



IDENTIFICAÇÃO DE VARIABILIDADE GENOTÍPICA EM ARROZ (*Oryza sativa* L.) QUANTO AO SISTEMA RADICULAR

ZIMMER, Cristiano Mathias¹; MISTURA, Claudete Clarice¹; TESSMANN, Elisane Weber¹; MEZZALIRA, Itamara¹; MAGALHÃES JÚNIOR, Ariano²; COSTA DE OLIVEIRA, Antonio¹; CARVALHO, Fernando I. F.¹.

¹Deptº de Fitotecnia - Centro de Genômica e Fitomelhoramento – FAEM/UFPel
Campus Universitário – Caixa Postal 354 – CEP 96010-900

²EMBRAPA, CPACT. cmz.zimmer@gmail.com

1. INTRODUÇÃO

O arroz (*Oryza sativa* L.) é um dos cereais mais cultivados mundialmente, ocupando posição de destaque do ponto de vista socioeconômico. Este fato é devido ao arroz ser um alimento nutritivo, rico em carboidratos e fornecer vários subprodutos. Além disto, participa da dieta de mais da metade da população mundial (ABADIE et al., 2005, RODRIGUES & ANDO, 2002). A orizicultura brasileira ocupa uma posição de destaque, representando, em média, 20% do total de grãos colhidos anualmente (DARIO et al., 2004). Estima-se que até o ano de 2025 a população brasileira será de 237 milhões de pessoas, de modo que será necessário aumentar a produção de arroz em aproximadamente 60% em relação à produção atual, apenas considerando o atendimento do consumo interno (IRRI, 1994). O estudo do sistema radicular das espécies vegetais utilizadas na agricultura é de fundamental importância para esclarecimentos científicos referentes a sua distribuição, extensão e produção agrícola. As raízes apresentam distribuição variável de acordo com as espécies, cultivares, idade da planta, características químicas e físicas do solo, tratos culturais e condições fitossanitárias (FRACARO & PEREIRA, 2004). Relacionado a isto, objetivou-se com este trabalho caracterizar diferentes genótipos de arroz, visando verificar a presença de variabilidade para caracteres associados ao sistema radicular e identificar genótipos contrastantes para estes caracteres, para futuramente serem utilizados em cruzamentos.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Na safra agrícola 2008/09 foram avaliados doze genótipos de arroz, obtidos da coleção do programa de melhoramento genético de arroz da Embrapa Clima Temperado. Os genótipos foram cultivados em casa de vegetação pertencente ao Centro de Genômica e Fitomelhoramento da Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel/Universidade Federal de Pelotas e foram avaliados no estádio de desenvolvimento vegetativo. O delineamento experimental utilizado foram blocos

casualizados com três repetições, tendo três plântulas por repetição. No estágio V8 foram avaliados os caracteres comprimento de raiz (CR) e número de raízes (NR). Após a desidratação dos tecidos vegetais em estufa a 65°C, foram medidas as matérias secas de parte aérea (MSPA) e do sistema radicular (MSR) separadamente. Os dados referentes aos caracteres avaliados foram submetidos à comparação de médias pelo teste de Scott e Knott (SCOTT & KNOTT, 1974), em nível de 5% de probabilidade de erro. As análises estatísticas foram realizadas por meio do programa computacional Genes (CRUZ, 2001). Com base nas matrizes de distâncias genéticas geradas, foi construído o dendrograma, utilizando o método de agrupamento das médias das distâncias (UPGMA).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Considerando os dados obtidos na comparação de médias pelo teste de Scott-Knott para as variáveis número de raízes (NR) e matéria seca de parte aérea (MSPA) não foi observada diferença significativa entre os genótipos testados (Tabela 1).

Já para o caráter comprimento de raiz (CR), os genótipos SCS BRS 112, SC 4 e IRGA 417 apresentaram médias superiores aos demais genótipos.

Quanto ao caráter matéria seca de raiz (MSR), apresentaram melhor resultado os genótipos IRGA 417, TF 448, EPAGRI 107, IR 8 e Ligeirão.

O genótipo IRGA 417 foi superior aos demais genótipos quando considerado os caracteres comprimento de raiz (CR) e matéria seca das raízes (MSR), sugerindo que este genótipo possui um sistema radicular mais desenvolvido.

A análise do dendrograma indica que os genótipos IRGA 417, SC 4 e SCS BRS 112 diferem dos demais. Entretanto, o genótipo SC 4 e SCS BRS 112 são geneticamente próximos entre si. Os genótipos com maior similaridade foram os genótipos Qualimax (6) e Supremo 1 (8) (Figura 1).

4. CONCLUSÃO

De acordo com os resultados obtidos, pode-se concluir que os genótipos estudados diferem quanto aos caracteres comprimento de raiz (CR) e matéria seca de raiz (MSR).

Os genótipos IRGA 417, SC 4 e SCS BRS 112 são mais distantes geneticamente dos demais genótipos quanto aos caracteres morfológicos analisados.

Tabela 1. Análise de comparação de médias das variáveis Número de Raízes (NR), Comprimento de Raiz (CR), Matéria Seca de Raiz (MSR) e Matéria Seca de Parte Aérea (MSPA), de plântulas de arroz (*Oryza sativa* L.) comparadas pelo teste de SCOTT e KNOTT com 5% de probabilidade de erro. CGF/FAEM/UFPel – Pelotas/RS, 2009.

