

# Variabilidade fenotípica de genótipos de arroz irrigado via análise multivariada<sup>1</sup>

## Phenotypic variability in genotypes of irrigated rice via multivariate analysis

Eduardo Anibele Streck<sup>2\*</sup>, Gabriel Almeida Aguiar<sup>2</sup>, Ariano Martins de Magalhães Júnior<sup>3</sup>, Paulo Henrique Karling Facchinello<sup>2</sup> e Antônio Costa de Oliveira<sup>2</sup>

**RESUMO** - Considerando-se a necessidade de incremento de variabilidade genética dentro dos programas de melhoramento de arroz irrigado no Brasil, este trabalho objetivou caracterizar fenotipicamente acessos de arroz irrigado e estimar as suas distâncias genéticas com a utilização de análises multivariadas. Foram caracterizados fenotipicamente 92 acessos de arroz irrigado avaliados quanto a 35 descritores morfológicos, sendo, 21 caracteres de herança qualitativa e 14 caracteres de herança quantitativa. Os caracteres quantitativos discriminaram via distâncias genéticas os acessos em nove grupos distinguíveis entre si, principalmente pela distribuição das subespécies *indica* e *japonica*. Já para os caracteres qualitativos o dendrograma discriminou cinco grupos distintos, sendo evidenciadas a seleção e utilização de genótipos a nível mundial com arquitetura e padrões fenotípicos definidos. Logo, evidenciou-se pela caracterização fenotípica via análise multivariada que os genótipos cultivados no Rio Grande do Sul demonstraram estreita base genética. No entanto, existe variabilidade fenotípica para incremento desta base genética e consequente aumento da probabilidade de obtenção e seleção de progênies superiores geneticamente.

**Palavras-chaves:** Dissimilaridade genética. Segregantes transgressivos. Caracteres fenotípicos.

**ABSTRACT** - Considering the need for increasing genetic variability in breeding programs of irrigated rice in Brazil, the aim of this work was to characterise phenotypically accessions of irrigated rice, and estimate genetic distance using multivariate analysis. Ninety-two accessions of irrigated rice were characterised phenotypically, and evaluated for 35 morphological descriptors, with 21 being characteristics of qualitative inheritance, and 14 quantitative inheritance. The quantitative characteristics discriminated the accessions into nine groups via genetic distance, distinguished from each other mainly by distribution of the subspecies *indica* and *japonica*. Whereas for the qualitative characteristics, five different groups were discriminated by dendrogram, demonstrating the global selection and use of genotypes with defined architecture and phenotypic patterns. From the phenotypic characterisation via multivariate analysis, it soon became clear that the genotypes grown in the State of Rio Grande do Sul displayed a narrow genetic base. However, the phenotypic variability exists for increasing this genetic base, with a consequent increase in the probability of acquiring and selecting genetically superior progeny.

**Key words:** Genetic dissimilarity. Transgressive segregants. Phenotypic characteristics.

DOI: 10.5935/1806-6690.20170011

\*Autor para correspondência

<sup>1</sup>Recebido para publicação em 16/09/2015; aprovado em 21/03/2016

Parte da Dissertação de Mestrado do primeiro autor apresentada ao programa de Pós-graduação em Agronomia, Universidade Federal de Pelotas; financiamento de bolsa da Capes do primeiro autor

<sup>2</sup>Departamento de Fitotecnia, Melhoramento Genético Vegetal, Universidade Federal de Pelotas, Centro de Genômica e Fitomelhoramento/CGF, Caixa Postal 354, Pelotas-RS, Brasil, 96.001.970, streck.eduardo@gmail.com, gabrielalmeidaaguiar@yahoo.com.br, phfacchinello@gmail.com, acostol@cgfufpel.org

<sup>3</sup>Departamento Melhoramento Genético Vegetal, Embrapa Clima Temperado, Pelotas-RS, Brasil, ariano.martins@embrapa.br

## INTRODUÇÃO

O uso de recursos genéticos de arroz disponíveis em bancos de germoplasma é uma estratégia importante para a incorporação de variabilidade genética em programas de melhoramento genético, o que pode potencialmente gerar novas cultivares com base genética ampliada. Ademais, permite a obtenção de novas combinações alélicas, sendo úteis aos melhoristas (MCCOUCH, 2004).

É de fundamental importância que o melhorista conheça bem o germoplasma disponível, tanto em relação ao desempenho individual dos diferentes tipos agronômicos, como também a respeito da capacidade de combinação e a variabilidade genética existente (distância genética). A estimativa de distância genética entre os genótipos é apontada como uma forma de prever esta variabilidade genética (HOSAN *et al.*, 2010) e, acompanhada pela utilização de estatísticas multivariadas, tem-se revelado promissora pela possibilidade de sintetizar diversas variáveis em apenas um agrupamento. Entre as principais técnicas multivariadas empregadas como critério para escolha de genitores estão as medidas de distância genética com base em caracteres fenotípicos.

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 nos caracteres de interesse. Atendidos estes requisitos, existe grande possibilidade de seleção de genótipos transgressivos, visto que, genótipos com elevada produtividade, porém distantes geneticamente, podem apresentar alelos distintos controlando o caráter e expressando elevada capacidade de combinação.

O emprego de caracteres morfológicos em estudos de distância genética é um dos procedimentos mais utilizados pelos melhoristas de plantas, pois estas informações são continuamente obtidas nos testes para caracterização e avaliação da adaptabilidade, estabilidade e potencial de produtividade. Exemplos de eficiência na utilização de técnicas multivariadas foram encontrados em experimentações de culturas como algodão (MENEZES *et al.*, 2008), aveia (VIEIRA; CARVALHO; OLIVEIRA, 2005), feijão (CEOLIN *et al.*, 2007), milho (COIMBRA *et al.*, 2010), trigo (BERTAN *et al.*, 2009) e arroz (AREIAS *et al.*, 2006; BENITEZ *et al.*, 2011; MARTINS *et al.*, 2005; SILVA *et al.*, 2011; VANNIARAJAN; VINOD; PEREIRA, 2012).

