

Identificação de variabilidade para caracteres de importância agronômica em famílias mutantes de arroz irrigado

Identification of variability for agronomically important traits in rice mutant families

Viviane Kopp da Luz¹, Solange Ferreira da Silveira Silveira¹, Gabriela Magalhães da Fonseca¹, Eder Licieri Grolí¹, Ricardo Garcia Figueiredo¹, Diego Baretta¹, Mauricio Marini Kopp², Ariano Martins de Magalhães Junior³, Luciano Carlos da Maia¹, Antonio Costa de Oliveira^{1*}

1. Universidade Federal de Pelotas - Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel - Centro de Genômica e Fitomelhoramento - Pelotas (RS), Brasil.

2. Embrapa Pecuária Sul - Bagé (RS), Brasil.

3. Embrapa Clima Temperado - Pelotas (RS), Brasil.

RESUMO: O incremento do potencial produtivo nas novas variedades de arroz (*Oryza sativa* L.) tem sido um dos principais desafios para o melhoramento genético. A geração de mutantes, seguida da sua caracterização, constitui-se em uma ótima possibilidade para isolar e selecionar genes e genótipos que apresentem caracteres agronômicos de interesse. Este trabalho teve como objetivo avaliar o efeito do mutagênico químico etilmetanosulfonato (EMS) sobre caracteres agronômicos em 340 famílias M₃ de arroz, derivadas da cultivar BRS Querência. As sementes de cada família e da testemunha BRS Querência foram semeadas a campo e posteriormente avaliadas para os caracteres comprimento da panícula principal, peso da panícula principal, massa de grãos da panícula principal, largura da folha bandeira e estatura de planta. Os dados foram submetidos à análise de variância ($p \leq 0,05$), e a comparação entre as médias foi realizada pelo teste de Dunnett a 5% de significância. Os resultados obtidos mostram que existe variabilidade genética entre as famílias mutantes de arroz e que a indução de mutação com EMS a 1,5% é eficiente na geração de mutantes de arroz para todos os caracteres avaliados. Dentre esses, a estatura das plantas foi a mais afetada pelo agente mutagênico, o qual proporcionou o incremento do caráter. Para o caráter comprimento da panícula principal, sete famílias obtiveram médias superiores à testemunha; já para os caracteres peso e massa de grãos da panícula principal, foram observadas quatro e seis famílias mutantes, respectivamente, com desempenho superior ao da testemunha.

Palavras-chave: *Oryza sativa*, etilmetanosulfonato, mutagênico, variabilidade.

ABSTRACT: The increase of yield potential in new rice (*Oryza sativa* L.) varieties has been a major challenge for genetic improvement. The generation of mutants, followed by their characterization, constitutes a great possibility to isolate and select genes and genotypes that present agronomic traits of interest. This study aimed to evaluate the effect of chemical mutagen ethyl methane sulphonate (EMS) on agronomic traits in 340 M₃ families of rice derived from BRS Querência cultivar. Seeds from each family and the original genotype BRS Querência were sown in the experimental field, and the characters main panicle length, main panicle weight, main panicle grain weight, flag leaf width and plant height were evaluated. Data were subjected to analysis of variance ($p \leq 0.05$), and a comparison of means was carried out by Dunnett's test at 5% significance. The results show that there is genetic variability among the mutant families, suggesting that the mutagen EMS at 1.5% is effective for generating mutants for all assessed traits. Among the characters, plant height was the most affected by the mutagen, which provided an increase in the character. For the main panicle length character, seven families showed means above the control; for main panicle weight and grain weight, four and six mutant families were observed, respectively, with a superior performance in comparison to the control.

Key words: *Oryza sativa*, ethyl methane sulphonate, mutagenic, variability.

*Autor correspondente: acostol@terra.com.br

Recebido: 4 Jul. 2015 – Aceito: 20 Jul. 2015

INTRODUÇÃO

O arroz (*Oryza sativa* L.) é o segundo cereal mais produzido no mundo, sendo fonte de alimento para mais da metade da população mundial. No ano de 2012, o Brasil foi o país que obteve a maior produção de arroz (11,5 milhões toneladas) fora do continente asiático (FAOSTAT 2014), constituindo-se num país com grande potencial exportador.

O consumo e o cultivo do arroz em diferentes regiões, seguidos por seleção de tipos específicos de arroz (variações em teor de amilose e/ou aroma), geraram uma extraordinária diversidade fenotípica no gênero *Oryza* (Harland 1975). A variabilidade genética constitui-se na essência dos processos evolutivos e do melhoramento vegetal, sendo possível a sua criação através de mutações ou a sua ampliação por meio de hibridações, seguidas por seleção de genótipos (Jennings et al. 1981; Jalata et al. 2011).

A indução de mutação auxilia programas de melhoramento no incremento de variabilidade e, conseqüentemente, na obtenção de genótipos com caracteres de interesse agrônomo e mais adaptados a diferentes condições ambientais (Serrat et al. 2014). A taxa de mutação espontânea em plantas superiores é muito baixa, variando cerca de 10^{-5} a 10^{-8} (Jiang e Ramachandran 2010). Nesse sentido, a indução de mutação é uma importante estratégia para elevar a frequência de mutações.

A utilização de agentes mutagênicos físicos e químicos pode ser de fundamental importância para criação e incorporação de novos genes e/ou alelos de interesse agrônomo, podendo resultar em genótipos mais estáveis e mais adaptados às condições edafoclimáticas do Brasil. Inúmeros trabalhos demonstram resultados positivos obtidos mediante o emprego de agentes mutagênicos, gerando, dessa forma, um genótipo que poderá possuir características desejáveis agronomicamente (Maluszynski et al. 1998; Martins et al. 2007). No Brasil, já existem cultivares comerciais de arroz obtidas pela Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina (EPAGRI) por meio da técnica de indução de mutação: a primeira, denominada SCS 114 Andosan, e a segunda, SCS 118 Marques (Ishiy et al. 2006; Schiocchet et al. 2014).

As mutações podem ser induzidas por tratamento com mutagênicos tanto físicos, como radiações ionizantes, quanto químicos, como substâncias alquilantes, por exemplo, o etilmetanossulfonato (EMS) (Predieri 2001; Wu et al. 2005; Talebi et al. 2012). Entre os mutagênicos químicos, o EMS é o mais amplamente utilizado devido a sua facilidade de

uso e potencial para produzir alta frequência de substituição de nucleotídeos, gerando uma densidade relativamente alta de mutações irreversíveis (Henikoff e Comai 2003; Talebi et al. 2012).

Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi avaliar o efeito do mutagênico químico EMS sobre os caracteres agrônômicos em 340 famílias M_3 de arroz derivadas da cultivar BRS Querência.

