

Apêndice B. Continuação.

VT168	I	CA810044	642,8	2267,8	2607,7	880,6	3834,3	4517,6	5866,4	4032,6	6659,6	**3478,81**
LCI59	S	CNA0004428	802,4	2176,9	3226,1	819,4	3941,1	4445,2	4613,4	3952,7	7305,8	**3475,89**
VT272	S	CA940006	1485,9	2275,9	3015,6	1135,1	4362,1	4095,4	4515,3	4118,7	6277,9	**3475,78**
VT264	S	CA880091	1593,7	2359,0	3061,7	1346,4	3620,5	4377,6	4862,5	3999,1	6055,5	**3475,10**
VT281	I	CA960010	1626,7	2323,5	2697,3	1278,1	4172,2	4491,4	4256,4	4111,7	6307,6	**3473,87**
LCB81	S	IAC_201	981,0	2394,9	3951,7	1222,9	4274,3	4705,2	3681,2	3954,1	6098,1	**3473,71**
VT159	S	CA810017	1018,4	2283,7	3061,7	1215,7	3871,5	4266,2	4932,6	4004,0	6605,5	**3473,23**
VT230	S	CA850056	1512,8	*2505,9*	2772,6	1251,1	4180,0	4705,2	4381,2	4051,5	5881,1	**3471,26**
VT278	S	CA950010	839,8	2350,9	3208,6	1283,8	4280,1	4284,6	4731,2	4043,2	6207,5	**3469,96**
VT139	S	CA800125	1112,3	.	2933,8	1220,4	3279,9	4272,3	4577,3	3983,1	6357,4	**3467,07**
LCI136	S	CNA0010527	1113,1	2267,6	2460,1	982,8	4302,6	4288,9	5548,3	4027,0	6207,5	**3466,43**
VT9	S	CA780017	1401,2	*2462,3*	3679,5	1103,4	3660,3	4445,2	4292,0	4093,8	6057,8	**3466,16**
LCI80	S	CNA0005277	1090,1	2359,1	2968,2	947,0	3926,7	4298,1	5957,6	4044,8	5603,0	**3466,06**
LCI32	S	CNA0002524	1229,9	2286,0	3393,9	1025,6	4267,8	4138,2	4753,6	4118,3	5978,1	**3465,71**
VT27	F	CA780099	1401,5	2331,1	3163,2	1151,1	4060,2	4292,7	5206,0	.	6115,4	**3465,14**
VT237	S	CA870012	1820,0	2367,1	3819,5	1166,6	2971,0	4500,4	4704,7	4038,5	5796,8	**3464,95**
LCI66	I	CNA0004576	1501,2	2270,1	2690,6	1269,6	3903,2	4092,4	5693,0	4022,2	5734,0	**3464,04**
LCB18	I	CNA0001337	652,0	2291,9	2547,8	778,2	4486,8	4549,3	5047,0	4035,0	6768,6	**3461,86**
VT128	S	CA800086	1306,0	2340,2	3517,2	957,5	4033,8	4148,0	5114,7	4001,5	5717,5	**3459,62**
LCI67	I	CNA0004579	994,4	2152,4	*4421,1*	1155,4	4016,8	3627,3	4907,7	4010,9	5836,5	**3458,06**
LC141	I	LEBONET	524,3	2141,3	3226,1	847,9	4289,9	4548,0	4904,9	4034,1	6546,0	**3451,37**
VT24	F	CA780079	1433,0	2264,9	3086,1	923,4	3889,2	4353,7	5318,2	4039,2	5734,6	**3449,15**
VT25	F	CA780084	1806,5	2375,5	3287,8	1143,8	4621,1	4705,6	5600,9	4047,9	.	**3448,65**
VT247	S	CA870158	2041,8	*2525,3*	3072,5	1278,2	4260,7	4200,3	3988,7	4006,6	5648,1	**3446,90**
LCI41	S	CNA0003289	1308,7	2283,1	2534,0	966,8	4248,7	4394,4	4860,4	4031,2	6393,1	**3446,71**
VT290	S	CA970013	1740,2	2331,4	3060,8	1135,1	3476,9	4378,3	4718,7	4043,3	6131,6	**3446,26**
VT226	S	CA850018	1589,1	2307,7	3657,2	1114,8	4076,2	4315,2	4428,2	4035,7	5491,3	**3446,16**
LCB61	S	CNA0007119	2097,3	2287,9	2545,6	1086,3	4265,3	4136,7	4965,3	3985,7	5643,7	**3445,97**
LCI118	S	CNA0009197	1165,2	2260,0	3310,1	998,9	4064,9	4404,0	5208,6	3928,3	5663,8	**3444,87**
VT121	S	CA800075	1504,0	2275,8	2653,4	1090,6	4087,7	4394,7	4666,4	4006,4	6323,9	**3444,76**
LCI34	I	CNA0002871	740,9	2180,4	3050,2	1067,9	3360,6	4673,1	5011,4	3967,5	6946,9	**3444,33**
VT296	S	CA980026	1545,8	2296,1	2904,4	1044,3	4180,0	3982,2	5439,1	4029,5	5567,0	**3443,15**
VT132	I	CA800108	986,7	2367,8	3288,4	1118,5	4117,6	4616,0	5397,9	.	5641,5	**3441,81**
VT235	S	CA860138	1060,2	2339,0	3367,5	1159,0	3898,1	4308,9	4671,1	4034,6	6136,3	**3441,63**
VT113	F	CA800034	922,9	2276,3	2678,0	1169,4	4111,3	4452,2	4775,5	4028,0	6557,6	**3441,24**
VT250	S	CA870168	1965,3	2322,3	4111,7	858,6	4288,5	*5092,6*	4832,4	4056,5	.	**3441,00**
LCB55	S	CNA0006413	1136,0	2260,2	3453,1	1069,3	4448,1	4333,8	4241,6	4073,7	5945,7	**3440,16**
LCB17	S	CNA0001118	1815,7	2236,6	2700,3	1066,9	4278,2	4039,4	4913,7	4003,3	5906,0	**3440,02**
VT119	S	CA800071	853,1	2307,8	2683,9	1204,0	4558,6	4447,9	4801,5	4027,1	6029,2	**3434,77**
LCI11	I	CNA0000692	1199,7	2267,7	2732,6	1060,0	3702,6	4245,6	5356,8	4029,5	6315,8	**3434,48**
VT59	F	CA780347	1483,7	2323,3	2653,4	1141,7	3589,9	4209,0	5041,7	4054,8	6411,7	**3434,36**
VT5	F	CA210031	1803,7	2330,7	3350,6	1143,0	3515,7	4000,1	5198,8	4094,7	5453,8	**3432,33**
VT96	S	CA790222	1437,6	2315,9	3108,6	927,4	3623,7	4425,0	5929,4	3980,7	5136,3	**3431,61**
VT165	I	CA810037	.	.	4059,2	914,1	*5329,3*	3417,6	.	.	.	**3430,05**
LCB86	I	IRGA_416	1847,8	2386,2	3373,4	983,8	3354,7	*4821,5*	5180,3	3990,7	4927,6	**3429,56**
LCI57	S	CNA0004193	1907,1	2331,4	2879,1	1266,6	4183,0	4350,0	4300,0	4026,3	5622,4	**3429,53**

Continua…

Apêndice B. Continuação.