Dentre os procedimentos estatísticos mais utilizados na estimativa da distância genética com base em caracteres fenotípicos está a distância generalizada de Mahalanobis  $D^2$  e a distância Euclidiana (CRUZ;

REGAZI; CARNEIRO, 2012), sendo que a primeira oferece vantagem por levar em consideração o efeito do ambiente e a possibilidade de correlação entre os caracteres, porém, necessita de ensaios experimentais com repetições. A partir destas metodologias de cálculos da distâncias genéticas, têm sido reproduzidas variações de modelos matemáticos que estimam formas variadas na representação do grau de coincidência com que os distintos pares de genótipos apresentam no conjunto de variáveis mensuradas em um experimento. Estando o pesquisador de posse das estimativas de distância entre cada par de genótipos estudado, os dados são apresentados em uma matriz simétrica, a partir desta, a visualização e interpretação das distâncias pode ser facilitada pela utilização de um método de agrupamento e/ou dispersão gráfica.

Neste contexto e, considerando-se a estreita base genética das cultivares elites de arroz irrigado utilizadas no Brasil, existe uma necessidade de incremento de variabilidade genética dentro destes programas. Logo, este trabalho objetivou avaliar acessos de arroz irrigado quanto aos caracteres morfológicos e estimar as suas distâncias genéticas para discriminação de acessos com a utilização de análises multivariadas.

## MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido no campo experimental da Estação de Terras Baixas da Embrapa Clima Temperado em Capão do Leão no estado do Rio Grande do Sul, nas safras 2012/2013 e 2013/2014. A experimentação foi implementada sob delineamento de blocos casualizados, sendo as parcelas compostas por seis fileiras de 5 m de comprimento com espaçamento de 0,17 m entre linhas. A área útil da parcela foi constituída por 4 m centrais das quatro fileiras internas, de modo a, excluir algum efeito incidente sobre a bordadura. A densidade de semeadura utilizada foi de 100 kg ha<sup>-1</sup>, utilizando-se uma semeadora mecânica de parcelas, sob sistema de plantio direto. A adubação de base foi de 300 kg ha<sup>-1</sup> de NPK (fórmula 05-20-20) e 90 kg ha<sup>-1</sup> de nitrogênio, na forma de ureia, aplicado 50% da dose no estádio V4 (início do perfilhamento) e o restante no estádio R1 (diferenciação do promórdio floral). Utilizou-se o sistema de irrigação por inundação permanente até R9 (estádio final de maturação dos genótipos).

Foram empregados neste estudo 92 acessos do banco ativo de germoplasma de arroz da Embrapa Clima Temperado (Tabela 1), sendo avaliadas 10 plantas de cada genótipo diante de 35 descritores morfológicos, sendo, 21 caracteres de herança qualitativa e 14 caracteres de herança quantitativa.

Os caracteres quantitativos analisados foram: altura de plantas (Alt) (cm), comprimento do colmo (CCol) (cm), espessura do colmo (EC) (mm), comprimento de panícula (CP) (cm), dias até a floração (DAF), ciclo cultural (Cic) (dias), massa de panícula (MP) (g), número de grãos por panícula (NGP), número de espiguetas estéreis (NEE), massa de mil grãos (MMG) (g), comprimento da cariopse (CC) (mm), largura da cariopse (LC) (mm), espessura da cariopse (EC) (mm), relação entre comprimento e largura da cariopse (RCLC).

Os caracteres qualitativos foram avaliados mediante classes fenotípicas sendo: cor da folha (CF) (1-verde claro, 2-verde, 3-verde escuro, 4-púrpura na ponta, 5-púrpura na margem, 6-púrpura, 7-púrpura na bainha), pubescência da folha (PF) (1-ausente, 2-escassa, 3-média, 4-forte), coloração da aurícula (CAu) (1-verde claro, 2-púrpura), coloração da lígula (CL) (1-incolor a verde, 2-púrpura), ângulo da folha bandeira (AFB) (1-ereto, 2-intermediário, 3-horizontal, 4-decumbente), ângulo dos perfilhos (AP) (1-ereto, 2-intermediário, 3-aberto), coloração do internódio (CI) (1-verde claro,

