

Dissimilaridade genética de fontes de resistência de *Oryza sativa* a *Tibraca limbativentris* Stal, 1860 (Heteroptera:Pentatomidae)

Joseane Rodrigues de Souza¹, Evane Ferreira², Alberto Cargnelutti Filho³, Evandro Ferreira das Chagas⁴, Renata Alves Meira Massaro⁵, Alba Albertina Sarmiento Maciel⁶, Diogo Herison Silva Sardinha⁶, Erica Renyelle Silva Torres⁶, Keneson Klay Gonçalves Machado⁶ e José Alberto Carvalho Filho⁶

Introdução

A cultura do arroz no estado do Maranhão é uma das principais atividades de subsistência e a principal fonte alimentar do produtor rural, sendo 52% da produção oriunda de lavouras com utilização de baixo nível de tecnologia (Mendez Del Villar *et al.* [1]). No que tange aos aspectos fitossanitários, essa cultura conta com uma série de fatores adversos, dentre os quais se destaca sobremaneira o percevejo-do-colmo (*Tibraca limbativentris* Stal, 1860) que pode em determinadas condições, causar prejuízos de até 90% na produtividade de grãos. Além disso, devido aos seus hábitos de vida, mesmo quando identificado a tempo, é de difícil controle (Ferreira *et al.* [2]). A fim de buscar sustentabilidade dos sistemas produtivos de arroz no estado do Maranhão, é de fundamental importância o desenvolvimento de variedades resistentes a *T. limbativentris* visando principalmente a redução dos custos operacionais e riscos de contaminação dos agroecossistemas mediante o uso abusivo de agroquímicos (Lara [3]). Este trabalho objetivou avaliar a dissimilaridade genética entre 15 genótipos de *Oryza sativa* por meio do método de otimização de Tocher com base na distância generalizada de Mahalanobis, a fim de orientar futuros programas de melhoramento visando resistência a *T. limbativentris*.

Material e métodos

Foram utilizados 15 genótipos de arroz (1 - Arroz Misturado, 2 - Agulha, 3 - Arroz Comum, 4 - Branco Tardão, 5 - Bico Ganga, 6 - Come Cru Vermelho, 7 - Cutiã, 8 - Desconhecido Branco, 9 - Gojoba Ligeiro, 10 - Marabá Branco, 11 - Nenenzinho, 12 - Pingo D'água, 13 - Taboca, 14 - Vermelho e 15 - Vermelho Agulha) provenientes de diversas regiões geográficas do estado do Maranhão. O experimento foi conduzido no período de dezembro de 2004 a abril de 2005, em casa de vegetação, na EMBRAPA/CNPAF em delineamento experimental de blocos ao acaso, com oito repetições. Os caracteres avaliados foram: número de insetos por planta (NI), número de corações mortos

visíveis (CMV) e invisíveis (CMI) por planta, número de colmos iniciais (CI) e finais (CF) por parcela, massa seca total (MST) e individual (MSI) e superfície corporal total (SCT) e individual (SCI) de *T. limbativentris*. As análises estatísticas tais como: análise de variância, teste de Scott-Knott (Scott & Knott [4]) para comparação de médias, cálculo da distância Generalizada de Mahalanobis (D^2) e o agrupamento pelo método de otimização de Tocher, foram realizadas utilizando-se o programa computacional Genes (Cruz [5]).

Resultados

O efeito de genótipos foi significativo ($p = 0,05$) em relação aos caracteres número de insetos por planta (NI), número de corações mortos invisíveis (CMI) por planta e número de colmos iniciais (CI) evidenciando presença de variabilidade genética (Tabela 1). Em relação a esses caracteres, as médias dos genótipos foram separadas em dois grupos pelo teste de Scott-Knott a 5% de significância. Para os demais caracteres - número de corações mortos visíveis (CMV) por planta, número de colmos finais (CF) por parcela, massa seca total (MST) e individual (MSI) de *Tibraca limbativentris*, superfície corporal total (SCT) e individual (SCI) de *Tibraca limbativentris* - não houve diferença significativa entre os genótipos.