MATERIAL E MÉTODOS

Obtenção das famílias mutantes

A obtenção dos genótipos mutantes foi realizada através de tratamento de sementes de arroz da cultivar BRS Querência com o mutagênico químico EMS a uma concentração de 1,5% (v/v) (0,15 M). Estudos anteriores indicam que concentrações de 1,5 e 1,6% de EMS foram eficientes na geração de populações mutantes de arroz (Wu et al. 2005; Till et al. 2007). A cultivar BRS Querência, de ciclo precoce, é constituída por plantas do tipo “moderno-americano”, com folhas e grãos lisos. Apresenta alta capacidade de perfilhamento, colmos fortes e destaca-se por apresentar panícula longa com grande número de espiguetas férteis (SOSBAI 2012).

O tratamento foi constituído de uma amostra de 40.000 sementes que foram acondicionadas em saquinho de tule e introduzidas em água destilada para embebição. As sementes permaneceram submersas por um período de 6 h, sendo posteriormente submetidas à ação do agente mutagênico por 2 h. Esse tempo de embebição em água destilada foi determinado num ensaio preliminar, onde sementes da cultivar BRS Querência foram embebidas em água destilada durante 24 h, sendo realizada a pesagem das sementes de hora em hora até estabilizar o peso. Esse procedimento teve por objetivo uniformizar o conteúdo de água das sementes e ativar o seu metabolismo para favorecer a ação mutagênica do produto. Logo após a aplicação do mutagênico, permaneceram por 1 h em água corrente e 1 h em água parada (Coimbra et al. 1999, 2005). Essas sementes, após permanecerem 1 h em água parada, foram semeadas em campo experimental para avanço de geração.

Avanço de geração

As sementes da geração M_1 foram semeadas no ano de 2009 para avanço de geração em campo experimental. As plantas colhidas em *bulk* deram origem a uma população M_2 .

No ano seguinte, em campo experimental, 20.000 sementes da geração M_2 foram semeadas, visando ao avanço de geração e obtendo-se uma população de 1.500 plantas. Cada planta foi colhida individualmente, dando origem às famílias M_3 .

Ensaio de campo

Foram semeadas em campo experimental dez sementes da cultivar BRS Querência (testemunha) e uma amostra de 340 famílias escolhidas aleatoriamente, seguindo-se um delineamento completamente casualizado. Destas, foram avaliadas quatro plantas de cada família e da testemunha, de forma aleatória, onde cada planta foi considerada uma unidade experimental, totalizando quatro repetições.

Para o ensaio a campo, foi empregado o sistema de cultivo mínimo, de acordo com as recomendações técnicas para a cultura do arroz irrigado (SOSBAI 2012).

As plantas foram avaliadas para os caracteres: comprimento da panícula principal (CP), em cm; peso da panícula principal (PP), em g; massa de grãos da panícula principal (MGP), em g; largura da folha bandeira (LF), em cm; e estatura de planta (EP), em cm. Os dados foram submetidos à análise de variância ($p \leq 0,05$), e a comparação entre as médias foi realizada pelo teste de Dunnett a 5% de probabilidade de erro. Posteriormente, foi realizada análise multivariada para a separação das famílias, utilizando-se a análise de agrupamento pelo método de Tocher (Rao 1952), com base na distância generalizada D^2 de Mahalanobis, bem como o procedimento das variáveis canônicas (Cruz e Regazzi 1997). A contribuição relativa de cada variável na determinação da dissimilaridade genética foi detectada por meio da metodologia proposta por Singh (1981). As análises estatísticas foram realizadas com auxílio do programa computacional Genes (Cruz 2001).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados apresentados pela análise de variância (Tabela 1) permitiram evidenciar diferenças significativas a 5% de probabilidade de erro pelo teste F entre as médias das famílias mutantes, para todos os caracteres avaliados, demonstrando a eficiência na indução da mutação com EMS na dose de 1,5%.

Os resultados obtidos pelo teste de Dunnett, para os cinco caracteres estudados, estão inclusos nas Tabelas 2 a 6. Foi possível evidenciar variabilidade genética entre as famílias estudadas, verificando-se que, para todos os caracteres, ocorreram famílias com médias significativamente diferentes da testemunha BRS Querência.

Em relação ao caráter comprimento da panícula principal (Tabela 2), pode-se observar que sete famílias obtiveram médias superiores à média da testemunha (24,72 cm), e apenas a família M_3 213 apresentou comprimento de panícula principal inferior, sendo que as demais permaneceram na mesma classe da testemunha.

O comprimento da panícula é uma característica que se correlaciona positivamente com o número de grãos por panícula e, conseqüentemente, está associada ao rendimento de grãos (Ashfaq et al. 2012; Aditya e Bhartiya 2013; Ranawake et al. 2013). Logo, o mutagênico utilizado proporcionou um aumento significativo do comprimento da panícula principal de algumas famílias (M_3 331, M_3 335, M_3 332, M_3 277, M_3 217, M_3 336 e M_3 218) que poderá estar correlacionado com um maior rendimento de grãos (Tabela 2).

Para o caráter peso da panícula principal (Tabela 3), quatro famílias (M_3 36, M_3 34, M_3 28 e M_3 2) apresentaram médias superiores à média da testemunha (3,19 g), e apenas uma família (M_3 277) apresentou média inferior, sendo que as demais apresentaram o peso da panícula principal significativamente igual ao da testemunha.

Tabela 1. Resumo da análise de variância para os caracteres comprimento de panícula principal, peso da panícula principal, massa de grãos da panícula principal, largura da folha bandeira e estatura de planta de 340 famílias mutantes M_3 e a testemunha BRS Querência. Universidade Federal de Pelotas, Pelotas (RS), 2015.

Fonte de variação	GL	Quadrado médio				
		CP	PP	MGP	LF	EP
Genótipos	340	12,45*	1,41*	1,22*	0,07*	70,39*
Resíduo	1.023	3,97	0,54	0,45	0,03	26,62
Média geral		24,97	3,20	2,89	1,73	85,16
CV (%)		7,98	22,98	23,33	9,62	6,05

*Valores significativos ao nível de 5% de probabilidade de erro pelo teste F. GL = graus de liberdade; CP = Comprimento da panícula principal (cm); PP = Peso da panícula principal (g); MGP = Massa de grãos da panícula principal (g); LF = Largura da folha bandeira (cm); EP = Estatura de planta (cm); CV (%) = coeficiente de variação.