**Tabela 1** - Acessos de arroz irrigado caracterizados fenotipicamente com as respectivas origens

Nº	Genótipo	Origem	Nº	Genótipo	Origem	Nº	Genótipo	Origem
1	BRS Bojuru	Brasil	32	Originário chinês	China	63	Nourin Mochi	Japão
2	BRS Pampa	Brasil	33	Ostiglia	França	64	Oro	Chile
3	BRS Querência	Brasil	34	Ranghino	França	65	Tomoe Mochi	Japão
4	INTA PUITÁ CL	Argentina	35	Sírio CL	França	66	Tegumento Preto	Desconhecida
5	Jasmine	Tailândia	36	Thaibonnet	Itália	67	BRA 050106	Brasil
6	Jasmine 85	Tailândia	37	Vialone nano	Itália	68	BRA 02103	Brasil
7	BRS AG	Brasil	38	Nippombare	Japão	69	AB08127	Brasil
8	BRA 051108	Brasil	39	Yin Lu 30	China	70	AB08134	Brasil
9	BRS 358	Brasil	40	Mogi	Chile	71	GZ944-5-2-2	Egito
10	Arroz Austral	Desconhecida	41	Selênio	Itália	72	BASMATI 370	Paquistão
11	Aurelia	França	42	Âmbar	Chile	73	SC 607	Brasil
12	Ringo Miara-AC	França	43	BRA 050058	Brasil	74	SC 608	Brasil
13	K 1952 Thai-Z	França	44	BRA 050081	Brasil	75	Carolina	EUA
14	Arelate	França	45	BRA 050151	Brasil	76	IRCTN - HS-279	Filipinas
15	Ruille	França	46	BRA 050166	Brasil	77	Amaroo	Austrália
16	Saturo	França	47	Diamante	Chile	78	Bluebelle	EUA
17	Gladío	Itália	48	IRCTN - 86014	Filipinas	79	BR IRGA 409	Brasil
18	Soulanet	França	49	IRCTN - China 1039	Filipinas	80	BRS 7 'Taim'	Brasil
19	Sambuc	França	50	IRCTN - HSC16	Filipinas	81	BRS Alvorada	Brasil
20	Sousixe	França	51	IRCTN - IR 80730	Filipinas	82	BRS Aroma	Brasil
21	Arborio	Itália	52	IRCTN - K 3006	Filipinas	83	BRS Atalanta	Brasil
22	Artiglio	Itália	53	IRCTN - Skau-23	Filipinas	84	BRS Firmeza	Brasil
23	Baldo	Itália	54	IRCTN - Skau-337	Filipinas	85	BRS Formoso	Brasil
24	Balilla	Itália	55	IRCTN - Skuat-27	Filipinas	86	BRS Fronteira	Brasil
25	Bentone	França	56	Tatsumi Mochi	Japão	87	BRS SCS 113	Brasil
26	Carnaroli	Itália	57	LTB 07010	Brasil	88	BRS Tropical	Brasil
27	Centauro	Itália	58	LTB 07011	Brasil	89	Epagri 106	Brasil
28	Creso	Itália	59	LTB 07013	Brasil	90	IAS 12-9 Formosa	Brasil
29	Flipper	Itália	60	LTB 07014	Brasil	91	IRGA 417	Brasil
30	Amarelo	Desconhecida	61	LTB 07016	Brasil	92	IRGA 421	Brasil
31	Loto	Itália	62	LTB 07017	Brasil			

2-dourado, 3-estrias púrpuras, 4-púrpura), coloração de antocianina (CAn) (1-ausente, 2-fracas, 3-média, 4-forte, 5-muito forte), tipo de panícula (TP) (1-compacta, 2-intermediária, 3-aberta), exserção da panícula (EP) (1-completa, 2-média, 3-justa), arista (Ar) (1-presente, 2-ausente), pubescência das glumelas (PGl) (1-ausente, 2-fracas, 3-média, 4-forte, 5-muito forte), coloração do apículo na floração (CAF) (1-branca, 2-verde, 3-amarela, 4-marrom, 5-vermelho, 6-púrpura, 7-preta), coloração do apículo na maturação (CAM) (1-branca, 2-verde, 3-amarela, 4-marrom, 5-vermelho, 6-púrpura, 7-preta), cor das glumelas (CGl) (1-amarelo palha, 2-dourada, 3-manchas marrons, 4-estrias marrons, 5-marrom, 6-avermelhada, 7-manchas púrpuras, 8-estrias púrpuras, 9-púrpura, 10-preta), cor das glumas estéreis (CGE) (1-palha, 2-dourada, 3-vermelha, 4-púrpura), degrane (Deg) (1-fácil, 2-intermediário, 3-fácil), forma da cariopse (FC) (1-arredondada, 2-semi-arredondada, 3-meio-alongada, 4-alongada, 5-muito-alongada), coloração da cariopse (CCar) (1-branca, 2-pardo-clara, 3-parda, 4-vermelha, 5-púrpura), comprimento da folha bandeira (CFB) (1-muito curta, 2-curta, 3-média, 4-longa, 5-muito longa), largura da folha bandeira (LFB) (1-estreita, 2-média, 3-larga, 4-muito larga).

Os caracteres de herança genética quantitativa obtidos foram submetidos à análise estatística de variância univariada. Após, os dados passaram por análises multivariadas, em que, primeiramente foram obtidas as medidas de dissimilaridade pela distância generalizada de Mahalanobis (MAHALANOBIS, 1936) estimada por Equação 1:

$$[X_a - X_b]' S^{-1} [X_a - X_b] \quad (1)$$

onde: a distância de Mahalanobis entre os indivíduos “a” e “b”;  $X_a$  é o vetor de caracteres do indivíduo “a”;  $X_b$  é o vetor de caracteres do indivíduo “b”; “S” é a matriz de variância amostral da população.

Com base nas matrizes de distâncias genéticas geradas, foi construído o dendrograma, utilizando o método de agrupamento das médias das distâncias (UPGMA). Para a estimativa do ajuste entre a matriz de dissimilaridade e o dendrograma gerado foi calculado o coeficiente de correlação cofenética (CCC) (SOKAL; ROHLF, 1962), obtida por Equação 2:

$$CCC = \frac{Cov(F, C)}{\sqrt{V(F)V(C)}} \quad (2)$$

sendo,  $F$  = matriz fenética;  $C$  = matriz cofenética.

Para os dados qualitativos avaliados adotou-se uma medida de dissimilaridade única para todos os tipos de caráter, mas que apresentaram mesmo intervalo de definição. Para isto Gower (1971) propôs um coeficiente

geral de similaridade que é aplicável simultaneamente aos vários tipos de caracteres. Assim, foram obtidos valores de similaridade, para o par de indivíduos  $i$  e  $i'$ , para cada par de caracteres, denotado por  $S_{iik}$  de forma que a similaridade entre  $i$  e  $i'$  seja dada por Equação 3:

$$S_{ijk} = \frac{\sum_{k=1}^p W_{ijk} \times S_{ijk}}{\sum_{k=1}^p W_{ijk}} \quad (3)$$

sendo,  $K$  = número de caracteres ( $k = 1, 2, \dots, p$ );  $i$  e  $j$  = dois indivíduos que representem o acesso;  $W_{ijk}$  = peso dado à comparação  $ijk$ , atribuindo valor 1 para comparações válidas e valor 0 para comparações inválidas (quando o valor do caráter está ausente em um ou ambos indivíduos);  $S_{ijk}$  = contribuição do caráter  $k$  na similaridade entre os indivíduos  $i$  e  $j$ , com valores entre 0 e 1. Para um caráter qualitativo (nominal), se o valor do caráter  $k$  é o mesmo para ambos os indivíduos,  $i$  e  $j$ , então  $S_{ijk} = 1$ , caso contrário, é igual a 0.