VT85	S	CA790098	1531,9	2272,1	3115,0	891,9	4504,3	3805,1	5515,9	4024,7	5198,2	**3428,79**
LCI122	S	CNA0009240	1330,2	2386,3	3150,6	1149,5	4122,6	4058,7	4627,4	3977,1	6053,5	**3428,43**
VT171	S	CA810049	608,8	2280,0	2593,0	772,3	4176,3	4499,3	5076,2	3962,8	6880,7	**3427,71**
LCB43	S	CNA0005660	1329,9	2163,1	2871,2	1239,6	3569,7	4489,5	4998,9	4072,6	6103,2	**3426,41**
LCB6	I	BRS_FORMOSO	1098,0	2270,1	2871,2	1213,1	4511,1	3948,1	4879,7	4006,0	6021,5	**3424,31**
LCB21	S	CNA0001347	.	2247,9	2482,8	889,7	4606,8	*4874,1*	4871,7	3991,1	.	**3423,42**
LCB41	S	CNA0005342	1777,2	2153,0	3219,8	1112,2	2756,1	4366,8	5656,6	*4125,0*	5626,3	**3421,45**
VT47	F	CA780297	*2391,0*	2201,1	3128,9	1203,7	4756,4	4408,5	5334,7	3945,4	.	**3421,21**
VT52	S	CA780313	1400,7	2319,5	4013,0	1062,2	3626,4	4561,4	4049,3	4066,1	5690,3	**3420,98**
VT102	F	CA790326	1305,7	2277,0	3024,7	1106,7	3236,3	4075,2	5073,2	4012,3	6676,5	**3420,86**
LCI95	S	CNA0006572	1756,7	2359,2	2999,1	1103,4	3932,0	4292,3	4502,9	4045,9	5792,8	**3420,48**
VT194	S	CA830072	947,4	2249,3	3387,8	1049,7	3538,9	4270,9	5649,2	4054,0	5635,1	**3420,26**
LCI76	S	CNA0004796	1043,2	2327,1	3299,3	1139,6	3900,0	4145,6	4871,7	3952,0	6050,8	**3414,38**
LCI128	S	CNA0009591	999,9	2258,2	3007,3	1012,6	4355,6	4193,8	4729,9	3997,4	6164,0	**3413,20**
LCI137	S	CNA0010533	943,4	2231,1	3884,7	1358,4	2964,6	4745,5	4557,0	4034,7	5993,9	**3412,60**
VT268	F	CA930004	.	.	3218,2	933,6	3518,9	4217,8	5173,7	.	.	**3412,44**
VT192	S	CA830045	904,7	2221,2	3288,4	1021,9	3688,2	3621,8	4872,9	.	*7673,1*	**3411,52**
LCB84	S	IAPAR_63	1235,5	2358,4	3713,6	1091,9	4658,9	4237,3	3668,0	4045,8	5691,2	**3411,18**
VT148	S	CA800166	1413,9	2308,5	3154,2	1281,4	4124,6	3979,4	4925,9	4083,1	5412,7	**3409,29**
VT81	S	CA790052	933,7	.	3599,9	1103,0	3669,1	3965,9	4056,5	3970,8	5972,8	**3408,97**
LCB22	S	CNA0001350	1640,7	*2450,4*	3362,2	1109,3	3445,8	4532,3	4142,8	4057,8	5928,6	**3407,76**
VT260	S	CA880070	967,0	2374,6	3299,5	1221,5	4103,4	4123,2	4288,1	3967,4	6312,9	**3406,40**
VT277	S	CA950007	631,6	.	3059,3	893,7	4221,5	4020,6	5223,1	.	5780,7	**3404,35**
LCB52	S	CNA0006174	1339,0	2347,4	3226,1	1171,5	4096,6	4706,6	4169,6	4014,5	5562,5	**3403,75**
LCI126	S	CNA0009415	1169,9	2287,2	3150,6	1087,6	4047,7	3944,4	4651,7	3997,7	6294,3	**3403,45**
VT251	S	CA870171	920,1	.	3717,9	994,1	3559,8	4007,1	4610,7	3997,4	5419,1	**3403,29**
VT125	F	CA800082	1431,3	2239,9	3390,2	1071,5	4148,1	4215,6	4869,7	.	5857,6	**3402,99**
VT210	S	CA840045	1536,9	2220,9	3945,4	979,0	4903,0	4311,4	5296,8	4028,4	.	**3402,74**
LCI91	S	CNA0005972	1524,1	2307,5	2698,6	971,4	3382,3	4194,7	5145,1	4032,6	6340,5	**3399,64**
LCB82	S	IAC_202	1104,6	2219,8	2515,9	1053,2	4139,2	4210,1	4535,5	4035,0	6779,6	**3399,21**
VT136	I	CA800120	1293,3	.	3628,6	993,7	4603,0	4450,3	5420,9	.	.	**3398,31**
LCI115	S	CNA0009124	793,0	2243,6	2924,2	1149,5	4198,8	4131,5	5221,5	4001,7	5917,7	**3397,95**
VT104	I	CA790345	.	.	3368,7	1055,2	4672,6	4479,0	.	.	.	**3393,87**
VT4	S	CA210023	1149,2	2156,7	2914,1	1062,4	3782,4	4363,2	4918,6	4102,0	6088,8	**3393,03**
VT50	S	CA780309	1947,3	2276,3	2632,3	1118,0	4114,8	3598,0	5142,7	4013,8	5689,0	**3392,46**
VT173	S	CA810065	753,9	2296,6	2927,7	963,1	4078,6	4413,7	4698,4	4086,2	6311,1	**3392,13**
LCI63	S	CNA0004543	1692,3	2248,0	3021,9	1000,7	3282,6	3651,9	5192,1	4070,9	6353,1	**3390,38**
LCI60	S	CNA0004463	1781,3	2239,5	3237,3	*1501,0*	3840,4	4068,7	4061,8	4076,1	5697,9	**3389,34**
VT48	S	CA780300	1268,5	2253,0	2768,8	1054,1	3959,8	3805,2	5811,5	3967,6	5582,2	**3385,63**
LCI75	S	CNA0004788	1485,9	2275,8	2854,4	893,2	3270,0	4131,0	5131,1	4013,1	6370,0	**3380,50**
LCB54	S	CNA0006406	1885,6	2367,1	3741,2	1067,0	2877,2	4733,9	3755,1	4053,8	5928,3	**3378,81**
VT43	S	CA780269	1415,3	2363,6	3423,9	1121,2	4478,3	*4931,3*	5327,9	3960,0	.	**3377,69**
VT246	S	CA870153	1542,6	2272,5	3787,0	1070,1	4404,6	4254,3	5636,1	4043,0	.	**3376,26**
LCI148	I	TOMOE_MOCHI	2148,7	2244,2	2606,9	937,1	4060,5	4278,5	4054,6	4000,4	6039,8	**3374,53**
VT152	S	CA800177	1143,0	2259,8	3390,2	980,4	3934,1	4525,5	4011,9	3970,9	6142,5	**3373,14**
LCI124	S	CNA0009319	1945,5	2224,4	2924,7	1157,7	4191,9	3999,7	4512,3	3967,7	5433,1	**3373,00**

Continua…

Apêndice B. Continuação.

LCI83	S	CNA0005358	1304,0	.	3424,2	840,7	3997,2	3686,2	5661,4	.	4692,2	**3372,27**
LCB25	I	CNA0001414	1203,5	2371,2	3296,3	1028,1	4108,6	4423,6	4353,4	4008,2	5554,3	**3371,90**
LCI44	S	CNA0003375	1082,5	2256,1	2856,7	1067,0	3986,2	4015,4	5091,3	4062,9	5925,0	**3371,46**
VT26	F	CA780091	949,6	2279,6	2686,9	1179,3	4353,6	4377,0	4652,4	3942,0	5898,4	**3368,75**
LCI30	I	CNA0002480	1040,2	2236,3	2788,6	1095,2	3483,9	4166,9	5469,6	4014,1	6009,6	**3367,14**
LCI127	S	CNA0009561	1258,7	2224,3	2968,2	938,4	4849,6	3918,2	4718,0	3981,0	5436,8	**3365,91**
VT291	I	CA970014	1184,2	2220,9	3015,6	1092,7	4554,4	4182,9	5053,4	4043,2	4939,3	**3365,18**
LCI46	S	CNA0003397	1702,9	2347,4	2772,6	1194,4	3752,0	4200,9	4620,2	*4126,0*	5569,1	**3365,07**
VT190	S	CA830032	1690,8	2320,6	3251,7	1203,3	3945,2	4343,8	4355,2	4010,9	5133,2	**3361,64**
LCB8	S	CNA0000963	1000,0	2353,3	3369,8	1024,4	3589,2	4109,5	4725,9	3950,6	6116,5	**3359,92**
VT3	S	CA210011	1725,3	2323,1	3163,4	1306,7	3943,4	3984,6	4336,7	4056,3	5386,9	**3358,50**
LCB64	S	CNA0007799	1419,6	2227,7	3377,6	1172,4	3577,3	4231,5	4389,7	3994,5	5819,4	**3356,65**
VT78	S	CA790031	1362,8	2244,2	2594,7	1115,2	3007,4	4229,0	5717,4	4046,3	5885,1	**3355,79**
VT174	S	CA810067	783,3	.	3098,9	974,5	4963,1	4189,6	5436,2	4039,2	.	**3354,97**
VT186	F	CA830002	1384,7	2351,2	2334,7	1227,0	3813,3	4031,4	5037,8	4077,6	5927,7	**3353,95**
VT169	I	CA810045	1113,8	2259,9	2879,9	952,0	3776,2	4409,0	5081,9	4030,1	5665,7	**3352,05**
VT195	S	CA830083	1343,4	.	3399,5	859,6	3259,6	3912,1	4130,4	.	6553,8	**3351,18**
VT215	F	CA840099	1332,6	2255,8	3231,2	1065,9	4319,9	4107,0	4509,3	4001,2	5294,8	**3346,43**
VT161	I	CA810028	979,5	.	2948,2	1357,3	4464,9	4268,9	6057,3	.	.	**3346,01**
VT177	S	CA820040	1923,5	2232,2	3316,4	1313,2	3092,2	4261,8	4694,7	4021,9	5220,0	**3341,77**
VT92	S	CA790178	1616,3	2335,2	3180,3	1069,2	3507,9	4264,6	4717,4	4000,2	5382,9	**3341,58**
LCI15	I	CNA0000950	.	.	2413,4	888,2	4604,6	3149,2	5647,1	.	.	**3340,49**
VT82	S	CA790061	839,2	2307,5	2854,4	1143,1	3863,3	4469,5	5109,7	4002,7	5464,4	**3339,31**
VT198	S	CA830122	1346,5	2307,5	3288,1	1181,6	3419,9	4540,4	4467,3	4001,2	5462,0	**3334,93**
VT257	S	CA870186	1943,0	2248,7	2924,7	969,9	4590,2	4587,1	5468,0	3942,9	.	**3334,31**
VT298	S	CA990001	1136,1	2201,5	2587,5	1059,7	4128,4	4178,0	4953,9	4012,3	5731,3	**3332,08**
VT172	F	CA810050	1089,3	2315,9	3607,7	1151,4	2969,7	4207,9	4323,5	4046,5	6269,3	**3331,25**
LCI35	S	CNA0003005	1510,1	.	3275,1	1047,0	4409,8	4134,8	5013,7	3920,5	.	**3330,14**
VT180	S	CA820071	1340,5	2215,2	2682,8	977,8	3726,0	3907,1	4908,4	3976,6	6204,3	**3326,53**
VT109	I	CA800021	1482,0	.	3106,6	1095,9	4324,9	4583,2	5358,0	.	.	**3325,09**
VT72	S	CA790003	989,6	2278,0	3120,5	849,5	3894,2	3922,4	5880,2	3978,3	5007,7	**3324,49**
LCB73	I	RS6PL12-35-1-B	745,9	2236,1	3498,2	898,6	3889,5	3966,1	5404,7	4030,0	5250,4	**3324,40**
LCI62	S	CNA0004487	1855,6	2304,8	3115,6	987,2	3708,1	4279,5	4152,7	3936,0	5577,2	**3324,07**
VT91	S	CA790168	982,5	2259,8	3254,1	1077,1	3453,5	4265,6	4729,6	3934,7	5952,5	**3323,28**
LCI2	I	BASMATI_370	1362,3	2253,0	2609,8	1003,0	3374,2	3188,1	4199,6	3971,2	*7939,5*	**3322,30**
VT87	S	CA790116	910,6	2208,5	2992,3	1090,4	3425,8	4799,9	4021,3	3956,2	6446,8	**3316,86**
VT145	S	CA800150	1202,1	2323,8	2882,1	1082,0	3707,4	4373,6	4547,7	3951,3	5763,6	**3314,83**
LCI50	I	CNA0003446	1544,1	.	3316,4	898,6	3985,7	3601,9	4575,5	.	5281,3	**3314,78**
LCB47	S	CNA0005975	1405,0	2390,8	3083,7	1237,3	4135,2	4756,8	5479,3	4029,2	.	**3314,65**
LCI68	S	CNA0004617	731,8	*2433,7*	3463,8	1057,8	3813,5	4137,3	3737,6	3994,2	6454,3	**3313,79**
LCI19	I	CNA0001420	1409,8	.	3050,8	1237,0	4227,7	4066,2	5888,0	.	.	**3313,23**
VT89	S	CA790134	*2295,2*	2284,4	2244,3	1104,1	4276,7	4651,4	5567,7	4081,0	.	**3313,09**
VT299	F	CNA0000003	1983,1	2272,1	3317,0	1143,3	3453,8	4159,5	4687,6	4028,8	4751,4	**3310,73**
VT151	S	CA800173	776,5	2265,2	3342,1	993,1	3779,0	4308,0	4523,3	4001,2	5808,0	**3310,70**
VT147	S	CA800160	644,5	2205,5	3676,2	957,5	3736,6	4327,9	4873,6	3993,8	5361,4	**3308,55**
LCI92	S	CNA0005994	1462,8	2260,0	2673,1	1040,3	3950,0	3795,3	5278,0	4010,6	5304,8	**3308,33**

Continua…

Apêndice B. Continuação.