O peso da panícula principal afeta direta e positivamente o rendimento de grãos e está correlacionado com o número e peso de grãos por panícula (Senapati et al. 2009; Abd Allah et al. 2010; Li et al. 2014), sendo uma característica desejável em programas de melhoramento de arroz.

Foi possível observar que as famílias que apresentaram um incremento no caráter peso da panícula principal também apresentaram uma massa grãos da panícula principal superior à da testemunha, sugerindo que a mutação interferiu no acúmulo de fotoassimilados (Tabelas 3, 4).

Para a massa de grãos da panícula principal (Tabela 4), o agente mutagênico utilizado proporcionou um incremento

do caráter, sendo observadas seis famílias mutantes com desempenho superior ao da testemunha. Enquanto a testemunha apresentou uma massa de grãos média de 2,89 g, as famílias mutantes, superiores a esta, apresentaram um valor médio de 4,40 g. Essa superioridade observada nesses mutantes pode estar correlacionada com uma maior produtividade, visto que a massa de grãos é um dos principais componentes do rendimento (Jeng et al. 2006; Song et al. 2007; Hasan et al. 2013; Karim et al. 2014). Cabe salientar que esse aumento na massa de grãos da panícula principal será relevante desde que não ocorra redução em outros caracteres componentes do rendimento de grãos.

Tabela 2. Distribuição de 340 famílias mutantes M_3 em relação à testemunha BRS Querência para o comprimento da panícula principal. Universidade Federal de Pelotas, Pelotas (RS), 2015.

Comprimento da panícula principal	
Famílias M_3 com médias superiores à da testemunha BRS Querência	
331, 335, 332, 277, 217, 336 e 218	
Famílias M_3 com médias iguais à da testemunha BRS Querência (24,72 cm)	
196, 36, 242, 297, 33, 236, 88, 18, 30, 132, 339, 31, 17, 204, 176, 227, 34, 284, 317, 2, 75, 52, 185, 178, 189, 265, 3, 10, 55, 184, 149, 177, 243, 125, 37, 171, 206, 40, 271, 35, 179, 190, 47, 19, 43, 197, 209, 320, 289, 172, 153, 188, 258, 337, 65, 80, 15, 91, 49, 148, 173, 238, 298, 5, 95, 24, 195, 253, 9, 46, 262, 276, 302, 72, 180, 245, 257, 268, 270, 105, 175, 39, 45, 131, 205, 26, 29, 83, 186, 300, 25, 32, 340, 84, 230, 288, 76, 79, 27, 111, 237, 273, 13, 234, 12, 170, 48, 78, 203, 69, 110, 116, 121, 246, 81, 140, 161, 187, 194, 210, 308, 67, 202, 286, 303, 92, 255, 283, 324, 4, 1, 135, 280, 50, 53, 89, 99, 107, 146, 207, 259, 87, 137, 232, 315, 240, 290, 193, 23, 28, 183, 314, 38, 254, 313, 115, 130, 323, 102, 106, 154, 200, 291, 127, 198, 157, 159, 318, 223, 261, 11, 208, 156, 133, 338, 225, 98, 118, 147, 275, 7, 241, 136, 166, 287, 152, 163, 214, 70, 108, 22, 112, 215, 272, 212, 231, 249, 267, 295, 139, 244, 327, 16, 211, 305, 63, 150, 224, 256, 142, 333, 8, 20, 167, 292, 322, 328, 239, 278, 73, 174, 248, 122, 145, 134, 141, 155, 182, 307, 21, 126, 251, 334, 94, 269, 124, 168, 221, 281, 151, 57, 86, 120, 299, 316, 129, 164, 274, 226, 306, 310, 60, 143, 199, 93, 85, 90, 109, 144, 219, 233, 247, 266, 51, 128, 228, 279, 309, 62, 114, 330, 119, 162, 264, 165, 169, 77, 101, 263, 41, 64, 117, 220, 66, 235, 301, 68, 325, 54, 42, 191, 103, 104, 97, 181, 14, 285, 96, 282, 58, 319, 6, 293, 312, 229, 192, 294, 59, 71, 252, 158, 304, 296, 329, 123, 222, 74, 260, 326, 321, 216, 56, 201, 113, 44, 311, 138, 250, 160, 100, 61 e 82	
Família M_3 com médias inferiores à da testemunha BRS Querência	
213	

Tabela 3. Distribuição de 340 famílias mutantes M_3 em relação à testemunha BRS Querência para o peso da panícula principal. Universidade Federal de Pelotas, Pelotas (RS), 2015.

Peso da panícula principal	
Famílias M_3 com médias superiores à da testemunha BRS Querência	
36, 34, 28 e 2	
Famílias M_3 com médias iguais à da testemunha BRS Querência (3,19 g)	
17, 16, 30, 1, 236, 29, 33, 3, 219, 40, 206, 339, 18, 38, 15, 19, 9, 31, 176, 227, 22, 27, 37, 132, 25, 43, 52, 48, 197, 12, 35, 203, 214, 205, 196, 13, 223, 26, 55, 239, 177, 189, 149, 4, 187, 64, 230, 204, 21, 11, 237, 50, 179, 262, 45, 286, 147, 51, 148, 340, 209, 153, 75, 46, 232, 10, 7, 23, 280, 215, 111, 265, 140, 89, 8, 62, 253, 300, 24, 212, 298, 150, 255, 163, 240, 185, 194, 172, 173, 313, 107, 238, 268, 207, 125, 188, 210, 32, 234, 102, 131, 41, 66, 5, 47, 99, 159, 155, 166, 195, 291, 54, 167, 92, 108, 135, 49, 137, 76, 157, 20, 175, 290, 251, 283, 338, 88, 220, 243, 199, 228, 245, 126, 161, 164, 152, 94, 226, 14, 193, 323, 67, 136, 42, 320, 6, 184, 57, 257, 273, 242, 105, 73, 330, 146, 198, 247, 289, 337, 178, 224, 254, 292, 304, 241, 65, 270, 144, 83, 112, 77, 314, 312, 264, 208, 39, 70, 284, 235, 181, 287, 288, 336, 174, 170, 72, 271, 295, 310, 333, 143, 127, 130, 53, 261, 95, 186, 315, 221, 103, 154, 118, 334, 180, 211, 256, 183, 246, 171, 302, 128, 139, 59, 202, 114, 63, 82, 200, 307, 267, 58, 133, 165, 116, 134, 158, 263, 104, 156, 106, 324, 101, 233, 80, 142, 282, 145, 168, 169, 269, 331, 301, 97, 91, 121, 109, 325, 192, 141, 303, 276, 87, 299, 297, 151, 317, 318, 68, 190, 119, 138, 258, 319, 93, 69, 309, 249, 296, 162, 90, 182, 306, 160, 275, 244, 122, 329, 98, 252, 124, 84, 279, 293, 308, 110, 294, 225, 229, 327, 129, 222, 248, 113, 60, 120, 85, 79, 328, 217, 335, 71, 115, 322, 201, 316, 231, 266, 272, 326, 332, 216, 218, 321, 56, 285, 250, 305, 100, 78, 44, 281, 191, 123, 74, 278, 274, 117, 96, 86, 61, 311, 81, 259, 260 e 213	
Família M_3 com médias inferiores à da testemunha BRS Querência	
277	

