

Caracterização de Acessos de Arroz (*Oryza sativa* L.) Através de Análise Estatística de Imagens Digitais

Vinícius Maciel Carvalho¹, Ester Marques Magalhães Teixeira² e Flávio Breseghello³

- ¹ Graduando em Ciências Biológicas, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO
- ² Graduanda em Agronomia pela Universidade Federal de Viçosa, Campus Rio Paranaíba, Rio Paranaíba, MG
- ³ Engenheiro-agrônomo, Ph.D. em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

Resumo - Sementes dos acessos do banco de germoplasma de arroz são rotineiramente fotografadas para registro no sistema Alelo. A caracterização dos acessos permite melhor compreensão sobre o acervo e facilita o uso dos recursos genéticos no melhoramento. Foi desenvolvido um novo método para obter valores numéricos de descritores morfológicos dos grãos, pela análise estatística das fotografias digitais, no ambiente R. Com o objetivo de validar o novo método, comparamos dados de comprimento e largura dos grãos de uma amostra composta de cinco sementes representativas de dez acessos morfológicamente contrastantes, obtidos com paquímetro e com a análise de imagens. A correlação entre os dois métodos, no nível de média de acesso, foi de 99,5% para o comprimento, e 99,3% para a largura dos grãos. As diferenças de médias (paquímetro - foto) foi de 0,16 mm para comprimento e de -0,13 mm para largura, significativas pelo teste t, porém de magnitude muito pequena. O método proposto permite ainda inferir a forma dos grãos pela relação comprimento/largura, a presença de aristas pela relação área/perímetro e a cor dos grãos pelos valores de RGB. O novo método é rápido, resulta em dados condizentes com a real diversidade morfológica dos grãos no acervo do banco de germoplasma (BAG) de Arroz e tem potencial para uso também no BAG Feijão. O método foi convertido em um procedimento operacional padrão (POP), cuja aplicação rotineira resultará em uma base de dados morfológicos dos grãos dos acessos conservados, permitindo a busca de recursos genéticos de interesse por critérios quantitativos.