VT286	I	CA960027	1636,5	2338,5	2219,9	1297,2	*5249,5*	4283,5	5383,9	4032,4	.	**3305,17**
VT13	S	CA780033	1716,0	2228,5	2502,6	1215,8	4248,4	4072,2	4155,4	4044,0	5530,6	**3301,50**
VT21	S	CA780071	888,2	*2438,4*	2879,1	1215,5	3156,3	4468,5	3363,5	4010,4	7287,8	**3300,86**
VT245	S	CA870142	2173,9	2248,7	3060,8	1206,3	4532,1	4127,1	5110,6	3945,4	.	**3300,62**
LCB51	S	CNA0006170	1805,4	2254,9	3363,2	1273,2	3745,1	4127,0	4106,3	.	5729,4	**3300,58**
VT276	F	CA950005	1964,0	2224,9	3151,7	1143,8	4523,9	4130,0	5310,8	3953,1	.	**3300,27**
VT221	F	CA840159	1016,6	2217,0	2403,2	979,0	4200,0	3841,5	5279,9	3986,5	5777,0	**3300,07**
VT11	S	CA780021	1538,0	2287,9	3271,3	978,6	3527,8	4483,8	3835,7	4077,2	5691,2	**3299,04**
VT216	S	CA840106	1721,0	2367,4	2632,3	1237,5	4563,0	4356,5	5493,0	4016,2	.	**3298,35**
VT185	F	CA830001	941,4	2275,6	2914,1	1096,4	3987,1	4248,9	4715,6	4065,4	5390,2	**3292,75**
VT231	S	CA850068	*2361,8*	2101,2	3821,0	846,5	3665,8	3553,2	4451,0	.	5512,3	**3289,10**
VT134	I	CA800112	1103,9	.	2599,7	.	3595,8	3675,4	5464,3	.	.	**3287,80**
VT259	S	CA880013	1376,2	2323,8	2882,1	1032,8	3998,5	4116,5	4633,3	4005,1	5221,3	**3287,74**
LCI109	S	CNA0008432	750,6	2311,6	3106,0	907,8	4164,5	3666,9	4550,6	3975,0	6155,3	**3287,60**
LCI8	I	CNA0000122	1196,6	.	3016,2	1073,0	4959,6	4450,3	5020,6	.	.	**3286,04**
VT51	S	CA780311	1173,7	2266,1	2553,3	1082,4	3977,9	4195,2	4463,6	4029,4	5828,3	**3285,55**
LCI36	I	CNA0003195	892,6	2132,5	2148,6	995,3	3899,8	3898,7	4123,9	4086,5	7390,3	**3285,36**
VT162	I	CA810030	1480,6	.	2869,5	1094,8	4924,5	3423,4	5870,5	.	.	**3277,23**
LCB69	S	CNA0008309	1645,3	2314,8	3055,5	1051,9	3617,5	4137,3	3793,3	4103,0	5738,7	**3273,05**
LCB42	S	CNA0005650	2013,6	2292,9	3183,7	1186,3	4162,5	4435,2	4829,7	4079,0	.	**3272,85**
VT238	S	CA870021	1688,2	2264,5	2584,5	1220,1	4674,0	4410,0	5235,6	4092,0	.	**3271,12**
VT253	S	CA870177	1636,1	2232,3	4081,0	1073,4	4276,3	3998,6	4759,2	4106,7	.	**3270,44**
LCI82	S	CNA0005334	1459,8	2228,3	.	1330,5	3406,7	3792,5	4671,1	3921,3	5301,5	**3263,95**
VT137	I	CA800122	1455,8	2240,1	2539,6	1141,7	3615,2	4231,9	4516,2	4025,1	5567,4	**3259,22**
VT118	F	CA800070	1403,2	2279,8	2900,1	955,5	3578,0	4329,5	4607,4	4054,8	5213,2	**3257,95**
VT28	I	CA780101	1240,7	.	4014,0	1164,0	4241,3	4370,3	4515,3	.	.	**3257,62**
VT122	S	CA800076	1024,8	.	3514,9	948,2	4444,5	4233,2	5350,8	.	.	**3252,73**
VT275	S	CA950002	887,8	2223,5	4011,9	916,6	3831,8	4123,5	4655,4	.	5366,1	**3252,06**
VT60	S	CA780365	968,0	2319,4	2968,2	1001,0	3613,9	4145,3	4633,5	3971,5	5637,2	**3250,89**
VT116	I	CA800050	1283,6	.	2789,2	1254,8	*5268,7*	4486,0	4417,2	.	.	**3249,91**
VT293	S	CA980004	881,9	2287,6	2250,6	1035,1	3435,2	4103,2	5065,9	4006,4	6139,4	**3245,03**
LCI144	I	NOURIN_MOCHI	1074,7	2268,0	3015,2	1079,3	4056,7	3881,4	4334,8	4063,9	5402,0	**3241,78**
LCI58	I	CNA0004308	908,3	2273,1	2616,5	1055,6	3615,3	3979,5	5126,6	4004,3	5591,0	**3241,12**
VT297	S	CA980031	1744,4	2339,8	2902,4	1325,6	4063,0	4424,3	5156,0	3973,3	.	**3241,11**
LCI47	S	CNA0003403	818,6	2236,1	3044,2	1165,5	3128,6	4104,7	4404,9	3982,4	6264,8	**3238,85**
VT45	F	CA780285	1437,6	2232,8	2811,5	1092,7	4180,4	4361,4	5623,7	*4144,4*	.	**3235,57**
LCI29	I	CNA0002416	1115,3	2417,8	3784,9	1149,5	3031,7	4199,2	4463,4	.	5701,8	**3232,95**
VT111	I	CA800028	1990,1	2241,0	2676,0	1283,2	4832,4	*5034,5*	4550,1	.	.	**3229,63**
LCB19	I	CNA0001339	.	2213,0	2267,2	1053,1	4208,4	4525,7	4250,1	4063,7	.	**3225,86**
LCI103	I	CNA0007408	1098,0	2213,6	2480,4	879,4	3541,5	3831,0	4515,4	3984,0	6459,5	**3222,54**
VT282	I	CA960013	1574,1	.	3595,1	1060,8	*5173,6*	4690,4	.	.	.	**3218,81**
LCI147	I	RAMTULASI	1032,6	2287,9	2999,1	1092,2	3386,9	4090,9	3791,1	4026,9	6169,4	**3208,56**
LCI71	S	CNA0004640	1209,8	2319,4	3670,9	*1426,5*	3538,1	4418,1	5049,3	4019,0	.	**3206,38**
VT204	S	CA840023	1084,4	2291,6	2726,9	1162,5	3353,8	4028,9	4750,4	4006,4	5443,7	**3205,42**
VT205	S	CA840026	1037,5	2270,1	2939,2	952,0	3813,8	4002,4	4246,1	3967,4	5601,3	**3203,31**
LCI6	I	CIWINI	1162,8	2194,8	3687,7	911,7	4692,5	4116,7	3910,2	.	4949,8	**3203,28**

Continua…

Apêndice B. Continuação.