Para o caráter largura da folha bandeira (Tabela 5), o agente químico utilizado tendeu a atuar de forma negativa, sendo que foram verificadas três famílias com médias inferiores à da testemunha, e o restante das famílias apresentou médias significativamente iguais à da testemunha (1,67 cm). Características morfológicas de folhas, juntamente com níveis de clorofila, afetam a eficiência fotossintética das folhas, influenciando diretamente o rendimento dos grãos de arroz (Zhang et al. 2009). A largura da folha bandeira está correlacionada com o rendimento de grãos de arroz (Agahi et al. 2007; Aditya e Bhartiya 2013).

Em relação ao caráter estatura de planta (Tabela 6), 177 famílias apresentaram estatura média superior à da testemunha BRS Querência (76,25 cm), considerada um genótipo

semianão. Nenhuma família apresentou média inferior, e as demais apresentaram estatura média significativamente igual à apresentada pela testemunha.

Os resultados observados sugerem que possivelmente o agente mutagênico promoveu alterações nos alelos que conferem a estatura baixa, provocando o aumento desta. O gene *SD1-Semidwarf1*, isolado a partir de arroz semianão, demonstrou estar relacionado com a biossíntese de giberelina (Monna et al. 2002; Sasaki et al. 2002), hormônio fundamental para o controle da estatura de plantas. Cabe salientar que a mutação *sd1* é considerada recessiva (Ashikari et al. 2002).

Ao se compararem os resultados obtidos para os cinco caracteres avaliados no estudo, verificou-se que a estatura

Tabela 4. Distribuição de 340 famílias mutantes M_3 em relação à testemunha BRS Querência para a massa de grãos da panícula principal. Universidade Federal de Pelotas, Pelotas (RS), 2015.

Massa de grãos da panícula principal	
Famílias M_3 com médias superiores à da testemunha BRS Querência	
36, 34, 2, 28, 30 e 17	
Famílias M_3 com médias iguais à da testemunha BRS Querência (2,89 g)	
1, 16, 236, 29, 206, 33, 339, 3, 18, 40, 38, 9, 15, 19, 197, 22, 176, 31, 205, 25, 43, 214, 37, 27, 232, 227, 132, 48, 223, 52, 203, 12, 289, 13, 237, 26, 196, 64, 51, 177, 239, 230, 21, 189, 55, 340, 45, 4, 11, 148, 179, 35, 187, 286, 147, 204, 209, 50, 153, 46, 215, 262, 265, 149, 10, 280, 253, 140, 75, 111, 212, 23, 300, 62, 240, 210, 8, 298, 207, 163, 185, 172, 194, 255, 313, 107, 188, 150, 234, 24, 173, 66, 152, 242, 245, 32, 268, 125, 5, 159, 291, 54, 41, 243, 167, 102, 238, 166, 251, 338, 99, 126, 7, 47, 199, 290, 226, 157, 135, 220, 175, 228, 155, 20, 42, 137, 164, 108, 161, 195, 76, 283, 219, 49, 67, 14, 323, 136, 184, 92, 94, 57, 73, 247, 105, 88, 198, 337, 273, 304, 292, 146, 257, 330, 193, 224, 320, 6, 241, 131, 178, 181, 144, 235, 211, 208, 65, 336, 312, 112, 77, 83, 264, 270, 89, 70, 288, 174, 287, 72, 271, 333, 53, 63, 127, 170, 284, 314, 334, 130, 103, 310, 246, 221, 118, 295, 143, 154, 261, 39, 128, 95, 183, 186, 315, 114, 180, 256, 58, 202, 59, 158, 139, 200, 307, 324, 82, 233, 267, 254, 106, 101, 142, 133, 331, 165, 303, 134, 263, 282, 116, 145, 301, 171, 156, 266, 302, 98, 168, 309, 80, 109, 192, 269, 151, 121, 252, 141, 325, 169, 249, 319, 68, 138, 87, 318, 299, 276, 69, 119, 162, 91, 296, 90, 244, 306, 182, 104, 93, 122, 329, 258, 275, 248, 190, 160, 225, 113, 293, 297, 229, 317, 308, 222, 217, 124, 129, 84, 85, 294, 327, 335, 120, 97, 328, 279, 201, 332, 110, 115, 79, 218, 71, 272, 316, 60, 321, 322, 231, 250, 56, 216, 326, 285, 100, 305, 281, 123, 44, 191, 74, 78, 117, 278, 96, 274, 61, 86, 311, 213, 259, 260, 277 e 81	
Família M_3 com médias inferiores à da testemunha BRS Querência	
Nenhuma família apresentou média inferior à da testemunha	

Tabela 5. Distribuição de 340 famílias mutantes M_3 em relação à testemunha BRS Querência para a largura da folha bandeira. Universidade Federal de Pelotas, Pelotas (RS), 2015.