A partir da matriz de similaridade, obteve-se a matriz de dissimilaridade, na qual alocou-se os acessos em grupos de modo hierárquico, pela ligação média entre grupo (UPGMA), verificando-se o coeficiente de correlação cofenética.

Para detectar as inter-relações entre as matrizes de dissimilaridade e seus respectivos dendrogramas obtidos, foram estimadas as correlações entre os pares de matrizes de ordem qualitativa e quantitativa dos conjuntos de dados utilizando o teste de correlação de matrizes de Mantel, com 10000 simulações (MANTEL, 1967) e significância testada pelo teste  $t$ .

Os procedimentos estatísticos foram processados através do aplicativo computacional em genética e estatística, GENES (CRUZ, 2013).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

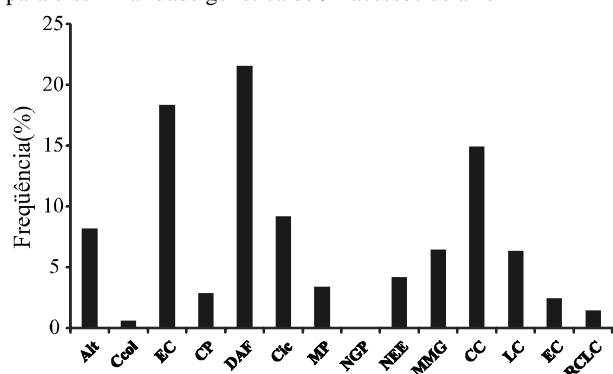
A análise de variância univariada dos caracteres quantitativos (Tabela 2) demonstrou haver diferença significativa a 1% de probabilidade pelo teste F, para todos os 14 caracteres quantitativos analisados neste grupo de acessos, apresentando coeficientes de variação entre 1,88% para o caráter espessura do colmo e 20,71% para o caráter número de espiguetas estéreis por panícula. De imediato, isto indica a presença de variabilidade genética entre os distintos acessos avaliados e possibilita a inclusão dos referidos caracteres nos estudos de distância genética.

A contribuição relativa dos caracteres quantitativos para dissimilaridade genética dos acessos de arroz (Figura 1) pelas distâncias generalizadas de Mahalanobis segundo Singh (1981), demonstrou que os

**Tabela 2** - Resumo da análise de variância dos caracteres quantitativos de 92 acessos de arroz irrigado

FV (GL)	Quadrados Médios													
	Alt	Ccol	EC	CP	DAF	Cic	PP	NGP	NEE	MMG	CC	LC	EC	RCLC
Ano (1)	169,88	134,61	0,12	1,16	186,61	376,78	0,19	3.066,86	180,22	19,68	0,07	0,17	0,04	0,00
Trat (91)	541,2**	502,0**	0,4**	28,8**	419,5**	378,6**	2,1**	1.529,3**	333,3**	55,2**	1,8**	0,4**	0,1**	1,1**
Res (91)	26,26	26,46	0,00	1,13	10,30	13,27	0,11	244,32	24,90	2,82	0,04	0,01	0,00	0,02
Média	96,22	74,74	3,58	21,40	86,03	118,24	3,07	97,87	24,10	28,17	6,67	2,70	1,96	2,59
CV (%)	5,33	6,88	1,88	4,96	3,73	3,08	10,95	15,97	20,71	5,97	4,48	3,04	3,13	5,16

\*\* - significativo a 1% pelo teste F

**Figura 1** - Contribuição relativa dos caracteres quantitativos para dissimilaridade genética de 92 acessos de arroz

Alt - altura de plantas; CCol - comprimento do colmo; EC - espessura do colmo; CP - comprimento de panícula; DAF - dias até a floração; Cic - ciclo cultural; MP - massa de panícula; NGP - número de grãos por panícula; NEE - número de espiguetas estéreis; MMG - massa de mil grãos; CC - comprimento da cariopse; LC - largura da cariopse; EC - espessura da cariopse; RCLC - relação entre comprimento e largura da cariopse