GENÓTIPO	NR	CR	MSR	MSPA
1- Ligeirinho	13.00 a	9.21 b	0.08 b	0.48 a
2- Cica 4	10.99 a	9.64 b	0.11 b	0.62 a
3- TF 448	12.13 a	7.31 b	0.22 a	0.45 a
4-Ligeirão	12.99 a	9.72 b	0.15 a	0.64 a
5- IRGA 417	16.88 a	12.71 a	0.22 a	0.88 a
6- Qualimax	12.22 a	8.41 b	0.05 b	0.44 a
7- IR 8	8.55 a	8.97 b	0.16 a	0.33 a
8- Supremo 1	12.44 a	8.78 b	0.02 b	0.48 a
9- EPAGRI 107	10.55 a	10.89 b	0.21 a	0.56 a
10- SC 4	13.44 a	12.91 a	0.05 b	0.69 a
11- Oryzica 1	10.22 a	9.70 b	0.04 b	0.43 a
12- SCS BRS 112	12.55 a	13.6 a	0.07 b	0.50 a

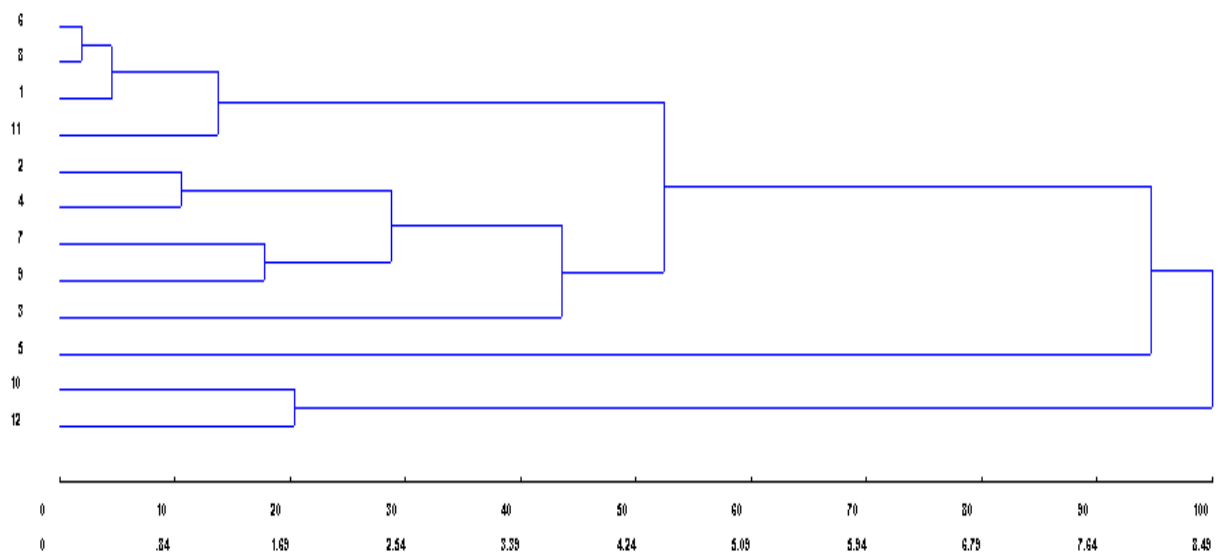


Figura 1. Dendrograma obtido a partir da análise dos dados morfológicos de doze genótipos de arroz (*Oryza sativa* L.) utilizando a distância de Mahalanobis como média de distância genética, a partir dos caracteres Número de Raízes (NR), Comprimento de Raiz (CR), Matéria Seca de Raiz (MSR) e Matéria Seca da Parte Aérea (MSPA), pelo método de agrupamento UPGMA, FAEM/UFPel, Pelotas/RS, 2009.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABADIE, T.; CORDEIRO, C. M. T.; FONSECA, J. R.; ALVES, R. B. N.; BURLE, M. L.; BRONDANI, C.; RANGEL, P. H. N.; CASTRO, E. M.; SILVA, H. T.; FREIRE, M. S.; ZIMMERMANN, J. P. Construção de uma coleção nuclear de arroz para o Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, p.129-136, 2005.
- CRUZ, C. D. **Programa GENES**: versão Windows: aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa: UFV, 648p. 2001.
- DARIO, G. J. A.; NETO, D. D.; MARTIN, T. N.; BONNECARRÉRE, R. A. G.; MANFRON, P. A.; FAGAN, E. B.; CRESCO, P. E. N. Influência do uso de fitorreguladores no crescimento do arroz irrigado. **Revista da Faculdade de Zootecnia, Veterinária e Agronomia**, v.11, n.1, p.183-194, 2004.
- FAO – **Food and Agriculture Organization of United Nation**. FAOSTAT Database Results. Rome (Itali): 2007. Acesso em 19 de agosto de 2007. Disponível em <<http://apps.fao.org/page/form?collection=Production>>
- FRACARO, A. A.; PEREIRA, F. M. Distribuição do sistema radicular da goiabeira 'Rica' produzida a partir de estaquia herbácea. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.26, n.1, p.183-185, 2004.
- International Rice Research Institute. 1994. Rice facts. Manila, Philippines: IRRI.
- RODRIGUES, L. R. F.; ANDO, A. Caracterização e avaliação de três grupos de arroz-de-sequeiro de diferentes procedências por meio da sensibilidade à radiação gama. **Bragantia**, Campinas, v.61, n.1, p.17-23, 2002.
- SCOTT, A. J.; KNOTT, M. A. Cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, Washington, v.30, p.507-512, Sept. 1974.