Largura da folha bandeira	
Nenhuma família apresentou média superior à da testemunha	
Famílias M_3 com médias iguais à da testemunha BRS Querência (1,67 cm)	
46, 86, 93, 112, 9, 89, 139, 183, 129, 130, 196, 280, 17, 30, 47, 52, 79, 88, 102, 133, 178, 190, 236, 45, 48, 53, 58, 80, 91, 92, 105, 115, 122, 125, 137, 174, 177, 184, 185, 187, 336, 15, 29, 36, 64, 83, 87, 101, 103, 109, 111, 119, 168, 189, 206, 221, 227, 238, 245, 254, 313, 10, 25, 34, 39, 54, 66, 114, 124, 127, 132, 172, 180, 186, 195, 224, 260, 271, 16, 27, 28, 40, 43, 55, 82, 85, 94, 95, 98, 107, 108, 120, 141, 148, 149, 166, 203, 230, 243, 297, 1, 18, 22, 31, 35, 37, 42, 49, 50, 65, 69, 77, 99, 104, 126, 134, 146, 173, 179, 182, 202, 255, 262, 263, 298, 2, 12, 21, 26, 62, 68, 78, 84, 121, 123, 135, 152, 163, 171, 175, 228, 265, 270, 286, 287, 290, 295, 268, 3, 5, 8, 19, 23, 24, 41, 97, 110, 117, 118, 142, 144, 145, 161, 169, 170, 176, 194, 208, 209, 223, 226, 233, 246, 251, 256, 267, 274, 281, 315, 317, 7, 11, 32, 33, 38, 57, 59, 71, 72, 106, 131, 136, 138, 153, 165, 188, 214, 215, 237, 249, 258, 261, 273, 276, 288, 300, 305, 308, 314, 4, 20, 56, 113, 116, 156, 159, 200, 204, 205, 219, 235, 275, 277, 291, 306, 67, 70, 90, 96, 100, 150, 157, 167, 232, 244, 252, 283, 284, 285, 296, 302, 304, 310, 318, 324, 326, 73, 81, 147, 154, 162, 211, 241, 250, 259, 301, 307, 312, 338, 76, 128, 151, 155, 191, 197, 198, 199, 201, 218, 239, 240, 247, 266, 269, 279, 292, 293, 320, 322, 325, 60, 63, 207, 220, 222, 229, 231, 248, 257, 303, 311, 319, 330, 337, 6, 13, 61, 140, 158, 289, 294, 299, 323, 340, 14, 75, 164, 192, 193, 212, 282, 335, 216, 217, 234, 242, 316, 328, 332, 339, 210, 264, 331, 253, 272, 278, 333, 334, 321, 327, 309, 51, 181, 329, 74, 160 e 225	
Família M_3 com médias inferiores à da testemunha BRS Querência	
213, 44 e 143	

das plantas foi a característica mais afetada pelo agente mutagênico EMS, com maior número de famílias (52,05%) que se diferenciaram da testemunha BRS Querência (Tabela 6).

Conforme resultados obtidos por Martins et al. (2005), a indução de mutação ionizante foi eficiente na redução do caráter estatura de planta em genótipos de arroz. O emprego do agente mutagênico EMS em diferentes gerações de mutantes de arroz proporcionou um incremento do caráter estatura de planta, na dose de 0,04 M (Siddiqui e Singh 2010).

De forma geral, os programas de melhoramento de cereais tendem a selecionar plantas de baixa estatura, pois as com estatura elevada que não apresentam colmos grossos geralmente apresentam baixo potencial de rendimento e são mais suscetíveis ao acamamento (Ni et al. 2000). Contudo, as famílias que tiveram sua estatura aumentada não devem ser imediatamente descartadas, devendo ser considerados outros caracteres como espessura de colmo, por exemplo. Cabe salientar que plantas mais altas teriam o benefício de reduzir a quantidade e a qualidade de plantas daninhas (Balbinot Junior et al. 2003).

Muitos fatores influenciam na taxa de mutação induzida, tais como concentração do mutagênico, tempo de exposição ao mutagênico, tempo de lavagem, tipo de órgãos tratados (sementes ou pólen) e espécie ou genótipo escolhido. A estrutura da semente pode variar de espécie para espécie, o que também pode influenciar a eficácia do mutagênico. Por exemplo, sementes de arroz apresentam cascas, sendo que o produto químico aplicado precisa penetrar na casca primeiro, para depois interagir com o embrião e induzir a mutação (Xin et al. 2008).

O agrupamento dos genótipos pelo método de Tocher (Tabela 7) revelou a formação de sete grupos. O primeiro reuniu a maior parte das famílias mutantes juntamente com a testemunha BRS Querência; o segundo grupo foi formado por cinco famílias (M_3 331, M_3 332, M_3 335, M_3 217 e M_3 277); o terceiro agrupou três famílias (M_3 44, M_3 143 e M_3 160); o quarto (M_3 218 e M_3 336) e o quinto (M_3 89 e M_3 219) foram formados por duas famílias cada, enquanto que o sexto e o sétimo ficaram com uma família cada (M_3 213 e M_3 289, respectivamente).

Em relação à contribuição relativa de cada característica para a dissimilaridade genética entre famílias mutantes (Tabela 8), foi verificado que as 340 famílias avaliadas juntamente com a testemunha apresentaram, em ordem decrescente de contribuição, as características comprimento da panícula principal, massa de grãos da panícula principal, largura da folha bandeira, estatura de planta e peso da panícula principal. Dentre estas, as características comprimento da panícula principal, massa de grãos da panícula principal e largura da folha bandeira contribuíram com 69,49% para a dissimilaridade genética; entretanto, os caracteres estatura de planta e peso da panícula principal contribuíram apenas com 30,51%.

O caráter que mais contribuiu para a dissimilaridade genética foi o comprimento da panícula principal (31,07%), com valores variando entre 36,07 cm (família M_3 331) e 18,62 cm (família M_3 213). A segunda variável em importância na contribuição da dissimilaridade genética foi massa de grãos da panícula principal (19,31%), com valores variando entre 4,58 g (família M_3 36) e 1,67 g (família M_3 81).

Tabela 6. Distribuição de 340 famílias mutantes M_3 em relação à testemunha BRS Querência para estatura de planta. Universidade Federal de Pelotas, Pelotas (RS), 2015.

Estatura de planta	
Famílias M_3 com médias superiores à da testemunha BRS Querência	
33, 9, 36, 43, 26, 39, 47, 25, 48, 23, 17, 19, 46, 230, 11, 15, 29, 20, 37, 31, 40, 22, 45, 2, 5, 16, 52, 212, 223, 3, 24, 42, 84, 196, 12, 21, 34, 53, 66, 6, 7, 28, 262, 1, 8, 145, 18, 115, 41, 13, 178, 179, 4, 162, 204, 207, 222, 236, 60, 118, 205, 92, 202, 291, 259, 56, 215, 30, 287, 298, 283, 35, 38, 243, 177, 313, 10, 14, 51, 234, 255, 256, 307, 129, 188, 227, 297, 320, 143, 182, 140, 147, 271, 295, 104, 149, 172, 221, 245, 246, 263, 267, 272, 150, 315, 27, 32, 50, 132, 168, 218, 268, 301, 304, 314, 161 e 192	
Famílias M_3 com médias iguais à da testemunha BRS Querência (76,25 cm)	
49, 185, 276, 299, 206, 261, 77, 187, 233, 316, 336, 281, 112, 241, 332, 70, 197, 122, 79, 183, 186, 214, 251, 266, 289, 300, 308, 311, 75, 91, 144, 148, 101, 105, 146, 253, 254, 280, 98, 158, 173, 238, 265, 194, 99, 114, 166, 176, 198, 136, 171, 330, 108, 124, 189, 235, 55, 191, 200, 226, 237, 264, 328, 152, 102, 107, 155, 224, 78, 103, 121, 228, 65, 81, 89, 100, 126, 248, 324, 193, 270, 305, 338, 151, 184, 275, 303, 310, 317, 63, 180, 76, 110, 113, 117, 244, 257, 258, 292, 294, 82, 83, 74, 95, 109, 142, 163, 286, 64, 116, 203, 240, 260, 273, 93, 111, 153, 54, 170, 174, 285, 309, 339, 125, 190, 239, 44, 130, 208, 269, 71, 169, 86, 73, 302, 326, 331, 229, 128, 225, 319, 325, 164, 159, 219, 157, 199, 220, 85, 139, 209, 247, 249, 284, 321, 131, 175, 61, 68, 282, 323, 327, 58, 127, 57, 217, 288, 87, 80, 154, 242, 277, 290, 306, 329, 201, 232, 322, 120, 278, 69, 279, 141, 312, 340, 106, 137, 94, 134, 59, 135, 318, 333, 97, 119, 165, 334, 195, 293, 72, 138, 216, 211, 252, 296, 337, 210, 62, 90, 167, 133, 96, 67, 156, 250, 274, 231, 335, 88, 181, 160, 123 e 213	
Família M_3 com médias inferiores à da testemunha BRS Querência	
Nenhuma família apresentou média inferior à da testemunha	