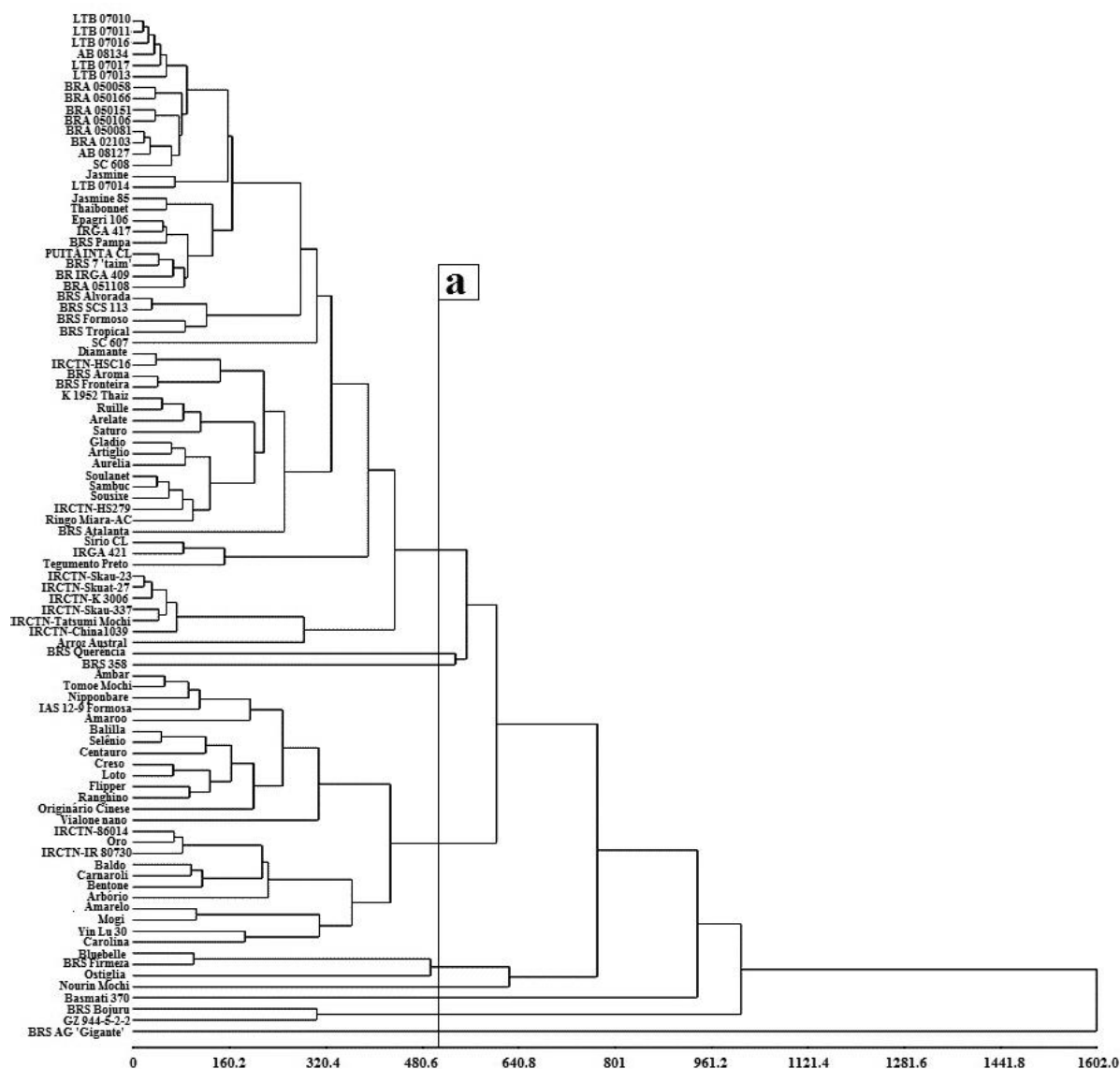
caracteres dias da emergência à floração, espessura do colmo e comprimento da cariopse, foram os que mais discriminaram o grupo de acessos analisados, com 21,54; 18,34 e 14,91%, respectivamente. Estes três caracteres demonstraram uma contribuição superior a 50% para a discriminação destes acessos. Os demais caracteres obtiveram contribuição significativa, no entanto, com menor magnitude. Isto é decorrente principalmente, pela diferenciação evidenciada neste grupo de acessos avaliados com representantes das duas distintas subespécies de *Oryza sativa*: *indica* e *japonica*.

O dendrograma obtido pelas distâncias generalizadas de Mahalanobis (Figura 2) estabeleceu nove grupos distinguíveis entre si quanto às distâncias genéticas presentes, a partir da contribuição relativa dos caracteres avaliados. O coeficiente de correlação cofenética foi de 0,7392 sendo maior que 0,7 preconizado para adequação do método de agrupamento. Pode-se observar que os acessos foram agrupados principalmente

pelos seus respectivas subespécies (*indica* e *japonica*). Os caracteres associados à cariopse (comprimento, largura e espessura) contribuíram com aproximadamente 25% na discriminação dos acessos via análise de contribuição relativa de Singh (Figura 1). Estas diferenças decorrem da história natural das populações, bem como pelo sistema de reprodução. Visando compreender a estrutura genética e interpretar a evolução das relações entre os grupos, Garris *et al.* (2005) avaliaram 234 acessos de arroz que foram genotipados com 169 marcadores microssatélites (SSRs). Detectaram que as diferenças entre as subespécies são comumente explicadas por suas histórias demográficas contrastantes.

O Grupo I foi formado por 57 acessos pertencentes à subespécie *indica*, que apresentam grãos longos e finos, característicos da maioria das cultivares lançadas atualmente, definidos pelos padrões de preferência nacional. Isso pode ser evidenciado pela inclusão nesse grupo das cultivares e linhagens do programa de melhoramento da Embrapa, exceto a BRS Querência e BRS Firmeza, que foram originadas de cruzamentos múltiplos, assim, demonstrando suas maiores variabilidades genéticas existentes. Logo, demonstra a diminuta variabilidade existente entre a maioria dos genótipos cultivados, decorrente do processo de seleção de caracteres importantes para a sobrevivência da população nas condições em que está sendo trabalhada. Segundo Rangel, Guimarães e Neves (1996), apenas seis ancestrais contribuem com 86% dos genes das variedades mais plantadas no Rio Grande do Sul. Isto resulta no chamado “efeito de afunilamento” em termos de diversidade genética, ou seja, a partir de um “background” genético bastante rico, alguns grupos de genes de interesse vão sendo mantidos na população e outros eliminados (MAGALHÃES JÚNIOR, 2007). Este estreitamento do *pool* genético de cultivares tornam as culturas vulneráveis tanto a estresses bióticos e abióticos, assim, prejudicando ganhos genéticos futuros significativos (BRESEGHELLO; COELHO, 2013). A descoberta do *gene sd-1*, responsável pelo porte baixo (semianão) em arroz é o maior exemplo de utilização de uma mesma fonte genética, representada pela variedade

**Figura 2** - Dendrograma obtido a partir das distâncias generalizadas de Mahalanobis quanto aos caracteres quantitativos de 92 acessos de arroz, pelo método de Ligação Média entre Grupo (UPGMA). a) Medida de similaridade média entre grupo = 500,036



Índica Tropical IR8, selecionada do cruzamento entre Peta e a variedade Dee-geo-woo-gen. A inclusão deste caráter nas cultivares de arroz provocou a denominada revolução verde no arroz. Esta nova arquitetura de planta permitiu elevar o potencial de produtividade do arroz, com os lançamentos das cultivares BR IRGA 409 e BR IRGA 410, no Rio Grande do Sul.

