DISSIMILARIDADE GENÉTICA EM ARROZ DE SEQUEIRO SOB ENCHARCAMENTO

GENETIC DISSIMILARITY IN UPLAND RICE ASSESSED UNDER FLOODING

ZIMMER, Paulo D.¹; OLIVEIRA, Antonio C. de²; CARVALHO, Fernando I. F. de ²; KOPP, Maurício M.³; FREITAS, Fabio A. de⁴; MATTOS, Luiz A. T. de⁵

RESUMO

O arroz está se constituindo numa espécie modelo para estudos genéticos, principalmente em função do tamanho pequeno do seu genoma, da colinearidade com outros cereais e da importância econômica e social que ele possui. Além disso, a particularidade de ser cultivado sob encharcamento e em terras altas, torna o arroz importante para o entendimento dos mecanismos que controlam a adaptabilidade das plantas. Nesse estudo comparou-se o desempenho de 59 genótipos de arroz de segueiro submetidos ao encharcamento, como forma de separar essas constituições genéticas e incluí-las no programa de melhoramento genético de arroz da UFPel. Dois tratamentos foram utilizados, no tratamento um (controle), o solo foi mantido com umidade próximo da capacidade de campo, já para o tratamento dois, o solo foi mantido sob saturação com água (encharcamento). Após 30 dias de cultivo, quatro variáveis foram mensuradas, comprimento e matéria seca de raiz e comprimento e matéria seca de parte aérea. Para a análise dos resultados, o teste de Scott-Knott e a análise multivariada foram empregados a fim de comparar as médias e os tratamentos, respectivamente. Observou-se dissimilaridade entre todos os genótipos estudados para as duas condições ambientais, porém sob encharcamento, a dissimilaridade foi maior. A variável comprimento de parte aérea contribuiu mais para essa dissimilaridade, nas duas condições testadas. Porém com base no teste de Scott-Knott, a variável matéria seca de raiz contribuiu mais efetivamente para a separação dos genótipos.

Palavras-chave: **Oryza sativa**; tolerância ao encharcamento; análise multivariada.

INTRODUÇÃO

A cultura do arroz assume um papel fundamental na alimentação humana de várias regiões do mundo. O último dado referente à produção deste cereal, fornecido pela FAO, indica uma produção mundial anual de 585 milhões de t. No cenário interno, embora a produção média anual brasileira seja de 11 milhões de toneladas, o país ainda necessita de alguma importação para suprir o consumo, o que em níveis per capita atinge algo próximo de 65 kg.ano⁻¹ (FAO, 2001; IBGE, 2001).

Contudo, alguns esforços em pesquisa poderão alterar este cenário. É desejável que além de tornar o país autosuficiente na produção do arroz, esses esforços também o tornem exportador vislumbrando a grande demanda de cereais em todo o mundo, prevista para as próximas duas décadas (MANN, 1999).

Dentre as possibilidades de incremento da produção de arroz no Brasil e na América Latina, pode ser destacado o aumento da produção e/ou produtividade do arroz de sequeiro, visto que ele ocupa cerca de dois terços da área cultivada com arroz na América Latina, cerca de quatro milhões de ha, e representa apenas 40% da produção (ZAPATA & IZQUIERDO, 1994).

Aumentos de produção podem ser obtidos através do lançamento de genótipos superiores, através do aumento da produtividade mediante a utilização de tecnologia mais avançada e/ou adequada e através da expansão das fronteiras agrícolas.

No que concerne ao melhoramento, várias questões importantes precisam ser definidas previamente ao estabelecimento de um programa, dentre as quais podem ser destacadas as referentes aos objetivos, os métodos, os genitores e as ferramentas de suporte.

Cruzamentos envolvendo genitores geneticamente distantes e/ou complementares, são indicados na busca de alto efeito heterótico e maior variabilidade genética nas gerações segregantes (RAO et al., 1981). Devido ao estreitamento da base genética do arroz de sequeiro cultivado no Brasil e na América Latina, existem sugestões de que os centros de pesquisa como o CIAT e o IRRI, distribuam as constituições genéticas segregantes ainda nas primeiras gerações, associando a isso a realização de melhoramento populacional através de seleção recorrente, como alternativas à solução dessa tendência (GUIMARÃES et al., 1996). Para arroz irrigado, quatro alternativas têm sido propostas para aumentar a base genética, que nesse caso é ainda mais estreita: i) utilização de genitores geneticamente mais dissimilares e provenientes de diferentes programas de melhoramento: ii) realização de cruzamentos múltiplos entre variedades tradicionais e linhagens elite; iii) obtenção de populações de ampla base genética, utilizando a machoesterilidade genética, e condução dessas populações pela seleção recorrente; e, iv) utilização da espécie selvagem Oryza glumaepatula (RANGEL et al., 1996). Embora estes trabalhos evidenciem a importância da dissimilaridade entre os genitores como forma de obter maiores probabilidades de êxito na seleção de genótipos superiores, é preciso entender que isso está mais relacionado à obtenção da população base dos programas de melhoramento. Como forma de reduzir o tempo gasto para atingir o objetivo do melhoramento, é importante que as populações bases dos programas possuam