As variâncias (autovalores), as variâncias percentuais e as variâncias acumuladas das variáveis canônicas podem ser visualizadas na Tabela 9. Devido às estimativas dos autovalores, correspondentes às três primeiras variáveis canônicas, terem obtido

80,41% da variância total de caracteres analisados, foi possível explicar de maneira satisfatória a variabilidade manifestada entre as famílias mutantes avaliadas, sendo possível representá-las em um gráfico de dispersão tridimensional (Figura 1).

Tabela 7. Agrupamento das 340 famílias mutantes M_3 e a cultivar BRS Querência pelo método de Tocher baseado na distância de Mahalanobis, considerando-se caracteres avaliados nas famílias M_3 . Universidade Federal de Pelotas, Pelotas (RS), 2015.

Grupos	Famílias														
1	333	334	323	164	282	247	73	292	128	199	220	240	157	338	159
	198	76	155	330	310	325	319	241	269	136	70	151	229	154	57
	312	273	208	194	235	300	63	32	257	193	153	161	200	150	144
	163	99	268	226	251	283	142	261	170	173	188	146	314	244	324
	291	169	306	107	228	290	175	166	288	249	126	108	286	255	233
	270	49	301	315	295	267	116	275	256	307	246	298	287	224	148
	65	68	77	165	172	118	265	248	106	294	71	293	279	285	121
	238	135	59	152	134	127	209	50	263	114	318	111	158	179	10
	95	83	55	303	299	186	105	313	237	141	180	90	94	296	174
	189	109	85	113	201	202	182	221	326	102	101	103	124	145	24
	168	185	243	262	149	125	271	177	98	308	120	245	320	5	215
	92	187	304	162	276	191	8	4	252	322	72	184	305	69	302
	54	137	280	122	130	87	132	204	110	117	258	171	281	192	211
	119	195	227	147	207	176	41	104	203	140	58	53	27	328	35
	183	167	264	12	45	20	18	52	178	112	156	131	139	222	42
	31	230	37	91	316	66	138	284	234	56	100	21	60	97	216
	14	205	3	206	67	80	40	11	214	239	197	337	23	38	13
	75	223	62	6	15	236	19	340	250	321	254	96	309	129	311
	7	84	212	327	61	64	253	78	93	272	26	47	46	79	115
	133	25	48	22	190	29	329	30	231	317	266	260	43	196	39
210	278	274	74	82	17	33	2	232	1	339	225	9	81	34	
123	297	259	86	242	51	181	36	16	28	88	341 (BRS Querência)				
2	331	332	335	217	277										
3	44	143	160												
4	218	336													
5	89	219													
6	213														
7	289														

Tabela 8. Estimativas da contribuição relativa de cada característica para a divergência genética entre as famílias mutantes de arroz com base na partição do total de D^2 . Universidade Federal de Pelotas, Pelotas (RS), 2015.

Variável	S.j	Valor S.j (%)
Comprimento da panícula principal	129.199,84	31,07
Massa de grãos da panícula principal	80.291,68	19,31
Largura da folha bandeira	79.454,55	19,11
Estatura de planta	72.708,77	17,49
Peso da panícula principal	54.141,17	13,02

S.j = Estimativas da contribuição relativa de cada característica.

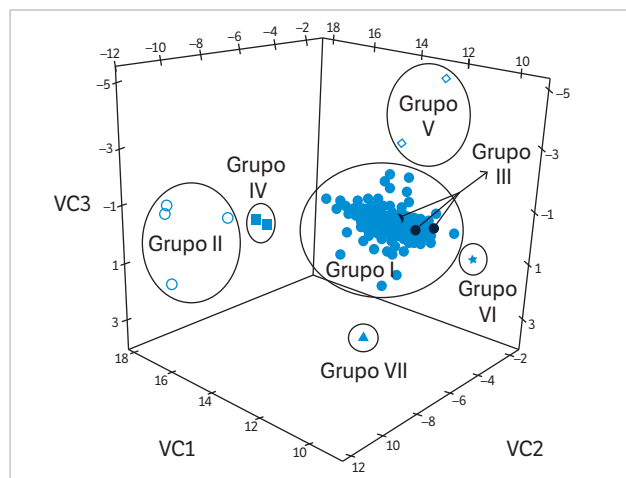


Figura 1. Gráfico de dispersão de 340 famílias mutantes M_3 e a testemunha BRS Querência em relação aos escores das três primeiras variáveis canônicas (VC1, VC2 e VC3). Universidade Federal de Pelotas, Pelotas (RS), 2015.

A dispersão gráfica permitiu a separação das famílias mutantes em grupos, podendo ser utilizada como uma estratégia para selecionar famílias divergentes a serem utilizadas em cruzamentos artificiais em programas de melhoramento genético. Os grupos formados por meio da dispersão gráfica dos escores (Figura 1) seguiram a mesma tendência dos grupos obtidos pelo método de otimização de Tocher (Tabela 7), com exceção do grupo III (Tocher), que não foi separado pelo método das variáveis canônicas, pertencendo esses indivíduos ao grupo I.

O resultado similar obtido pelo método das variáveis canônicas fortalece a confiabilidade nos dados obtidos pela técnica de agrupamento de Tocher (Benitez et al. 2011).

CONCLUSÃO

A indução de mutação com EMS, concentração de 1,5%, é capaz de gerar mutantes com características superiores.