Os demais grupos, em sua maioria, contemplaram os acessos constituintes da subespécie japônica, que apresentam o tipo de grão mais arredondado, incluindo o genótipo Nipponbare conhecido mundialmente por esta característica, cujo genoma foi completamente descrito (INTERNATIONAL RICE GENOME SEQUENCING

PROJECT, 2005). Além disso, destaca-se que a maioria dos acessos italianos, bem como os demais de grão intermediário, encontram-se neste grupo, explicado pelo fato de seu consumo ser realizado na forma de “risoto”, característico dos genótipos Arborio e Camaroli que são os mais conhecidos quanto a esse caráter. A cultivar BRS AG “Gigante”, que foi registrada recentemente no Brasil, apresentou elevada distância genética em relação aos demais acessos, principalmente pelos caracteres intrínsecos ao tipo de grão e a arquitetura de planta. Sendo que, apresenta colmos bem robustos e massa de mil grãos entorno de 55,99 g (dobro da maioria das cultivares tradicionais), pois apresenta tamanho de grão bastante

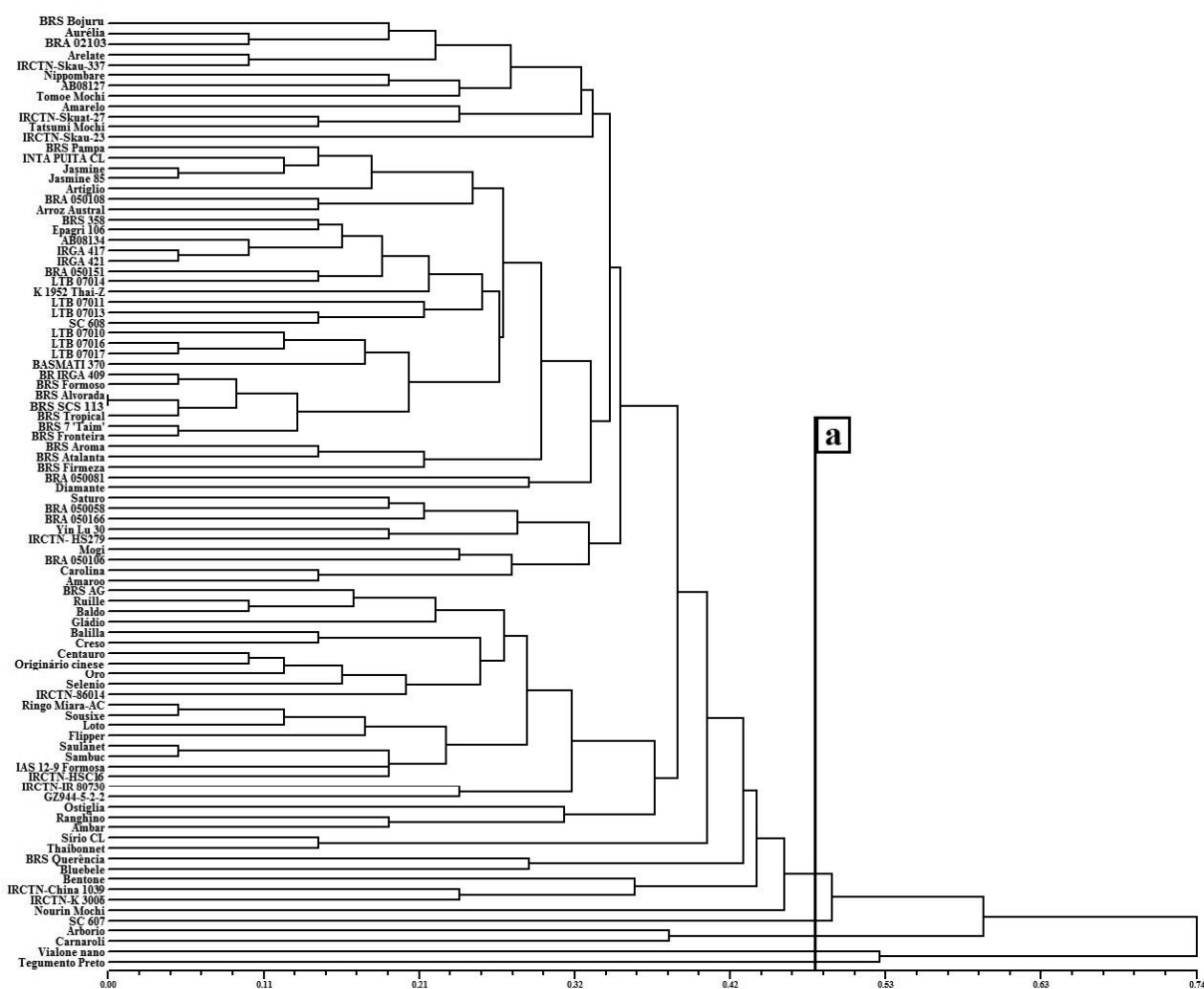
evidenciado (Comprimento cariopse = 7,88 mm e largura cariopse = 3,86 mm). Além disso, sua constituição genética do grão a torna uma excelente opção para uso na alimentação animal e/ou como matéria prima para a produção de energia renovável, como por exemplo a produção de etanol.