As medidas de dissimilaridade genética, estimadas pela distância generalizada de Mahalanobis (D^2), entre os pares de genótipos estudados (Tabela 2), mostraram que os genótipos “Agulha” e “Gojoba Ligeiro” foram os mais dissimilares, e os genótipos “Pingo D'água” e “Vermelho” os mais similares. A análise de agrupamento pelo método de otimização de Tocher (Tabela 3) separou os quinze genótipos em cinco grupos distintos, sendo o grupo I formado pelos genótipos: “Pingo D'água”, “Vermelho”, “Nenenzinho”, “Gojoba Ligeiro”, “Come Cru Vermelho”, “Taboca”, “Cutiã” e “Branco Tardão”; o grupo II composto pelos genótipos: “Arroz Misturado” e “Desconhecido Branco”; o grupo III formado pelos genótipos: “Agulha”, “Vermelho Agulha” e “Marabá Branco”; o grupo IV pelo genótipo “Arroz Comum”; e o grupo V formado pelo genótipo “Bico Ganga”.

1. Mestranda em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal, SP, CEP 14849-900. E-mail: joseaneagro@yahoo.com.br

2. Ex-Pesquisador (In-memoriam) Embrapa Arroz e Feijão/CNPAF. Caixa Postal 179, CEP 753756-000. E-mail: evane@cnpaf.embrapa.br

3. Professor, Departamento de Ciências Exatas, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias (FCAV), Universidade Estadual Paulista (UNESP), Jaboticabal, SP, CEP 14884-900. E-mail: cargnelutti@fcav.unesp.br

4. Professor, Departamento de Fitotecnia e Fitossanidade, Universidade Estadual do Maranhão, São Luís, MA. Caixa Postal 09 CEP 65000-000 E-mail: evandro@uema.br

5. Mestranda em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal, SP, CEP 14849-900. E-mail: renatameira_bio@yahoo.com.br

6. Estudante de Agronomia, Universidade Estadual do Maranhão, São Luís, MA. Caixa Postal 09 CEP 65000-000 E-mail: assmaciel@yahoo.com.br, diogoherson@yahoo.com.br, ericarenelle@hotmail.com, kenesonk@yahoo.com.br, josealbertofilho@yahoo.com.br

Apoio financeiro: EMBRAPA ARROZ E FEIJÃO e UEMA.

Em programas de melhoramento que visam resistência à *T. limbativentris* genótipos com menor número de insetos por planta (NI), menor número de corações mortos visíveis (CMV) e invisíveis (CMI) por planta, menor massa seca total (MST) e individual (MSI) e menor superfície corporal total (SCT) e individual (SCI) de *T. limbativentris* devem ser preferidos. Assim, de maneira geral, pode-se inferir que os cruzamentos entre os genótipos do grupo II - “Arroz Misturado” e “Desconhecido Branco” e do grupo III - “Agulha”, “Vermelho Agulha” e “Marabá Branco” – serão os mais promissores.

Discussão

No estudo da divergência genética, o grau de dissimilaridade entre os indivíduos dentro ou entre espécies, ou entre genótipos dentro de uma população melhorada, pode ser estimado por meio de técnicas multivariadas, como: análise por componentes principais, variáveis canônicas e análise de agrupamento (Suinaga *et al.* [6]). Esta procura discriminar geneticamente os indivíduos ou objetos, permitindo separá-los em grupos de tal forma que exista homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos. Em programas de melhoramento é necessário que os genitores tenham ampla dissimilaridade genética entre si e médias favoráveis para os caracteres alvo de melhoramento. A utilização de genótipos com a máxima dissimilaridade genética deve ser priorizado de modo a maximizar a heterose manifestada nos híbridos, aumentando assim a possibilidade de ocorrência de segregantes de valor (Pereira & Cruz [7]). No momento da escolha dos genótipos a serem cruzados, deve-se levar em consideração se os genitores pertencem a grupos diferentes, evitando-se assim o cruzamento de

genótipos de mesmo grupo (Pereira & Cruz [7]). Com base na dissimilaridade genética entre os genótipos de *Oryza sativa* e nos caracteres de resistência ao ataque da *T. limbativentris*, merecem especial atenção a utilização dos genótipos do grupo II - “Arroz Misturado” e “Desconhecido Branco” e do grupo III - “Agulha”, “Vermelho Agulha” e “Marabá Branco”. Destacam-se ainda, de maneira geral, caracteres mais favoráveis nos genótipos do grupo II - “Arroz Misturado” e “Desconhecido Branco” e, portanto esses merecem destaque especial em futuros programas de melhoramento.

Agradecimentos

A Embrapa Arroz e Feijão e a UEMA. Ao ilustre Dr. Evane Ferreira (in memoriam) que com compreensão e humildade contribuiu para a conclusão desta pesquisa.