REFERÊNCIAS

Abd Allah, A. A., Ammar, M. H. e Badawi, A. T. (2010). Screening rice genotypes for drought resistance in Egypt. *Journal of Plant Breeding and Crop Science*, 2, 205-215.

Aditya, J. P. e Bhartiya, A. (2013). Genetic variability, correlation and path analysis for quantitative characters in rainfed upland rice of Uttarakhand Hills. *Journal of Rice Research*, 6, 24-34.

Tabela 9. Variância (autovalores), variâncias percentuais e variâncias acumuladas das variáveis canônicas, visando estimar a dissimilaridade entre as famílias mutantes de arroz. Universidade Federal de Pelotas, Pelotas (RS), 2015.

Variáveis canônicas	Variâncias (autovalores)	Variâncias percentuais	Variâncias acumuladas
1	1,51	42,11	42,11
2	0,73	20,32	62,43
3	0,64	17,97	80,41
4	0,42	11,78	92,19
5	0,28	7,81	100,00

De um total de 340 famílias, para o caráter comprimento da panícula principal, sete (2,06%) obtiveram médias superiores à da testemunha; já para os caracteres peso da panícula principal e massa de grãos da panícula principal, foram observadas quatro (1,18%) e seis famílias mutantes (1,76%), respectivamente, com desempenho superior ao da testemunha.

Entre os caracteres, a estatura das plantas foi a mais afetada pelo agente mutagênico, o qual proporcionou o incremento do caráter.

Existe dissimilaridade genética entre as famílias mutantes de arroz, sendo que as características que mais contribuem para detecção de dissimilaridade genética são o comprimento da panícula principal, massa de grãos da panícula principal e largura da folha bandeira.

AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio Grande do Sul (FAPERGS) pelos auxílios e bolsas concedidas.

- in rice (*Oryza sativa*). *International Journal of Agriculture & Biology*, 14, 55-62.
- Ashikari, M., Sasaki, A., Ueguchi-Tanaka, M., Itoh, H., Nishimura, A., Swapan, D., Ishiyama, K., Saito, T., Kobayashi, M., Khush, G. S., Kitano, H. e Matsuoka, M. (2002). Loss-of-function of a rice gibberellin biosynthetic gene, GA20 oxidase (GA20ox-2), led to the rice "Green Revolution". *Breeding Science*, 52, 143-150. <http://dx.doi.org/10.1270/jsbbs.52.143>.
- Balbinot Junior, A. A., Fleck, N. G., Menezes, V. G. e Agostinetto, D. (2003). Competitividade de cultivares de arroz irrigado com cultivar simuladora de arroz-vermelho. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 38, 53-59. <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2003000100007>.
- Benitez, L. C., Rodrigues, I. C. S., Arge, L. W. P., Ribeiro, M. V. e Braga, E. J. B. (2011). Análise multivariada da divergência genética de genótipos de arroz sob estresse salino durante a fase vegetativa. *Revista Ciência Agronômica*, 42, 409-416. <http://dx.doi.org/10.1590/S1806-66902011000200021>.
- Coimbra, J. L. M., Carvalho, F. I. F., Oliveira, A. C., Silva, J. A. G. e Lorencetti, C. (2005). Comparação entre mutagênicos químico e físico em populações de aveia. *Ciência Rural*, 35, 12-18. <http://dx.doi.org/10.1590/S0103-84782005000100008>.
- Coimbra, J. L. M., Marchioro, V. S., Lorencetti, C., Azevedo, R., Carvalho, F. I. F. e Oliveira, A. C. (1999). Comparação dos efeitos de agentes mutagênicos na geração M1 em genótipos fixos de aveia (*Avena sativa* L.). *Revista Brasileira de Agrociência*, 5, 12-18.
- Cruz, C. D. (2001). Programa genes: aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa: UFV.
- Cruz, C. D. e Regazzi, A. J. (1997). Divergência genética. In C. D. Cruz e A. J. Regazzi. *Métodos biométricos aplicados ao melhoramento genético* (p. 287-324). Viçosa: Imprensa Universitária.
- Harland, J. R. (1975). *Crops and man*. Madison: American Society of Agronomy.
- Hasan, M. J., Kulsum, M. U., Akter, A., Masduzzaman, A. S. M. e Ramesha, M. S. (2013). Genetic variability and character association for agronomic traits in hybrid rice (*Oryza sativa* L.). *Bangladesh Journal of Plant Breeding and Genetics*, 24, 45-51. <http://dx.doi.org/10.3329/bjpbg.v24i1.16999>.
- Henikoff, S. e Comai, L. (2003). Single-nucleotide mutations for plant functional genomics. *Annual Review of Plant Biology*, 54, 375-401.
- Ishiy, T., Schiocchet, M. S., Bacha, R. E., Alfonso-Morel, D., Tulman, A. N. e Knoblauch, R. (2006). Rice mutant cultivar SCS114 andosan. *Plant Mutation Reports*, 2, 25.
- Jalata, Z., Ayana, A. e Zeleke, H. (2011). Variability, heritability and genetic advance for some yield and yield related traits in Ethiopian barley (*Hordeum vulgare* L.) landraces and crosses. *International Journal of Plant Breeding and Genetics*, 5, 44-52. <http://dx.doi.org/10.3923/ijpbg.2011.44.52>.
- Jeng, T. L., Tseng, T. H., Wang, C. S., Chen, C. L. e Sung, J. M. (2006). Yield and grain uniformity in contrasting rice genotypes suitable for different growth environments. *Field Crops Research*, 99, 59-66. <http://dx.doi.org/10.1016/j.fcr.2006.03.005>.
- Jennings, P. R., Coffman, W. R. e Kauffman, H. E. (1981). *Mejoramiento de arroz*. Cali: Centro Internacional de Agricultura Tropical.
- Jiang, S. Y. e Ramachandran, S. (2010). Natural and artificial mutants as valuable resources for functional genomics and molecular breeding. *International Journal of Biological Sciences*, 6, 228-251. <http://dx.doi.org/10.7150/ijbs.6.228>.
- Karim, D., Siddique, N. E. A., Sarkar, U., Hasnat, Z. e Sultana, J. (2014). Phenotypic and genotypic correlation co-efficient of quantitative characters and character association of aromatic rice. *Journal of Bioscience and Agriculture Research*, 1, 34-46.
- Li, G., Zhang, J., Yang, C., Song, Y., Zheng, C., Wang, S., Liu, Z. e Ding, Y. (2014). Optimal yield-related attributes of irrigated rice for high yield potential based on path analysis and stability analysis. *The Crop Journal*, 2, 235-243. <http://dx.doi.org/10.1016/j.cj.2014.03.006>.
- Maluszynski, M., Ahoowalia, B., Ashri, A., Nichterlein, K. e Van Zanten, L. (1998). Induced mutations in rice breeding and germplasm enhancement. *Proceedings of the 19th Session of the International Rice Commission*; Cairo, Egypt.
- Martins, A. F., Vieira, E. A., Kopp, M. M., Luz, V. K., Carvalho, M. F., Branco, J. S. C., Cruz, R. P., Carvalho, F. I. F. e Oliveira, A. C. (2007). Caracterização de famílias mutantes de arroz para tolerância ao frio nos períodos vegetativo e reprodutivo. *Bragantia*, 66, 227-233. <http://dx.doi.org/10.1590/S0006-87052007000200006>.
- Martins, A. F., Zimmer, P. D., Oliveira, A. C., Carvalho, F. I. F., Vieira, E. A., Carvalho, M. F., Martins, L. F. e Fonseca, F. S. (2005). Variabilidade para caracteres morfológicos em mutantes de arroz. *Ciência e Agrotecnologia*, 29, 1215-1223. <http://dx.doi.org/10.1590/S1413-70542005000600016>.
- Monna, L., Kitazawa, N., Yoshino, R., Suzuki, J., Masuda, H., Maehara, Y., Tanji, M., Sato, M., Nasu, S. e Minobe, Y. (2002). Positional cloning of rice semidwarfing gene. *sd-1*: rice "green revolution gene" encodes a mutant enzyme involved in gibberellin synthesis. *DNA Research*, 9, 11-17.