Os caracteres qualitativos avaliados na caracterização demonstraram existência de variabilidade para este grupo de acessos, podendo discriminá-los fenotipicamente, em que os acessos estudados revelaram diferenças para a maioria dos caracteres de arroz, exceto para o ângulo dos perfilhos (AP) que não foi observado a presença de classes fenotípicas distintas. Esse fenômeno de representação de todos os acessos com ângulo ereto é decorrente do fato de ser um caráter selecionado desde o processo de domesticação, por estar muito relacionada ao acamamento de plantas, bem como pela introgressão do *gene sd-1* (semianão) oriundo da cultivar IR8 nas cultivares desenvolvidas pós revolução verde. Além disso,

plantas com colmos e folhas eretas podem ser semeadas em espaçamentos menores, com o intuito de aumentar a densidade populacional, assim contribuindo para a redução da interferência de plantas daninhas na cultura (JAKELAITIS *et al.*, 2009).

Conforme pode-se observar no dendrograma da Figura 3, discriminou-se a um nível de similaridade média de 0,4849 cinco grupos distintos, sendo que, apenas o primeiro grupo associou 87 acessos. Isto evidencia a seleção e utilização de genótipos a nível mundial com arquitetura e padrões fenotípicos definidos para a obtenção da máxima atividade fisiológica e expressão genética de cada genótipo. A substituição de plantas de porte alto, baixo perfilhamento, folhas longas e decumbentes, por cultivares de porte baixo, altamente perfilhadoras, com folhas curtas e eretas, foram as mudanças de elevado impacto no potencial de produção da cultura. Evans, Visperas e Vergara (1984), indicam que não ocorreram

**Figura 3** - Dendrograma obtido a partir da matriz de dissimilaridade através dos caracteres qualitativos de 92 acessos de arroz, pelo método de Ligação Média entre Grupo (UPGMA). a) Medida de similaridade média entre grupo = 0,4849



alterações nas taxas de crescimento ou de fotossíntese da cultura, em paralelo com o evidente aumento do índice de colheita e da produtividade, sendo estes benefícios decorrentes basicamente da maior absorção de luz através da copa, derivada de folhas mais eretas.

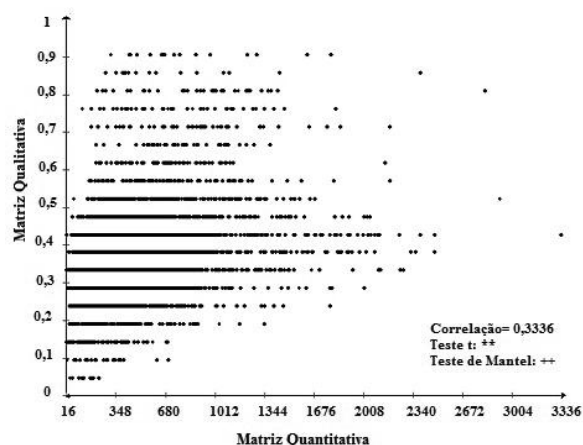
Os demais quatro grupos contemplaram acessos com as maiores distâncias genéticas entre grupo, em que: o genótipo SC 607, que apresenta como principais características fenotípicas distinguíveis a presença de pigmentação de antocianina e coloração de pericarpo preto; os genótipos Arbório e Carnaroli, que são de origem italiana bastante conhecidos pelos seus cultivos, apresentando significativa presença de pigmentação de antocianina nos nós e internódios do colmo, além de apresentarem glumas de coloração distinta do tradicional (manchas marrons em porções da pálea e lema); o genótipo Vialone Nano que é um dos mais distantes dos demais tanto fenotipicamente quanto aos caracteres agrônômicos, por apresentar elevada pigmentação de antocianina nas folhas, colmo, glumas, além de, apresentar cariopse com dimensões maiores e com baixa amilose; e, o genótipo Tegumento Preto que como o SC 607, apresenta pericarpo de coloração preta.

Os agrupamentos da Figura 2 e Figura 3, fornecem parâmetros muito importantes para ajustes na condução dos programas de melhoramento. Pode-se observar a restrita base genética da grande parte das cultivares de arroz irrigado utilizadas. Adorian (2010) agrupou os acessos de arroz de terras altas pelo maior número de caracteres semelhantes, assim, com o aumento do grau de similaridade o número de acessos e a variabilidade dentro do grupo diminuiu. Rajendran (2012) estudou híbridos de arroz por meio da caracterização genotípica com microssatélites (SSR) e verificou baixa variabilidade genética. Esse autor sugeriu ainda o uso de maior quantidade de acessos do germoplasma desta espécie, a fim de ampliar a base genética e maximizar a heterose. Logo, torna-se de fundamental importância o incremento de variabilidade dentro dos programas de melhoramento de forma a evitar que encadeamentos de limitação da base genética, que tornam a cultura mais vulnerável agronomicamente.

As correlações entre os pares de matrizes de ordem qualitativa e quantitativa dos conjuntos de dados (Figura 4) apresentou valor de correlação significativa (0,3336) tanto pelo teste t como de Mantel. No entanto, esta correlação foi de baixa magnitude, logo, a variabilidade a partir do conjunto de dados qualitativos não pode ser extrapolada para o conjunto de dados de natureza quantitativa. A partir disso, pode-se condicionar que o agrupamento destas matrizes não fornece parâmetros favoráveis ao processo de seleção pelos melhoristas. Visto que, obtém-se uma matriz desbalanceada e com baixa inter-relação direta entre

os caracteres qualitativos e quantitativos, mascarando, desta forma, a análise em nível de interesse agrônômico e de processo de melhoramento. A significância de valores de correlação de baixa magnitude deve-se ao elevado número de graus de liberdade para testar os valores de correlação pelo teste t e ao elevado número de observações comparadas nas matrizes de dissimilaridade para o teste Z de Mantel.

**Figura 4** - Gráfico de correlação entre as matrizes qualitativa e quantitativa de distância genética utilizadas na caracterização fenotípica de 92 acessos de arroz irrigado



\*\* : Significativo a 1% de probabilidade pelo teste t; \*\* : Significativo a 1% de probabilidade pelo teste de Mantel baseado em 10000 simulações

## CONCLUSÕES

1. Existe variabilidade fenotípica entre os acessos de arroz analisados, no entanto, os genótipos cultivados no Rio Grande do Sul demonstraram estreita base genética;
2. As análises multivariadas constituem uma ferramenta de alta fundamentação para auxiliar na caracterização de acessos de arroz irrigado;
3. Os descritores apresentaram-se adequados para a caracterização dos acessos de arroz irrigado, mesmo existindo alguns caracteres qualitativos que contemplam interpretações subjetivas.