Referências

- [1] MENDEZ DEL VILLAR, P.; DUCOS, A.; FERREIRA, N.L.S.; PEREIRA, J.A.; YOKOYAMA, L. P. 2001. Cadeia produtiva do arroz no Estado do Maranhão. EMBRAPA MEIO-NORTE, Teresina. 136p.
- [2] FERREIRA, E.; ZIMMERMANN, F. J. D.; SANTOS, A. B.; NEVES, B. P. 1997. O percevejo do colmo na cultura do arroz. EMBRAPA-CNPAP, Goiânia. 43 p.
- [3] LARA, F.M. 1991. Princípios de resistência de plantas aos insetos. 2 ed. São Paulo: Icone, 336p.
- [4] SCOTT, A.J. & KNOTT, M.A. 1974. A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. Biometrics, n.3, p.507-512.
- [5] CRUZ, C.D. 2001. Programa GENES - versão windows. Aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa: UFV, 648p.
- [6] SUINAGA, F. A.; CASALI, V. W. D.; SILVA, D. J. H.; PISCANÇO, M. C. Dissimilaridade Genética de Fontes de Resistência de *Lycopersicon Spp* a *Tuta absoluta* (Meyrick, 1917) (Lepidoptera: Gelechiidae)
- [7] PEREIRA, J.J. & CRUZ, C.D. 2003. Comparação de métodos de agrupamento para o estudo da diversidade genética de cultivares de arroz. Revista Ceres, Viçosa, n.287, p.41-60.

Tabela 1. Análise de variância dos caracteres número de insetos por planta (NI), número de corações mortos visíveis (CMV) e invisíveis (CMI) por planta, número de colmos iniciais (CI) e finais (CF) por parcela, massa seca total (MST) e individual (MSI), superfície corporal total (SCT) e individual (SCI) de *Tibraca limbativentris*, média, coeficiente de variação (CV) e teste de Scott-Knott de quinze genótipos de arroz (*Oryza sativa* L.). Santo Antônio de Goiás, GO. 2005.

Fonte de Variação	GL	Quadrado Médio ⁽¹⁾								
		NI	CMV	CMI	CI	CF	MST (mg)	MSI (mg)	SCT (mm ²)	SCI (mm ²)
Blocos	7	20,35*	405,14*	13,79*	16,61*	426,85*	240459,35*	9854,58*	373258,40*	15930,94*
Genótipos	14	4,13*	10,07ns	3,85*	9,64*	51,62ns	4352,63ns	57,61ns	20803,58ns	120,61ns
Resíduo	98	1,94	12,70	1,40	4,61	29,20	5454,82	95,39	11672,42	107,26
Média	-	5,73	11,93	4,68	14,04	23,88	203,64	39,67	332,97	63,17
CV (%)	-	24,30	29,86	25,29	15,29	22,63	36,27	24,62	32,45	16,39

Genótipo ⁽²⁾	NI	CMV	CMI	CI	CF	MST (mg)	MSI (mg)	SCT (mm ²)	SCI (mm ²)
1) Arroz Misturado	5,25 b	11,13	5,00 a	14,88 a	25,63	190,01	40,88	255,00	54,84
2) Agulha	5,13 b	11,13	3,88 b	13,25 b	20,50	185,21	40,06	318,00	65,63
3) Arroz Comum	5,25 b	12,00	4,13 b	16,25 a	23,13	185,68	39,40	320,25	65,96
4) Branco Tardão	5,50 b	12,50	4,13 b	13,63 b	26,00	189,41	39,32	330,38	65,95
5) Bico Ganga	6,75 a	14,75	4,38 b	16,13 a	29,00	202,18	34,37	391,75	62,72
6) Come Cru Vermelho	5,25 b	10,50	5,88 a	12,88 b	23,00	189,56	40,81	303,75	63,69
7) Cutiã	6,00 a	12,38	5,13 a	14,38 b	27,25	243,94	41,89	398,38	68,14
8) Desconhecido Branco	4,63 b	11,63	5,00 a	14,88 a	24,88	174,51	38,60	249,88	55,93
9) Gojoba Ligeiro	6,00 a	11,50	5,75 a	14,00 b	24,25	204,85	37,28	334,50	61,43
10) Marabá Branco	4,88 b	11,50	3,88 b	13,63 b	22,75	184,46	45,30	265,50	63,17
11) Nenenzinho	6,75 a	11,63	4,75 a	13,00 b	21,50	214,24	36,09	370,25	61,65
12) Pingo D'água	6,50 a	13,00	4,75 a	13,63 b	25,50	239,76	40,28	391,25	65,56
13) Taboca	5,25 b	10,63	4,88 a	14,25 b	21,13	195,45	42,52	321,13	67,84
14) Vermelho	6,75 a	13,38	5,25 a	12,75 b	23,63	248,71	40,56	402,88	64,61
15) Vermelho Agulha	6,00 a	11,38	3,50 b	13,13 b	20,13	206,59	37,65	341,63	60,42