VT84	S	CA790095	1425,2	2247,9	2936,7	1026,0	3550,2	3827,0	4911,8	3988,4	4904,5	**3201,97**
LCI125	S	CNA0009364	1324,1	2358,4	2556,9	1188,5	4006,6	3934,4	4068,6	4024,8	5314,6	**3197,45**
VT77	S	CA790021	952,4	2291,6	2908,2	1103,3	3214,8	4284,6	4386,2	4040,6	5590,0	**3196,85**
VT95	F	CA790220	1218,1	2410,4	3072,8	1060,0	3345,4	4298,4	4505,5	.	5647,2	**3194,73**
LCI24	I	CNA0002222	1559,4	2219,6	2265,6	1126,5	4936,3	4390,6	5041,8	3981,2	.	**3190,11**
VT181	S	CA820073	.	2207,7	3467,5	893,7	3387,5	4297,7	4879,5	.	.	**3188,94**
LCI69	I	CNA0004625	1040,1	2201,4	3061,4	970,8	4020,5	4397,5	3770,1	.	6018,1	**3184,99**
LCB15	I	CNA0001109	519,0	2326,6	2696,2	1143,6	3826,1	4303,5	4820,8	.	5834,8	**3183,82**
VT300	I	CNA0000009	.	2203,7	2855,1	899,2	3426,1	4262,0	5446,7	.	.	**3182,15**
VT163	I	CA810032	1005,6	2280,8	2859,7	974,5	3894,0	4028,0	3994,0	4005,5	5595,5	**3181,95**
VT63	S	CA780388	1133,7	2322,6	2378,8	1274,2	4486,5	4596,3	5328,8	3931,9	.	**3181,61**
VT179	S	CA820062	.	2251,3	2923,2	1308,3	3183,7	3736,4	4811,2	4054,1	.	**3181,16**
VT100	S	CA790300	1394,7	2360,0	3404,0	1076,7	3759,0	4676,5	4703,4	4073,5	.	**3180,97**
VT212	I	CA840062	1348,5	.	3686,0	1049,3	*5621,7*	4199,0	.	.	.	**3180,92**
LCB83	S	IAPAR_62	822,0	2311,6	2538,9	846,4	3544,5	3854,3	5188,6	3954,7	5554,5	**3179,49**
VT6	F	CA210035	1521,3	2244,2	2652,1	1067,8	3635,7	4115,7	3909,9	3965,3	5469,9	**3175,76**
VT249	F	CA870166	692,0	2252,6	3991,1	994,4	3952,8	3874,3	4089,0	4001,2	4728,9	**3175,16**
VT68	F	CA780401	.	2139,9	2546,7	773,1	2981,8	3212,9	5054,4	.	5501,9	**3172,97**
VT140	F	CA800128	1284,8	2278,1	2577,4	1241,4	4413,2	4279,6	5286,8	3997,8	.	**3169,88**
VT170	I	CA810046	899,0	2316,3	3605,8	1147,0	4959,1	3809,0	5444,1	.	.	**3168,60**
VT241	S	CA870078	1787,2	2402,7	3219,8	1180,6	3387,7	4159,7	5137,5	4060,3	.	**3166,93**
VT301	F	CNA0000089	1106,2	2240,4	2729,1	886,0	4299,1	3478,0	4573,0	4009,2	5164,0	**3165,00**
VT135	I	CA800117	1622,7	2231,5	2424,0	1217,6	4565,7	4719,1	5348,7	.	.	**3161,32**
VT126	S	CA800083	1192,2	2276,3	2904,4	947,7	4037,1	4625,0	5277,8	4017,3	.	**3159,72**
VT217	S	CA840128	1361,7	2279,7	2749,7	1035,1	3546,5	3830,4	4381,2	3985,6	5240,5	**3156,72**
LCI16	I	CNA0000952	836,1	.	.	899,3	4127,8	*4866,1*	5028,6	.	.	**3151,59**
LCI98	S	CNA0006940	569,2	2136,5	2897,1	927,1	3410,5	3931,6	4853,2	4099,6	5535,0	**3151,08**
VT115	F	CA800049	916,6	.	3005,6	1038,2	3768,7	4607,6	5532,9	.	.	**3144,93**
VT110	F	CA800027	465,8	2291,6	2590,8	989,6	3373,3	4157,5	4705,5	4069,5	5647,4	**3143,44**
VT20	F	CA780070	1614,7	2344,2	2632,7	1133,7	3408,8	4130,8	4334,1	.	5503,8	**3137,85**
VT252	S	CA870174	1348,9	2248,5	2927,3	1095,4	3324,1	3750,8	4918,9	4048,7	4522,2	**3131,65**
VT222	I	CA840160	830,0	.	3323,0	1004,1	4609,7	4201,9	4782,6	.	.	**3125,21**
VT265	F	CA890005	.	2235,4	3444,7	950,6	3568,5	4032,1	4519,5	.	.	**3125,13**
VT166	I	CA810041	701,8	.	3288,4	1232,2	3580,4	4378,9	5552,9	.	.	**3122,44**
LCB11	S	CNA0000994	1034,8	.	2554,6	1042,6	3659,8	4135,3	4005,1	3944,1	4587,1	**3120,42**
VT292	I	CA980001	1028,5	2232,8	3423,9	931,5	3716,2	3538,6	6160,2	3930,9	.	**3120,34**
VT35	I	CA780134	1497,3	2208,5	3287,8	868,2	3526,1	3509,8	3889,0	.	6094,6	**3110,16**
LCB36	S	CNA0004172	1292,3	2291,8	2940,3	1291,4	3874,9	4389,0	5671,4	.	.	**3107,29**
VT155	I	CA810007	861,4	.	3968,8	970,8	4399,1	3484,7	4953,8	.	.	**3106,42**
VT153	S	CA800180	.	.	2481,5	939,3	3041,3	3917,6	5111,7	.	.	**3098,27**
VT188	F	CA830004	404,4	2116,6	3599,9	802,0	3461,8	3740,2	3741,8	4109,3	5843,7	**3091,08**
VT117	F	CA800057	.	.	2756,3	1077,8	4849,2	3633,4	.	.	.	**3079,18**
VT158	I	CA810016	1133,0	.	3300,6	1004,1	4031,2	4367,6	4636,3	.	.	**3078,80**
VT224	I	CA840184	1218,1	.	3084,3	959,3	4606,9	4007,5	4587,5	.	.	**3077,26**
LCI143	I	MOGAMI_CHIKANARI	306,9	2081,4	2687,1	829,5	3917,6	3678,9	4468,1	4010,2	5685,1	**3073,86**
VT302	I	CNA0001165	1012,5	2203,4	2864,1	1023,3	3503,2	3741,4	4586,3	3964,0	4755,4	**3072,63**

Continua…

Apêndice B. Continuação.

VT34	I	CA780125	1264,9	2190,2	3368,7	1111,9	4375,0	4074,8	5098,6	.	.	**3069,15**
VT167	I	CA810043	1185,1	.	.	995,8	3857,3	3913,5	5392,9	.	.	**3068,92**
VT295	S	CA980025	1555,0	2284,2	2927,3	1226,1	3538,9	4239,3	4717,4	4054,0	.	**3067,77**
VT156	I	CA810011	1387,6	.	3504,8	975,6	4653,1	4816,1	.	.	.	**3067,44**
LCI101	I	CNA0006955	543,6	.	2386,7	779,8	.	3673,9	3913,8	4001,1	6149,0	**3063,96**
LCB44	S	CNA0005672	*2179,0*	2251,4	2193,8	1006,7	3579,3	.	4530,2	4023,0	4486,9	**3031,30**
VT114	F	CA800039	1519,3	.	2667,8	985,6	3861,2	3408,2	5728,2	.	.	**3028,40**
VT267	F	CA930003	1292,8	2223,5	2900,3	1149,5	3669,5	4290,6	5544,8	.	.	**3010,14**
VT143	S	CA800143	.	2227,5	2719,0	865,2	3426,1	4202,0	4578,1	.	.	**3002,99**
VT266	S	CA910003	1598,5	2316,1	3151,7	1172,3	3785,8	4040,0	4934,5	.	.	**2999,84**
VT112	F	CA800029	1269,5	.	2552,2	1191,4	3915,4	4461,9	4608,3	.	.	**2999,79**
LCI94	S	CNA0006035	992,7	2283,8	2639,9	1143,6	3333,3	3971,9	3900,5	.	5651,0	**2989,60**
LCI135	S	CNA0010514	868,4	2247,8	3254,3	1335,2	3864,0	3721,8	5628,9	.	.	**2988,63**
VT228	F	CA850023	1018,6	.	2403,8	982,2	4482,9	3441,9	5530,5	.	.	**2976,65**
LCB5	I	BRS_BOJURU	949,3	.	2057,7	796,5	3467,3	.	3857,7	3915,6	5755,3	**2971,35**
LCI28	I	CNA0002293	1626,3	2164,8	3447,1	959,9	3365,2	3347,7	4923,2	3919,8	.	**2969,24**
VT144	S	CA800146	1155,6	2343,3	2378,7	1027,0	2860,7	3731,2	3791,3	4031,6	5392,2	**2967,97**
LCI81	S	CNA0005326	1469,0	2267,4	2379,8	1075,8	4403,4	3633,0	4460,9	4050,7	.	**2967,51**
VT201	I	CA840005	1119,1	.	2880,2	1112,9	3803,4	4047,5	4776,4	.	.	**2956,60**
VT160	I	CA810019	1030,9	.	3061,4	1152,6	3742,3	3896,1	4855,7	.	.	**2956,50**
LCI86	S	CNA0005465	935,0	.	2463,6	946,0	3320,4	3746,8	5320,0	3944,7	.	**2953,80**
VT213	F	CA840063	1083,3	2192,8	2570,7	829,3	4357,7	3593,7	4960,6	4028,8	.	**2952,11**
VT62	F	CA780387	1340,1	.	2766,4	1016,3	4502,6	3631,8	4454,2	.	.	**2951,91**
VT288	I	CA960035	1269,5	2220,8	2473,9	1129,4	3637,2	4162,2	4654,7	4035,0	.	**2947,84**
VT178	I	CA820041	906,7	.	3640,9	.	3772,5	3452,0	.	.	.	**2943,01**
VT209	I	CA840042	1206,7	.	2234,3	987,1	4783,5	3529,1	4866,7	.	.	**2934,55**
VT229	S	CA850050	857,7	2271,6	3594,5	1255,6	4129,9	4498,9	3932,9	.	.	**2934,44**
VT154	I	CA800183	1137,6	.	*4661,5*	952,7	4116,3	3790,5	.	.	.	**2931,73**
LCI139	I	HUAN-SEN-GO	801,6	2193,2	2380,4	1030,1	4690,1	3324,4	4881,2	4056,5	.	**2919,69**
VT65	I	CA780392	1263,4	.	3595,1	998,2	3941,5	4793,3	.	.	.	**2918,30**
VT2	S	CA210006	862,1	2268,0	2448,4	890,8	3028,0	3764,0	4124,0	4012,9	4853,2	**2916,82**
VT69	S	CA780402	652,5	2125,3	2198,7	.	3853,6	.	4208,0	.	4438,5	**2912,74**
LCI27	I	CNA0002258	1264,0	2234,5	3416,3	1093,7	3820,5	3478,2	4009,9	3923,6	.	**2905,09**
LCI84	S	CNA0005461	992,6	.	2622,6	1014,1	4328,3	3673,9	4740,4	.	.	**2895,33**
VT30	I	CA780105	884,4	2252,0	2545,6	955,5	3402,3	3606,1	3307,8	.	6115,7	**2883,69**
VT99	I	CA790255	1071,6	.	3073,6	1089,3	4660,8	4407,6	.	.	.	**2860,58**
LCI25	I	CNA0002246	270,0	.	3870,2	1036,7	3269,1	3651,1	5026,5	.	.	**2853,95**
VT149	I	CA800169	1239,7	.	3822,1	981,2	3659,5	4561,9	.	.	.	**2852,87**
LCI85	S	CNA0005462	733,3	.	2917,6	1059,7	3706,4	3541,1	5076,6	.	.	**2839,11**
LCB48	S	CNA0006030	656,5	2266,2	2463,6	1099,3	3553,9	3738,2	4927,3	3928,4	.	**2829,18**
LCI106	S	CNA0008411	376,1	2248,2	3219,8	947,4	2998,1	4444,0	4358,2	4041,0	.	**2829,07**
VT17	F	CA780055	793,4	.	3195,3	990,3	4198,6	3169,3	4480,1	.	.	**2804,50**
VT75	I	CA790011	1199,0	.	3413,9	1072,2	4595,0	3519,1	.	.	.	**2759,84**
VT141	I	CA800129	909,0	.	2244,9	1112,9	4221,5	3471,9	4278,1	.	.	**2706,37**
VT206	I	CA840029	1183,6	.	3141,7	964,1	3562,9	4227,6	.	.	.	**2615,99**
VT279	I	CA960007	1079,4	.	.	1055,9	4231,1	3917,5	.	.	.	**2570,98**

Continua…

Apêndice B. Continuação.