¹ Eng. Agr. Dr. PPG C & T de Sementes / FAEM / UFPel; Campus Universitário s/ n. CP. 354, CEP. 96.010.900, Pelotas, RS Brasil

² Eng. Agr. Prof. Adj. Depto de Fitotecnia / FAEM / UFPel Campus Universitário s/ n. CP. 354, CEP. 96.010.900, Pelotas, RS Brasil, e-mail acostol@terra.com.br

³ Bolsista Iniciação Científica CNPg / FAEM / UFPel; Campus Universitário s/ n. CP. 354, CEP. 96.010.900, Pelotas, RS Brasil

⁴ Eng. Agr. Mestre PPG C & T de Sementes; Campus Universitário s/ n. CP. 354, CEP. 96.010.900, Pelotas, RS Brasil

⁵ Eng. Agr. Doutorando PPGA / FAEM / UFPel. Campus Universitário s/ n. CP. 354, CEP. 96.010.900, Pelotas, RS Brasil

médias próximas dos valores desejados para os novos lançamentos (MIRANDA FILHO, 1974).

Várias estratégias podem ser utilizadas para diferenciar geneticamente constituições segregantes. Dentre elas, pode ser destacada a realização de trabalhos preliminares de condução de genótipos a campo, com poucos genótipos, visando encontrar a condição que melhor separe-os, para depois utilizar essa condição em toda a população (FURLANI, et al., 1985). Outra possibilidade surgiu com a técnica dos marcadores moleculares, um exemplo convincente foi relatado por TANKSLEY & McCOUCH (1997), no trabalho voltado a exibir o potencial da diversidade genética dos bancos de germoplasma para os métodos de melhoramento baseados nessa técnica; entretanto casos como esse necessitam investimentos maiores e o envolvimento de uma equipe treinada em laboratório específico. A utilização de condições ótimas de ambiente para a dispersão de constituições geneticamente divergentes através da análise multivariada tem sido sugerida (MOURA et al., 1999). Esta técnica tem mostrado eficiência na determinação de dispersão de genótipos de alface (RODRIGUES, 1995), arroz (FERREIRA, 1995) e pimentão (MOURA et al., 1999).

A utilização de solo encharcado para diferenciar constituições genéticas é uma metodologia que se eficiente mostrou identificação de genótipos tolerantes encharcamento, em milho (PORTO, 1997), em trigo (CAETANO & LUZ, 1977) e (SILVA, Entretanto, o arroz é uma espécie que se diferencia dos demais cereais por ser cultivado tanto em solos de boa drenagem quanto sob encharcamento. Submeter linhagens de arroz de sequeiro ao encharcamento poderá contribuir para a identificação de genitores contrastantes para esse caráter e gerar informações úteis ao melhoramento genético dessa espécie voltado a elucidar os

mecanismos que controlam a adaptação a diferentes ambientes. O objetivo deste trabalho foi avaliar o grau de diferença nas respostas ao encharcamento de genótipos de arroz de sequeiro.

MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi desenvolvido no telado do Centro de Genômica e Fitomelhoramento da Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel da Universidade Federal de Pelotas, no período entre dezembro de 2000 e fevereiro de 2001. Os genótipos utilizados foram cedidos pelo Prof. Akihiko Ando do Depto. de Genética da Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz da Universidade de São Paulo (Tabela 1). O solo utilizado é classificado como Planossolo. Após análise físico-química do solo, este foi corrigido conforme recomendações para a cultura e acondicionado em copos plásticos com capacidade para 300

mL. Após um período de incubação de 30 dias, à temperatura ambiente, efetuou-se a semeadura, utilizando-se três sementes por copo. Quando as plantas apresentavam três folhas foi realizado o desbaste, deixando uma planta por copo. Neste estádio iniciou-se o tratamento e durante toda a condução do experimento, período de 30 dias, manteve-se o solo com umidade próxima a capacidade de campo para o tratamento um (controle) e lâmina de água para o tratamento dois (encharcamento).

O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados em parcelas sub-divididas, sendo que na parcela utilizou-se o fator água e na sub-parcela, o fator genótipo. Os tratamentos constaram de 59 genótipos de arroz (Tabela 1) e dez repetições.

As variáveis mensuradas foram: comprimento da raiz (CR) e da parte aérea (CPA); matéria seca da raiz (MSR) e da parte aérea (MSPA).

Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância e, a partir das médias das variáveis, foi realizado o teste de comparação de médias proposto por SCOTT & KNOTT (1974). Posteriormente foi realizada a análise multivariada para os dois tratamentos. Para a separação

Tabela 1 - Genótipos de arroz de sequeiro (*Oryza sativa* L.) utilizados no estudo. Pelotas, UFPel, 2001.