⁽¹⁾* Significativo pelo teste F, a 5% de probabilidade. ns = não significativo

⁽²⁾ Médias não seguidas de mesma letra nas colunas diferem entre si pelo teste Scott-Knott a 5% de significância.

Tabela 2. Distância generalizada de Mahalanobis (D²) entre quinze genótipos de arroz (*Oryza sativa* L.).

Genótipo ⁽¹⁾	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
1	6,09	3,91	3,39	4,70	2,70	3,09	0,76	2,10	3,62	4,31	3,01	3,65	4,65	5,86
2		2,70	1,57	5,93	4,11	3,46	4,40	6,36	1,20	3,84	3,15	1,70	3,92	0,92
3			2,83	3,46	4,60	2,72	2,78	4,17	3,16	4,29	3,09	1,30	4,94	3,49
4				2,97	2,79	1,56	2,89	4,11	1,17	3,21	1,49	2,17	3,06	2,30
5					5,41	3,19	4,85	4,67	5,55	4,59	3,27	4,67	4,76	6,05
6						1,93	2,59	1,32	3,76	2,62	2,10	1,66	2,05	5,28
7							2,85	2,31	3,51	3,16	1,02	1,70	2,40	4,28
8								2,78	2,97	4,98	3,42	2,88	4,98	5,06
9									5,93	1,76	1,62	2,52	2,00	6,05
10										4,55	3,07	2,31	4,29	2,05
11											0,94	2,36	0,77	2,49
12												1,77	0,69	2,61
13													2,39	2,79
14														3,31

D² máximo = 6,36 (Genótipos 2 e 9) – mais dissimilares; D² mínimo = 0,69 (Genótipos 12 e 14) – mais similares

⁽¹⁾ 1) Arroz Misturado; 2) Agulha; 3) Arroz Comum; 4) Branco Tardão; 5) Bico Ganga; 6) Come Cru Vermelho; 7) Cutiã; 8) Desconhecido Branco; 9) Gojoba Ligeiro; 10) Marabá Branco; 11) Nenenzinho; 12) Pingo D'água; 13) Taboca; 14) Vermelho e 15) Vermelho Agulha.

Tabela 3. Médias dos caracteres número de insetos por planta (NI), número de corações mortos visíveis (CMV) e invisíveis (CMI) por planta, número de colmos iniciais (CI) e finais (CF) por parcela, massa seca total (MST) e individual (MSI), superfície corporal total (SCT) e individual (SCI) de *Tibraca limbativentris*, nos grupos formados pelo método de otimização de Tocher, em quinze genótipos de arroz (*Oryza sativa* L.). Santo Antônio de Goiás, GO. 2005.

Grupo	Genótipo ⁽¹⁾	NI	CMV	CMI	CI	CF	MST (mg)	MSI (mg)	SCT (mm ²)	SCI (mm ²)
I	12, 14, 11, 9, 6, 13, 7 e 4	6,00	11,94	5,06	13,56	24,03	215,74	39,84	356,56	64,86
II	1 e 8	4,94	11,38	5,00	14,88	25,25	182,26	39,74	252,44	55,39
III	2, 15 e 10	5,33	11,33	3,75	13,33	21,13	192,09	41,00	308,38	63,07
IV	3	5,25	12,00	4,13	16,25	23,13	185,68	39,40	320,25	65,96
V	5	6,75	14,75	4,38	16,13	29,00	202,18	34,37	391,75	62,72

⁽¹⁾ 1) Arroz Misturado; 2) Agulha; 3) Arroz Comum; 4) Branco Tardão; 5) Bico Ganga; 6) Come Cru Vermelho; 7) Cutiã; 8) Desconhecido Branco; 9) Gojoba Ligeiro; 10) Marabá Branco; 11) Nenenzinho; 12) Pingo D'água; 13) Taboca; 14) Vermelho e 15) Vermelho Agulha.