VT86	I	CA790110	906,7	.	2869,5	1015,2	4440,7	3547,7	.	.	.	**2555,97**
LCI72	S	CNA0004697	632,9	2220,4	2753,6	1251,7	3392,5	3406,3	4151,1	.	.	**2544,08**
VT64	S	CA780391	784,2	2264,0	2571,8	1070,0	3140,3	3917,6	3681,5	.	.	**2489,92**
VT164	F	CA810036	990,3	2210,0	3254,9	998,2	3702,0	3463,4	.	.	.	**2436,46**

[1] – Média em cada ambiente: $\hat{\mu}_p + \hat{g}_i + \hat{g}e$ [2] – Média Geral: $\hat{\mu} + \hat{g} + \hat{g}e_m$

[3] – Valores genotípicos que estão sublinhados compreendem os vinte acessos mais produtivos em cada ambiente, dentre os genótipos avaliados.

[4] – Valores genotípicos que estão sombreados compreendem os dez acessos menos produtivos em cada ambiente, dentre os genótipos avaliados.

ANEXOS

Anexo A. Lista de acessos da Coleção Nuclear de Arroz da Embrapa (CNAE).

Nº	Genótipo	Tipo*	Estrato**	Sistema Cultivo***	Código CNAE
G-001	5287	A	LCI	S	LCI1
G-002	BASMATI_370	A	LCI	I	LCI2
G-003	BR_IRGA_409_A	A	LCB	I	LCB1
G-004	BR_IRGA_413	A	LCB	I	LCB2
G-005	BRS_AGRISUL	A	LCB	I	LCB3
G-006	BRS_BIGUA	A	LCB	I	LCB4
G-007	BRS_BOJURU	A	LCB	I	LCB5
G-008	BRS_FORMOSO	A	LCB	I	LCB6
G-009	BRS_JABURU	A	LCB	I	LCB7
G-010	CA210005	A	VT	S	VT1
G-011	CA210006	A	VT	S	VT2
G-012	CA210011	A	VT	S	VT3
G-013	CA210023	A	VT	S	VT4
G-014	CA210031	A	VT	F	VT5
G-015	CA210035	A	VT	F	VT6
G-016	CA780002	A	VT	F	VT7
G-017	CA780009	A	VT	S	VT8
G-018	CA780017	A	VT	S	VT9
G-019	CA780019	A	VT	S	VT10
G-020	CA780021	A	VT	S	VT11
G-021	CA780022	A	VT	S	VT12
G-022	CA780033	A	VT	S	VT13
G-023	CA780036	A	VT	F	VT14
G-024	CA780051	A	VT	S	VT15
G-025	CA780052	A	VT	S	VT16
G-026	CA780055	A	VT	F	VT17
G-027	CA780061	A	VT	S	VT18
G-028	CA780063	A	VT	F	VT19
G-029	CA780070	A	VT	F	VT20
G-030	CA780071	A	VT	S	VT21
G-031	CA780076	A	VT	F	VT22
G-032	CA780077	A	VT	F	VT23
G-033	CA780079	A	VT	F	VT24
G-034	CA780084	A	VT	F	VT25
G-035	CA780091	A	VT	F	VT26
G-036	CA780099	A	VT	F	VT27
G-037	CA780101	A	VT	I	VT28
G-038	CA780103	A	VT	I	VT29
G-039	CA780105	A	VT	I	VT30
G-040	CA780108	A	VT	I	VT31
G-041	CA780109	A	VT	I	VT32
G-042	CA780110	A	VT	F	VT33
G-043	CA780125	A	VT	I	VT34
G-044	CA780134	A	VT	I	VT35
G-045	CA780169	A	VT	F	VT36
G-046	CA780170	A	VT	F	VT37
G-047	CA780171	A	VT	I	VT38
G-048	CA780174	A	VT	I	VT39
G-049	CA780175	A	VT	I	VT40
G-050	CA780176	A	VT	I	VT41
G-051	CA780261	A	VT	S	VT42
G-052	CA780269	A	VT	S	VT43
G-053	CA780284	A	VT	F	VT44
G-054	CA780285	A	VT	F	VT45
G-055	CA780296	A	VT	F	VT46
G-056	CA780297	A	VT	F	VT47
G-057	CA780300	A	VT	S	VT48
G-058	CA780307	A	VT	F	VT49
G-059	CA780309	A	VT	S	VT50

Continua…

Anexo A. Continuação.

No Genótipo	Genótipo	Tipo	Estrato	Sistema Cultivo	Código CNAE
G-060	CA780311	A	VT	S	VT51
G-061	CA780313	A	VT	S	VT52
G-062	CA780314	A	VT	F	VT53
G-063	CA780319	A	VT	S	VT54
G-064	CA780320	A	VT	F	VT55
G-065	CA780321	A	VT	F	VT56
G-066	CA780333	A	VT	S	VT57
G-067	CA780342	A	VT	F	VT58
G-068	CA780347	A	VT	F	VT59
G-069	CA780365	A	VT	S	VT60
G-070	CA780366	A	VT	F	VT61
G-071	CA780387	A	VT	F	VT62
G-072	CA780388	A	VT	S	VT63
G-073	CA780391	A	VT	S	VT64
G-074	CA780392	A	VT	I	VT65
G-075	CA780396	A	VT	S	VT66
G-076	CA780397	A	VT	S	VT67
G-077	CA780401	A	VT	F	VT68
G-078	CA780402	A	VT	S	VT69
G-079	CA780408	A	VT	F	VT70
G-080	CA780409	A	VT	F	VT71
G-081	CA790003	A	VT	S	VT72
G-082	CA790006	A	VT	S	VT73
G-083	CA790007	A	VT	I	VT74
G-084	CA790011	A	VT	I	VT75
G-085	CA790012	A	VT	S	VT76
G-086	CA790021	A	VT	S	VT77
G-087	CA790031	A	VT	S	VT78
G-088	CA790044	A	VT	S	VT79
G-089	CA790048	A	VT	S	VT80
G-090	CA790052	A	VT	S	VT81
G-091	CA790061	A	VT	S	VT82
G-092	CA790064	A	VT	S	VT83
G-093	CA790095	A	VT	S	VT84
G-094	CA790098	A	VT	S	VT85
G-095	CA790110	A	VT	I	VT86
G-096	CA790116	A	VT	S	VT87
G-097	CA790127	A	VT	S	VT88
G-098	CA790134	A	VT	S	VT89
G-099	CA790157	A	VT	S	VT90
G-100	CA790168	A	VT	S	VT91
G-101	CA790178	A	VT	S	VT92
G-102	CA790181	A	VT	S	VT93
G-103	CA790196	A	VT	S	VT94
G-104	CA790220	A	VT	F	VT95
G-105	CA790222	A	VT	S	VT96
G-106	CA790237	A	VT	S	VT97
G-107	CA790241	A	VT	S	VT98
G-108	CA790255	A	VT	I	VT99
G-109	CA790300	A	VT	S	VT100
G-110	CA790325	A	VT	F	VT101
G-111	CA790326	A	VT	F	VT102
G-112	CA790332	A	VT	S	VT103
G-113	CA790345	A	VT	I	VT104
G-114	CA790376	A	VT	S	VT105
G-115	CA800011	A	VT	I	VT106
G-116	CA800013	A	VT	F	VT107
G-117	CA800015	A	VT	F	VT108
G-118	CA800021	A	VT	I	VT109
G-119	CA800027	A	VT	F	VT110
G-120	CA800028	A	VT	I	VT111
G-121	CA800029	A	VT	F	VT112
G-122	CA800034	A	VT	F	VT113
G-123	CA800039	A	VT	F	VT114

Continua…

Anexo A. Continuação.