- Ni, H., Moody, K., Robles, R. P., Paller, E. C. e Lales, J. S. (2000). *Oryza sativa* plant traits conferring competitive ability against weeds. *Weed Science*, 48, 200-204.
- Predieri, S. (2001). Mutation induction and tissue culture in improving fruits. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture*, 64, 185-210.
- Ranawake, A. L., Amarasingha, U. G. S. e Dahanayake, N. (2013). Agronomic characters of some traditional rice (*Oryza sativa* L.) cultivars in Sri Lanka. *Journal of the University of Ruhuna*, 1, 3-9. <http://dx.doi.org/10.4038/jur.v1i1.6150>.
- Rao, R. C. (1952). *Advanced statistical methods in biometric research*. New York: John Wiley and Sons.
- Sasaki, A., Ashikari, M., Ueguchi-Tanaka, M., Itoh, H., Nishimura, A., Swapan, D., Ishiyama, K., Saito, T., Kobayashi, M., Khush, G. S., Kitano, H. e Matsuoka, M. (2002). Green revolution: a mutant gibberellin-synthesis gene in rice – new insight into the rice variant that helped to avert famine over thirty years ago. *Nature*, 416, 701-702. <http://dx.doi.org/10.1038/416701a>.
- Schiocchet, M. A., Noldin, J. A., Raimondi, J. V., Neto, A. T., Marschalek, R., Wickert, E., Martins, G. N., Hicke, E., Knoblauch, R., Scheuermann, K. K., Eberhardt, D. S. e Andrade, A. (2014). SCS118 Marques - new rice cultivar obtained through induced mutation. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 14, 68-70. <http://dx.doi.org/10.1590/S1984-70332014000100012>.
- Senapati, B. K., Roy, S., De D. K. e Pal, S. (2009). Selection criteria for high yield in early segregating generation of rice (*Oryza sativa* L.) crosses. *Journal of Crop and Weed*, 5, 12-14.
- Serrat, X., Esteban, R., Guibourt, N., Moysset, L., Nogués, S. e Lalanne, E. (2014). EMS mutagenesis in mature seed-derived rice *calli* as a new method for rapidly obtaining TILLING mutant populations. *Plant Methods*, 10, 1-14. <http://dx.doi.org/10.1186/1746-4811-10-5>.
- Siddiqui, S. A. e Singh, S. (2010). Induced genetic variability for yield and yield traits in basmati rice. *World Journal of Agricultural Sciences*, 6, 331-337.
- Singh, D. (1981). The relative importance of characters affecting genetic divergence. *Indian Journal of Genetic Plant Breeding*, 41, 237-245.
- Sociedade Sul Brasileira de Arroz Irrigado (2012). *Arroz irrigado: recomendações técnicas da pesquisa para o Sul do Brasil*. Itajaí: SOSBAI.
- Song, X. J., Huang, W., Shi, M., Zhu, M. Z. e Lin, H. X. (2007). A QTL for rice grain width and weight encodes a previously unknown RING-type E3 ubiquitin ligase. *Nature Genetics*, 39, 623-630. <http://dx.doi.org/10.1038/ng2014>.
- Talebi, A. B., Talebi, A. B. e Shahrokhifar, B. (2012). Ethyl methane sulphonate (EMS) induced mutagenesis in malaysian rice (cv. MR219) for lethal dose determination. *American Journal of Plant Sciences*, 3, 1661-1665. <http://dx.doi.org/10.4236/ajps.2012.312202>.
- The Statistics Division of the Food and Agriculture Organization of the United Nations (2014); [acessado em 01 Jun. 2014]. <http://faostat.fao.org/#>
- Till, B. J., Cooper, J., Tai, T. H., Colowit, P., Greene, E. A., Henikoff, S. e Comai, L. (2007). Discovery of chemically induced mutations in rice by TILLING. *BMC Plant Biology*, 7, 19. <http://dx.doi.org/10.1186/1471-2229-7-19>.
- Wu, J. L., Wu, C., Lei, C., Baraoidan, M., Bordeos, A., Madamba, M. R. S., Ramos-Pamplona, M., Mauleon, R., Portugal, A., Ulat, V. J., Bruskiewich, R., Wang, G., Leach, J., Khush, G. e Leung, H. (2005). Chemical- and irradiation-induced mutants of indica rice IR64 for forward and reverse genetics. *Plant Molecular Biology*, 59, 85-97. <http://dx.doi.org/10.1007/s11103-004-5112-0>.
- Xin, Z., Wang, M. L., Barkley, N. A., Burrow, G., Franks, C., Pederson, G. e Burke, J. (2008). Applying genotyping (TILLING) and phenotyping analyses to elucidate gene function in a chemically induced sorghum mutant population. *BMC Plant Biology*, 8, 1-14. <http://dx.doi.org/10.1186/1471-2229-8-103>.
- Zhang, G. H., Xu, Q., Zhu, X. D., Qian, Q. e Xue, H. W. (2009). Shallot-Like1 is a Kanadi transcription factor that modulates rice leaf rolling by regulating leaf abaxial cell development. *Plant Cell*, 21, 719-735. <http://dx.doi.org/10.1105/tpc.108.061457>.