## AGRADECIMENTOS

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão da bolsa de estudo e à Embrapa Clima Temperado pelo aporte de infraestrutura e fornecimento de sementes.



## REFERÊNCIAS

- ADORIAN, G. C. **Caracterização da diversidade fenotípica existente em uma coleção nuclear de arroz de terras altas**. 2010. 63 f. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) - Universidade Federal do Tocantins, Campus de Gurupi, Gurupi, 2010.
- AREIAS, R. G. B. M. *et al.* Similaridade genética de variedades crioulas de arroz, em função da morfologia, marcadores RAPD e acúmulo de proteína nos grãos. **Bragantia**, v. 65, n. 1, p. 19-28, 2006.
- BENITEZ, L. C. *et al.* Análise multivariada da divergência genética de genótipos de arroz sob estresse salino durante a fase vegetativa. **Revista Ciência Agronômica**, v. 42, n. 2, p. 409-416, 2011.
- BERTAN, I. *et al.* Morphological, pedigree, and molecular distances and their association with hybrid wheat performance. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 44, n. 2, p. 155-163, 2009.
- BRESEGHELLO, F.; COELHO, A. S. G. Traditional and modern plant breeding methods with examples in rice (*Oryza sativa* L.). **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v. 61, p. 8277-8286, 2013.
- CEOLIN, A. C. G. *et al.* Genetic divergence of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) group Carioca using morpho-agronomic traits by multivariate analysis. **Hereditas**, v. 144, p. 1-9, 2007.
- COIMBRA, R. R. *et al.* Caracterização e divergência genética de populações de milho resgatadas do Sudeste de Minas Gerais. **Revista Ciência Agronômica**, v. 41, n. 1, p. 159-166, 2010.
- CRUZ, C. D. GENES: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**, v. 35, n. 3, p. 271-276, 2013.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa, MG: UFV, 2012. v. 1, 514 p.
- EVANS, L. T.; VISPERAS, R. M.; VERGARA, B. S. Morphological and physiological changes among rice varieties used in the Philippines over the last seventy years. **Field Crops Research**, v. 8, n. 1/2, p. 105-124, 1984.
- GARRIS, A. J. *et al.* Genetic structure and diversity in *Oryza sativa* L. **Genetics**, v. 169, p. 1631-1638, 2005.
- GOWER, J. C. A general coefficient of similarity and some of its properties. **Biometrics**, v. 27, p. 857-871, 1971.
- HOSANS, M. *et al.* Genetic divergence in landraces of Bangladesh rice (*Oryza sativa* L.). **The Agriculturists: A Scientific Journal of Krishi Foundation**, v. 8, n. 2, p. 28-34, 2010.
- INTERNATIONAL RICE GENOME SEQUENCING PROJECT. The map-based sequence of the rice genome. **Nature**, v. 436, p. 793-800, 2005.
- JAKELAITIS, A. *et al.* Resposta de duas cultivares de arroz de terras altas ao espaçamento entre linhas e a convivência com plantas daninhas. **Global Science and Technology**, v. 2, n. 3, p. 16-28, 2009.
- MAGALHÃES JÚNIOR, A. M. **Recursos genéticos de arroz (*Oryza sativa* L.) no Sul do Brasil**. 2007. 160 f. Tese (Doutorado em Ciências) - Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, 2007.
- MAHALANOBIS, P. C. On the generalized distance in statistics. **Proceedings National Institute of Science**, v. 12, p. 49-55, 1936.
- MANTEL, N. The detection of disease clustering and a generalized regression approach. **Cancer Research**, v. 27, n. 2, p. 209-220, 1967.
- MARTINS, A. F. *et al.* Variabilidade para caracteres morfológicos em mutantes de arroz. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 26, n. 6, p. 1215-1223, 2005.
- MCCOUCH, S. R. Diversifying selection in plant breeding. **Plos Biology**, v. 2, p. 1507-1512, 2004.
- MENEZES, I. P. P. *et al.* Distância genética entre linhagens avançadas de germoplasma de algodão com uso de marcadores de RAPD e microssatélites. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 43, n. 10, p. 1339-1347, 2008.
- RAJENDRAN, N. *et al.* DNA fingerprinting and estimation of genetic diversity among hybrid rice parental lines (*Oryza sativa* L.) using simple sequence repeats (SSR) markers. **Journal of Plant Breeding and Crop Science**, v. 4, n. 11, p. 169-174, 2012.
- RANGEL, P. H. N.; GUIMARÃES, E. P.; NEVES, P. C. F. Base genética das cultivares de arroz (*Oryza sativa* L.) irrigado do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 31, n. 5, p. 349-357, 1996.
- SILVA, E. F. *et al.* Divergência fenotípica entre genótipos de arroz de terras altas. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 6, n. 2, p. 280-286, 2011.
- SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**, v. 41, p. 237-245, 1981.
- SOKAL, R. R.; ROHLF, F. J. The comparison of dendrograms by objective methods. **Taxon**, v. 11, n. 1, p. 30-40, 1962.
- VANNIARAJAN, C.; VINOD, K. K.; PEREIRA, A. Molecular evaluation of genetic diversity and association studies in rice (*Oryza sativa* L.). **Journal of Genetics**, v. 91, n. 1, p. 9-19, 2012.
- VIEIRA, E. A.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, A. C. Comparação entre medidas e distância genealógica, morfológica e molecular em aveia em experimentos com e sem a aplicação de fungicida. **Bragantia**, v. 64, n. 1, p. 51-60, 2005.