No Genótipo	Genótipo	Tipo	Estrato	Sistema Cultivo	Código CNAE
G-124	CA800049	A	VT	F	VT115
G-125	CA800050	A	VT	I	VT116
G-126	CA800057	A	VT	F	VT117
G-127	CA800070	A	VT	F	VT118
G-128	CA800071	A	VT	S	VT119
G-129	CA800072	A	VT	F	VT120
G-130	CA800075	A	VT	S	VT121
G-131	CA800076	A	VT	S	VT122
G-132	CA800080	A	VT	F	VT123
G-133	CA800081	A	VT	F	VT124
G-134	CA800082	A	VT	F	VT125
G-135	CA800083	A	VT	S	VT126
G-136	CA800085	A	VT	S	VT127
G-137	CA800086	A	VT	S	VT128
G-138	CA800091	A	VT	F	VT129
G-139	CA800092	A	VT	S	VT130
G-140	CA800101	A	VT	I	VT131
G-141	CA800108	A	VT	I	VT132
G-142	CA800109	A	VT	I	VT133
G-143	CA800112	A	VT	I	VT134
G-144	CA800117	A	VT	I	VT135
G-145	CA800120	A	VT	I	VT136
G-146	CA800122	A	VT	I	VT137
G-147	CA800123	A	VT	I	VT138
G-148	CA800125	A	VT	S	VT139
G-149	CA800128	A	VT	F	VT140
G-150	CA800129	A	VT	I	VT141
G-151	CA800131	A	VT	S	VT142
G-152	CA800143	A	VT	S	VT143
G-153	CA800146	A	VT	S	VT144
G-154	CA800150	A	VT	S	VT145
G-155	CA800155	A	VT	S	VT146
G-156	CA800160	A	VT	S	VT147
G-157	CA800166	A	VT	S	VT148
G-158	CA800169	A	VT	I	VT149
G-159	CA800172	A	VT	S	VT150
G-160	CA800173	A	VT	S	VT151
G-161	CA800177	A	VT	S	VT152
G-162	CA800180	A	VT	S	VT153
G-163	CA800183	A	VT	I	VT154
G-164	CA810007	A	VT	I	VT155
G-165	CA810011	A	VT	I	VT156
G-166	CA810012	A	VT	S	VT157
G-167	CA810016	A	VT	I	VT158
G-168	CA810017	A	VT	S	VT159
G-169	CA810019	A	VT	I	VT160
G-170	CA810028	A	VT	I	VT161
G-171	CA810030	A	VT	I	VT162
G-172	CA810032	A	VT	I	VT163
G-173	CA810036	A	VT	F	VT164
G-174	CA810037	A	VT	I	VT165
G-175	CA810041	A	VT	I	VT166
G-176	CA810043	A	VT	I	VT167
G-177	CA810044	A	VT	I	VT168
G-178	CA810045	A	VT	I	VT169
G-179	CA810046	A	VT	I	VT170
G-180	CA810049	A	VT	S	VT171
G-181	CA810050	A	VT	F	VT172
G-182	CA810065	A	VT	S	VT173
G-183	CA810067	A	VT	S	VT174
G-184	CA820017	A	VT	S	VT175
G-185	CA820019	A	VT	S	VT176
G-186	CA820040	A	VT	S	VT177
G-187	CA820041	A	VT	I	VT178

Continua…

Anexo A. Continuação.

No Genótipo	Genótipo	Tipo	Estrato	Sistema Cultivo	Código CNAE
G-188	CA820062	A	VT	S	VT179
G-189	CA820071	A	VT	S	VT180
G-190	CA820073	A	VT	S	VT181
G-191	CA820083	A	VT	S	VT182
G-192	CA820092	A	VT	S	VT183
G-193	CA820103	A	VT	S	VT184
G-194	CA830001	A	VT	F	VT185
G-195	CA830002	A	VT	F	VT186
G-196	CA830003	A	VT	F	VT187
G-197	CA830004	A	VT	F	VT188
G-198	CA830005	A	VT	S	VT189
G-199	CA830032	A	VT	S	VT190
G-200	CA830035	A	VT	S	VT191
G-201	CA830045	A	VT	S	VT192
G-202	CA830047	A	VT	S	VT193
G-203	CA830072	A	VT	S	VT194
G-204	CA830083	A	VT	S	VT195
G-205	CA830114	A	VT	S	VT196
G-206	CA830120	A	VT	S	VT197
G-207	CA830122	A	VT	S	VT198
G-208	CA830125	A	VT	S	VT199
G-209	CA830130	A	VT	F	VT200
G-210	CA840005	A	VT	I	VT201
G-211	CA840009	A	VT	I	VT202
G-212	CA840018	A	VT	F	VT203
G-213	CA840023	A	VT	S	VT204
G-214	CA840026	A	VT	S	VT205
G-215	CA840029	A	VT	I	VT206
G-216	CA840032	A	VT	F	VT207
G-217	CA840036	A	VT	S	VT208
G-218	CA840042	A	VT	I	VT209
G-219	CA840045	A	VT	S	VT210
G-220	CA840058	A	VT	F	VT211
G-221	CA840062	A	VT	I	VT212
G-222	CA840063	A	VT	F	VT213
G-223	CA840077	A	VT	I	VT214
G-224	CA840099	A	VT	F	VT215
G-225	CA840106	A	VT	S	VT216
G-226	CA840128	A	VT	S	VT217
G-227	CA840131	A	VT	F	VT218
G-228	CA840136	A	VT	F	VT219
G-229	CA840158	A	VT	I	VT220
G-230	CA840159	A	VT	F	VT221
G-231	CA840160	A	VT	I	VT222
G-232	CA840182	A	VT	S	VT223
G-233	CA840184	A	VT	I	VT224
G-234	CA850015	A	VT	S	VT225
G-235	CA850018	A	VT	S	VT226
G-236	CA850019	A	VT	S	VT227
G-237	CA850023	A	VT	F	VT228
G-238	CA850050	A	VT	S	VT229
G-239	CA850056	A	VT	S	VT230
G-240	CA850068	A	VT	S	VT231
G-241	CA850079	A	VT	S	VT232
G-242	CA860048	A	VT	F	VT233
G-243	CA860103	A	VT	S	VT234
G-244	CA860138	A	VT	S	VT235
G-245	CA870008	A	VT	S	VT236
G-246	CA870012	A	VT	S	VT237
G-247	CA870021	A	VT	S	VT238
G-248	CA870042	A	VT	F	VT239
G-249	CA870071	A	VT	S	VT240
G-250	CA870078	A	VT	S	VT241
G-251	CA870086	A	VT	S	VT242

Continua…

Anexo A. Continuação.

No Genótipo	Genótipo	Tipo	Estrato	Sistema Cultivo	Código CNAE
G-252	CA870097	A	VT	F	VT243
G-253	CA870120	A	VT	S	VT244
G-254	CA870142	A	VT	S	VT245
G-255	CA870153	A	VT	S	VT246
G-256	CA870158	A	VT	S	VT247
G-257	CA870160	A	VT	S	VT248
G-258	CA870166	A	VT	F	VT249
G-259	CA870168	A	VT	S	VT250
G-260	CA870171	A	VT	S	VT251
G-261	CA870174	A	VT	S	VT252
G-262	CA870177	A	VT	S	VT253
G-263	CA870179	A	VT	F	VT254
G-264	CA870181	A	VT	I	VT255
G-265	CA870182	A	VT	S	VT256
G-266	CA870186	A	VT	S	VT257
G-267	CA870191	A	VT	F	VT258
G-268	CA880013	A	VT	S	VT259
G-269	CA880070	A	VT	S	VT260
G-270	CA880075	A	VT	S	VT261
G-271	CA880078	A	VT	S	VT262
G-272	CA880088	A	VT	S	VT263
G-273	CA880091	A	VT	S	VT264
G-274	CA890005	A	VT	F	VT265
G-275	CA910003	A	VT	S	VT266
G-276	CA930003	A	VT	F	VT267
G-277	CA930004	A	VT	F	VT268
G-278	CA940001	A	VT	S	VT269
G-279	CA940002	A	VT	I	VT270
G-280	CA940004	A	VT	I	VT271
G-281	CA940006	A	VT	S	VT272
G-282	CA940007	A	VT	I	VT273
G-283	CA940008	A	VT	S	VT274
G-284	CA950002	A	VT	S	VT275
G-285	CA950005	A	VT	F	VT276
G-286	CA950007	A	VT	S	VT277
G-287	CA950010	A	VT	S	VT278
G-288	CA960007	A	VT	I	VT279
G-289	CA960008	A	VT	I	VT280
G-290	CA960010	A	VT	I	VT281
G-291	CA960013	A	VT	I	VT282
G-292	CA960023	A	VT	I	VT283
G-293	CA960024	A	VT	F	VT284
G-294	CA960025	A	VT	I	VT285
G-295	CA960027	A	VT	I	VT286
G-296	CA960030	A	VT	I	VT287
G-297	CA960035	A	VT	I	VT288
G-298	CA960041	A	VT	I	VT289
G-299	CA970013	A	VT	S	VT290
G-300	CA970014	A	VT	I	VT291
G-301	CA980001	A	VT	I	VT292
G-302	CA980004	A	VT	S	VT293
G-303	CA980024	A	VT	S	VT294
G-304	CA980025	A	VT	S	VT295
G-305	CA980026	A	VT	S	VT296
G-306	CA980031	A	VT	S	VT297
G-307	CA990001	A	VT	S	VT298
G-308	CEYSVONI	A	LCI	I	LCI3
G-309	CICA_7	A	LCI	I	LCI4
G-310	CICA_9	A	LCI	I	LCI5
G-311	CIWINI	A	LCI	I	LCI6
G-312	CNA0000003	A	VT	F	VT299
G-313	CNA0000009	A	VT	I	VT300
G-314	CNA0000082	A	LCI	I	LCI7
G-315	CNA0000089	A	VT	F	VT301

Continua…

Anexo A. Continuação.

No Genótipo	Genótipo	Tipo	Estrato	Sistema Cultivo	Código CNAE
G-316	CNA0000122	A	LCI	I	LCI8
G-317	CNA0000482	A	LCI	S	LCI9
G-318	CNA0000586	A	LCI	I	LCI10
G-319	CNA0000692	A	LCI	I	LCI11
G-320	CNA0000754	A	LCI	I	LCI12
G-321	CNA0000798	A	LCI	I	LCI13
G-322	CNA0000923	A	LCI	I	LCI14
G-323	CNA0000950	A	LCI	I	LCI15
G-324	CNA0000952	A	LCI	I	LCI16
G-325	CNA0000963	A	LCB	S	LCB8
G-326	CNA0000969	A	LCB	S	LCB9
G-327	CNA0000976	A	LCB	S	LCB10
G-328	CNA0000994	A	LCB	S	LCB11
G-329	CNA0001006	A	LCI	S	LCI17
G-330	CNA0001106	A	LCB	I	LCB12
G-331	CNA0001107	A	LCB	I	LCB13
G-332	CNA0001108	A	LCB	I	LCB14
G-333	CNA0001109	A	LCB	I	LCB15
G-334	CNA0001117	A	LCB	I	LCB16
G-335	CNA0001118	A	LCB	S	LCB17
G-336	CNA0001165	A	VT	I	VT302
G-337	CNA0001337	A	LCB	I	LCB18
G-338	CNA0001339	A	LCB	I	LCB19
G-339	CNA0001344	A	LCB	I	LCB20
G-340	CNA0001347	A	LCB	S	LCB21
G-341	CNA0001350	A	LCB	S	LCB22
G-342	CNA0001407	A	LCB	I	LCB23
G-343	CNA0001413	A	LCB	I	LCB24
G-344	CNA0001414	A	LCB	I	LCB25
G-345	CNA0001416	A	LCB	I	LCB26
G-346	CNA0001419	A	LCI	I	LCI18
G-347	CNA0001420	A	LCI	I	LCI19
G-348	CNA0001423	A	LCI	I	LCI20
G-349	CNA0001467	A	LCI	I	LCI21
G-350	CNA0001472	A	LCI	F	LCI22
G-351	CNA0001476	A	LCI	I	LCI23
G-352	CNA0002069	A	VT	I	VT303
G-353	CNA0002123	A	LCB	S	LCB27
G-354	CNA0002222	A	LCI	I	LCI24
G-355	CNA0002246	A	LCI	I	LCI25
G-356	CNA0002253	A	LCI	I	LCI26
G-357	CNA0002258	A	LCI	I	LCI27
G-358	CNA0002293	A	LCI	I	LCI28
G-359	CNA0002387	A	VT	I	VT304
G-360	CNA0002416	A	LCI	I	LCI29
G-361	CNA0002480	A	LCI	I	LCI30
G-362	CNA0002482	A	LCI	I	LCI31
G-363	CNA0002524	A	LCI	S	LCI32
G-364	CNA0002672	A	LCI	I	LCI33
G-365	CNA0002871	A	LCI	I	LCI34
G-366	CNA0003005	A	LCI	S	LCI35
G-367	CNA0003195	A	LCI	I	LCI36
G-368	CNA0003196	A	LCI	I	LCI37
G-369	CNA0003241	A	LCI	I	LCI38
G-370	CNA0003281	A	LCB	S	LCB28
G-371	CNA0003287	A	LCI	S	LCI39
G-372	CNA0003288	A	LCI	S	LCI40
G-373	CNA0003289	A	LCI	S	LCI41
G-374	CNA0003362	A	LCI	S	LCI42
G-375	CNA0003372	A	LCI	S	LCI43
G-376	CNA0003375	A	LCI	S	LCI44
G-377	CNA0003395	A	LCI	S	LCI45
G-378	CNA0003397	A	LCI	S	LCI46
G-379	CNA0003403	A	LCI	S	LCI47

Continua…

Anexo A. Continuação.

No Genótipo	Genótipo	Tipo	Estrato	Sistema Cultivo	Código CNAE
G-380	CNA0003411	A	LCI	I	LCI48
G-381	CNA0003417	A	LCI	I	LCI49
G-382	CNA0003446	A	LCI	I	LCI50
G-383	CNA0003452	A	LCI	I	LCI51
G-384	CNA0003490	A	LCB	S	LCB29
G-385	CNA0003569	A	LCI	I	LCI52
G-386	CNA0003591	A	LCI	I	LCI53
G-387	CNA0003602	A	LCI	I	LCI54
G-388	CNA0003665	A	LCI	I	LCI55
G-389	CNA0003668	A	LCI	I	LCI56
G-390	CNA0003857	A	VT	I	VT305
G-391	CNA0004078	A	LCB	S	LCB30
G-392	CNA0004098	A	LCB	S	LCB31
G-393	CNA0004120	A	LCB	S	LCB32
G-394	CNA0004121	A	LCB	S	LCB33
G-395	CNA0004141	A	LCB	S	LCB34
G-396	CNA0004168	A	LCB	S	LCB35
G-397	CNA0004172	A	LCB	S	LCB36
G-398	CNA0004193	A	LCI	S	LCI57
G-399	CNA0004206	A	LCB	S	LCB37
G-400	CNA0004243	A	LCB	S	LCB38
G-401	CNA0004308	A	LCI	I	LCI58
G-402	CNA0004428	A	LCI	S	LCI59
G-403	CNA0004463	A	LCI	S	LCI60
G-404	CNA0004480	A	LCI	S	LCI61
G-405	CNA0004482	A	VT	F	VT306
G-406	CNA0004487	A	LCI	S	LCI62
G-407	CNA0004543	A	LCI	S	LCI63
G-408	CNA0004552	A	LCI	I	LCI64
G-409	CNA0004566	A	LCI	I	LCI65
G-410	CNA0004576	A	LCI	I	LCI66
G-411	CNA0004579	A	LCI	I	LCI67
G-412	CNA0004617	A	LCI	S	LCI68
G-413	CNA0004625	A	LCI	I	LCI69
G-414	CNA0004629	A	LCI	I	LCI70
G-415	CNA0004640	A	LCI	S	LCI71
G-416	CNA0004697	A	LCI	S	LCI72
G-417	CNA0004748	A	LCB	S	LCB39
G-418	CNA0004752	A	LCI	S	LCI73
G-419	CNA0004759	A	LCI	S	LCI74
G-420	CNA0004788	A	LCI	S	LCI75
G-421	CNA0004796	A	LCI	S	LCI76
G-422	CNA0005014	A	LCI	I	LCI77
G-423	CNA0005015	A	LCI	I	LCI78
G-424	CNA0005016	A	LCI	I	LCI79
G-425	CNA0005180	A	LCB	S	LCB40
G-426	CNA0005277	A	LCI	S	LCI80
G-427	CNA0005326	A	LCI	S	LCI81
G-428	CNA0005334	A	LCI	S	LCI82
G-429	CNA0005342	A	LCB	S	LCB41
G-430	CNA0005358	A	LCI	S	LCI83
G-431	CNA0005461	A	LCI	S	LCI84
G-432	CNA0005462	A	LCI	S	LCI85
G-433	CNA0005465	A	LCI	S	LCI86
G-434	CNA0005477	A	LCI	I	LCI87
G-435	CNA0005478	A	LCI	I	LCI88
G-436	CNA0005650	A	LCB	S	LCB42
G-437	CNA0005660	A	LCB	S	LCB43
G-438	CNA0005672	A	LCB	S	LCB44
G-439	CNA0005673	A	LCB	S	LCB45
G-440	CNA0005853	A	LCI	I	LCI89
G-441	CNA0005901	A	LCB	S	LCB46
G-442	CNA0005970	A	LCI	S	LCI90
G-443	CNA0005972	A	LCI	S	LCI91

Continua…

Anexo A. Continuação.

No Genótipo	Genótipo	Tipo	Estrato	Sistema Cultivo	Código CNAE
G-444	CNA0005975	A	LCB	S	LCB47
G-445	CNA0005994	A	LCI	S	LCI92
G-446	CNA0006030	A	LCB	S	LCB48
G-447	CNA0006034	A	LCI	S	LCI93
G-448	CNA0006035	A	LCI	S	LCI94
G-449	CNA0006129	A	LCB	I	LCB49
G-450	CNA0006130	A	LCB	I	LCB50
G-451	CNA0006170	A	LCB	S	LCB51
G-452	CNA0006174	A	LCB	S	LCB52
G-453	CNA0006187	A	LCB	S	LCB53
G-454	CNA0006406	A	LCB	S	LCB54
G-455	CNA0006413	A	LCB	S	LCB55
G-456	CNA0006422	A	LCB	S	LCB56
G-457	CNA0006533	A	VT	F	VT307
G-458	CNA0006565	A	VT	I	VT308
G-459	CNA0006572	A	LCI	S	LCI95
G-460	CNA0006574	A	LCI	S	LCI96
G-461	CNA0006666	A	LCB	S	LCB57
G-462	CNA0006672	A	LCB	S	LCB58
G-463	CNA0006701	A	LCB	S	LCB59
G-464	CNA0006910	A	LCI	I	LCI97
G-465	CNA0006940	A	LCI	S	LCI98
G-466	CNA0006941	A	LCI	S	LCI99
G-467	CNA0006943	A	LCI	I	LCI100
G-468	CNA0006955	A	LCI	I	LCI101
G-469	CNA0006961	A	LCI	I	LCI102
G-470	CNA0007024	A	LCB	S	LCB60
G-471	CNA0007119	A	LCB	S	LCB61
G-472	CNA0007408	A	LCI	I	LCI103
G-473	CNA0007425	A	LCB	S	LCB62
G-474	CNA0007706	A	LCB	S	LCB63
G-475	CNA0007799	A	LCB	S	LCB64
G-476	CNA0007937	A	LCB	S	LCB65
G-477	CNA0008070	A	LCB	S	LCB66
G-478	CNA0008092	A	LCI	S	LCI104
G-479	CNA0008093	A	LCI	S	LCI105
G-480	CNA0008172	A	LCB	S	LCB67
G-481	CNA0008305	A	LCB	S	LCB68
G-482	CNA0008309	A	LCB	S	LCB69
G-483	CNA0008411	A	LCI	S	LCI106
G-484	CNA0008412	A	LCI	S	LCI107
G-485	CNA0008416	A	LCI	I	LCI108
G-486	CNA0008432	A	LCI	S	LCI109
G-487	CNA0008533	A	LCB	S	LCB70
G-488	CNA0008540	A	LCB	S	LCB71
G-489	CNA0008545	A	LCI	S	LCI110
G-490	CNA0008711	A	LCB	S	LCB72
G-491	CNA0009102	A	LCI	S	LCI111
G-492	CNA0009113	A	LCI	S	LCI112
G-493	CNA0009115	A	LCI	S	LCI113
G-494	CNA0009123	A	LCI	S	LCI114
G-495	CNA0009124	A	LCI	S	LCI115
G-496	CNA0009139	A	LCI	S	LCI116
G-497	CNA0009154	A	LCI	S	LCI117
G-498	CNA0009197	A	LCI	S	LCI118
G-499	CNA0009199	A	LCI	S	LCI119
G-500	CNA0009223	A	LCI	S	LCI120
G-501	CNA0009227	A	LCI	S	LCI121
G-502	CNA0009240	A	LCI	S	LCI122
G-503	CNA0009280	A	LCI	S	LCI123
G-504	CNA0009319	A	LCI	S	LCI124
G-505	CNA0009364	A	LCI	S	LCI125
G-506	CNA0009415	A	LCI	S	LCI126
G-507	CNA0009561	A	LCI	S	LCI127

Continua…

Anexo A. Continuação.

No Genótipo	Genótipo	Tipo	Estrato	Sistema Cultivo	Código CNAE
G-508	CNA0009591	A	LCI	S	LCI128
G-509	CNA0010445	A	LCI	S	LCI129
G-510	CNA0010451	A	LCI	S	LCI130
G-511	CNA0010469	A	LCI	S	LCI131
G-512	CNA0010476	A	LCI	S	LCI132
G-513	CNA0010503	A	LCI	S	LCI133
G-514	CNA0010506	A	LCI	S	LCI134
G-515	CNA0010514	A	LCI	S	LCI135
G-516	CNA0010527	A	LCI	S	LCI136
G-517	CNA0010533	A	LCI	S	LCI137
G-518	DIAMANTE	A	LCB	I	LCB77
G-519	ELONI	A	LCI	I	LCI138
G-520	EPAGRI_107	A	LCB	I	LCB78
G-521	EPAGRI_108	A	LCB	I	LCB79
G-522	HUAN-SEN-GO	A	LCI	I	LCI139
G-523	IAC_165	A	LCB	S	LCB80
G-524	IAC_201	A	LCB	S	LCB81
G-525	IAC_202	A	LCB	S	LCB82
G-526	IAPAR_62	A	LCB	S	LCB83
G-527	IAPAR_63	A	LCB	S	LCB84
G-528	IAPAR_9	A	LCB	S	LCB85
G-529	IR36	A	LCI	I	LCI140
G-530	IRGA_416	A	LCB	I	LCB86
G-531	IRGA_417	A	LCB	I	LCB87
G-532	IRGA_418	A	LCB	I	LCB88
G-533	IRGA_419	A	LCB	I	LCB89
G-534	IRGA_420	A	LCB	I	LCB90
G-535	LEBONET	A	LCI	I	LC141
G-536	MARAJO	A	LCB	I	LCB91
G-537	MINAMI_HATA_MOCHI	A	LCI	I	LCI142
G-538	MOGAMI_CHIKANARI	A	LCI	I	LCI143
G-539	NOURIN_MOCHI	A	LCI	I	LCI144
G-540	ORYZICA_1	A	LCI	I	LCI145
G-541	ORYZICA_LHANOS_4	A	LCI	I	LCI146
G-542	RAMTULASI	A	LCI	I	LCI147
G-543	RIO_GRANDE	A	LCB	I	LCB92
G-544	RS6PL12-10-1-B	A	LCB	I	LCB76
G-545	RS6PL12-35-1-B	A	LCB	I	LCB73
G-546	RS6PL1-34-4-B	A	LCB	I	LCB74
G-547	RS6PL5-12-6-B	A	LCB	I	LCB75
G-548	SCS_BRS_111	A	LCB	I	LCB93
G-549	SCS_BRS_112	A	LCB	I	LCB94
G-550	TOMOE_MOCHI	A	LCI	I	LCI148
G-551	BR_IRGA_409	T	LCB	I	LCB1
G-552	CAIAPO	T	LCB	S	LCB53
G-553	COLOSSO	T	T	S	T
G-554	METICA_1	T	LCI	I	LCI65

* A = Acessos pertencentes à CNAE; T = Testemunhas;

** LCB = Linhagens e Cultivares Brasileiras; LCI = Linhagens e Cultivares Introduzidas; VT = Variedades Tradicionais;

*** I = Irrigado; S = Sequeiro; F = Facultativo.

Anexo B. Escala de notas para caracteres relacionados a doenças e qualidade de grãos em arroz (Embrapa, 2007).

- Doenças –

- **Brusone da Folha** (*Magnaporthe oryzae*)

0 - Sem sintomas
1 - Lesões hipersensitivas, pequenas lesões marrons do tamanho de uma cabeça de alfinete
3 - Lesões pequenas, 1 a 2 mm em tamanho, a maioria circular, ligeiramente alongadas, com centro branco ou cinza e margens distintas de cor marrom ou halo amarelo, com pouca ou nenhuma esporulação
4 - poucas lesões típicas e esporulativas, elípticas, com formato de lente com centro cinza, 3 a 7 mm de tamanho, isoladas e algumas vezes coalescem nas margens das folhas
5 - Muitas lesões típicas isoladas ou coalescentes, cor cinza e altamente esporulativas
7 - Lesões coalescentes que ocupam mais de 50% da área foliar afetada
9 - Muitas lesões que coalescem causando a murcha e morte da folha

- **Brusone na panícula** (*Magnaporthe oryzae*)

% de espiguetas vazias por panícula

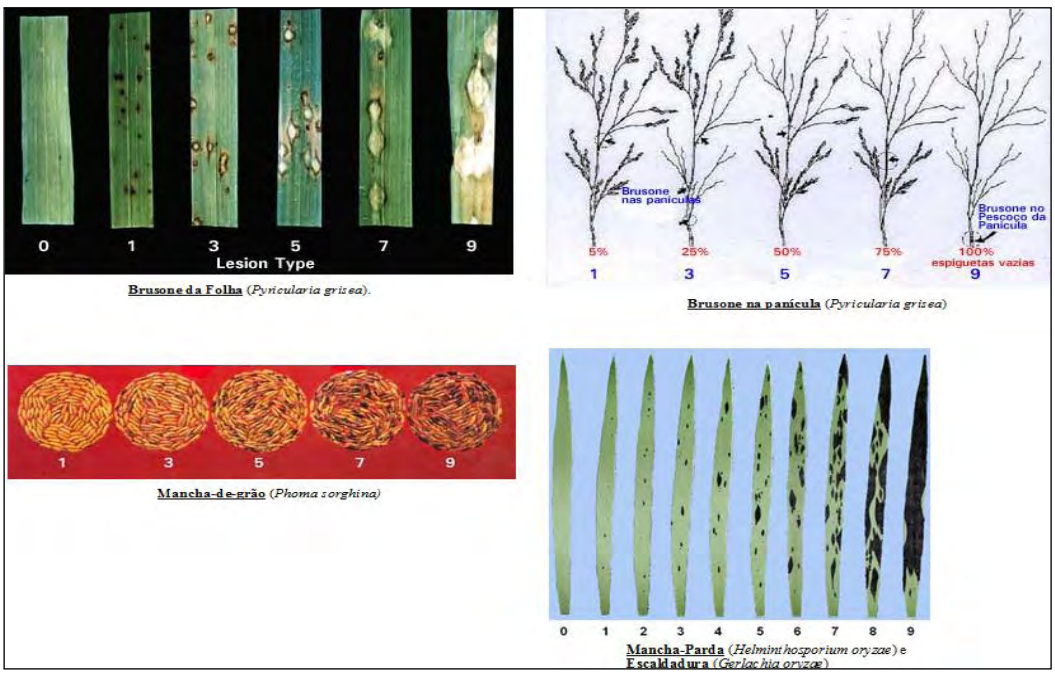
1 - Menos de 5%
3 - 5 a 25%
5 - 25 a 50%
7 - 50 a 75%
9 - 75 a 100%

- **Mancha-de-grão** (*Phoma sorghina)*

0 - Sem sintomas
1 – Pontuações do tamanho da cabeça de um alfinete
3 – Aproximadamente 10% da área manchada
5 – Aproximadamente 25% da área manchada
7 – 50 a 75 % da área manchada
9 – Acima de 75% da área manchada

- **Mancha-Parda** (*Drechslera oryzae*) e

- **Escaldadura** (*Gerlachia oryzae*)



Acamamento –

1 – Sem acamamento
3 – Mais de 50% das plantas levemente acamadas
5 – Maioria das plantas moderadamente acamadas
7 – Maioria das plantas completamente acamadas
9 – Todas as plantas completamente acamadas

- Qualidade de Grão -

- **Teor de Amilose**:

Teor	Classificação	Aparência dos grãos cozidos
5% a 22%	Baixo	Pegajosos e Macios
23% a 27%	Intermediário	Secos e Soltos
28% a 32%	Alto	Secos e Soltos

- **Dimensões do grão**:

Comprimento		Largura	
Escala	**Classe**	**Escala**	**Classe**
0	Mistura	0	Mistura
1	Extra-longo	1	Extra-fino
3	Longo à extra longo	3	Fino
5	Longo	5	Largo
7	Médio	7	Extra largo
9	Curto		

- **Textura e Pegajosidade**:

Classes	
Escala	**Textura**
1	Extremamente Macio (EM)
2	Macio (M)
3	Ligeiramente Macio (LM)
4	Macio com Centro Firme (MCF)
5	Levemente Firme (LF)
6	Muito Firme (MF)
7	Extremamente Firme (EF)

Escala	Pegajosidade
1	Extremamente Solto (ES)
2	Muito Solto (MS)
3	Solto (S)
4	Ligeiramente Solto (LS)
5	Pegajoso (P)
6	Muito Pegajoso (MP)
7	Extremamente Pegajoso (EP)

- **Centro Branco**:

Escala	% de área do grão com Centro Branco
0	Mistura
1	0
1,5	10
2	20
2,5	30
3	40
3,5	50
4	60
4,5	70
5	80
5,5	90
6	100 (gessado)

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
GPT/BC/UFG

B928c

Bueno, Luíce Gomes.
Caracterização agronômica e molecular da coleção nuclear de arroz da Embrapa [manuscrito] / Luíce Gomes Bueno. - 2010.
149 f. : figs., tabs.

Orientador: Prof. Dr. Claudio Brondani.
Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Goiás, Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos, 2010.
Bibliografia.

1. Arroz – Germoplasma. 2. Arroz – Caracterização agronômica. 3. Arroz – Marcadores moleculares. I.Título.

CDU: 633.18

Permitida a reprodução total ou parcial deste documento, desde que citada a fonte – O autor