	UFPel, 2001.				
	Acessos japoneses		Acessos filipinos		Acessos brasileiros
01	Seion Uruchi	21	Ketan Tlasih	40	IAC 5544
02	Tokiwa Nishiki	22	Sibakas	41	IAC 1246
03	Nakahara Mochi	23	Sawak	42	IAC 47
04	Toukyo Hirayama	24	Rusip	43	IPSL 462
05	Susono Mochi	25	Lakun	44	H 10/V7
06	Miyako	26	E-Nawn	45	KT 29
07	Saitama Senshou	27	Khao kangkaynoi	46	Aus 8
80	Aichi Rikutou 1	28	Khao Khane	47	IPSL 469
09	Nourin 16	29	Khao Xiou Khay	48	Patnai 6
10	Mino Mochi	30	Daw Dam	49	IPSL 2070
11	Col / Miyazaki / 1963	31	Khao Sin	50	Catetão
12	Yonaochi	32	Mum 1	51	Birigui
13	Matsuyama	33	Khao Sim	52	Amarelão IAMG 2
14	Senshou	34	Sew Glang Dong	53	Jaguarí ESAV IAMG 19
15	Hiderishirazu	35	Mayorly	54	12-V-17
16	Igisu Mochi	36	Gbegbete	55	13-V-13
17	Saiban	37	Felune	56	1 / 52 / 4
18	Gose Yonkoku	38	Ketebei	57	2 / 52 / 4
19	Shizuoka	39	Sole Yoe	58	Zebú Branco
20	OotaTamasari10Erabi 33			59	Bacaba

genotípica do material, foi utilizada a análise de agrupamento pelo método de Tocher, baseado na distância generalizada D² de Mahalanobis, cujo princípio básico é manter a homogeneidade dentro e a heterogeneidade entre os grupos formados. Essa técnica permite identificar se o encharcamento (Tratamento 2) proporciona melhor separação dos genótipos. Para isso acontecer, o tratamento deverá apresentar maior número de grupos. A contribuição relativa de cada caráter para a diversidade entre os genótipos foi obtida pela metodologia proposta por SINGH (1981).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Considerando os dados obtidos na comparação de médias pelo teste de Scott-Knott e as variáveis comprimento de raiz (CR) e matéria seca de parte aérea (MSPA), houve a formação de apenas dois grupos divergentes (a e b)

independente da condição ambiental (Tabelas 2 e 3). Neste caso o encharcamento não atuou sobre o número de grupos. Com relação ao número de genótipos nos grupos, não houve alteração para a variável CR, mas houve para a variável MSPA. Além disso, para a variável CR, 24 genótipos mudaram de grupo em função do encharcamento, dos guais 12 com média superior dentro do tratamento. Para a variável MSPA, 26 genótipos mudaram de grupo, dos guais sete com média superior dentro do tratamento. A variável CPA também não alterou o número de grupos sob encharcamento (a, b, c), mas 26 genótipos mudaram de grupo, dos quais 21 com média superior dentro do tratamento. Já a variável MSR alterou o número de grupos sob encharcamento (a, b para a, b, c, d). Além disso, dos 59 genótipos estudados 56 mudaram de grupo, e todos elevaram a média do caráter. Isto provavelmente ocorreu devido à condição de encharcamento ter um efeito de indução do crescimento do sistema de raízes.

Os dados médios das quatro variáveis, para os dois níveis de água e para os 59 genótipos, submetidos ao teste de comparação de médias de Scott-Knott (Tabelas 2 e 3), permitem algumas inferências. Inicialmente pode-se discutir o efeito de cada variável sobre o número de grupos formados, o número de genótipos em cada grupo e a mudança dos genótipos entre os grupos em função do encharcamento. Esse estudo permite identificar a importância da variável MSR sobre a separação dos genótipos, sob a condição de encharcamento. Se considerarmos apenas essa variável, pode-se identificar os genótipos 26, 31, 43 e 48 (E-Nawn, Khao Sin, IPSL 462 e Patnai 6, respectivamente) como superiores. Como inferiores, esta variável indica 31 genótipos. Além disso, o teste permite avaliar o efeito do encharcamento sobre cada genótipo considerando todas as variáveis. Dentro deste contexto, é possível afirmar que os genótipos 10, 26 e Mochi. E-Nawn e Sew Glang respectivamente), respondem bem ao encharcamento, em função de que para as quatro variáveis consideradas, eles se mantiveram com médias significativamente superiores em três delas (CR, CPA e MSPA) quando submetidas a essa condição. Sob o mesmo raciocínio, pode-se identificar os genótipos 14, 17, 21, 22, 38, 39 e 49 (Senshou, Saiban, Ketan Tlasih, Sibakas, Ketebei, Sole Yoe e IPSL 2070) como inferiores.

No estudo orientado para verificar a contribuição relativa de cada variável no tocante a dissimilaridade genética, baseada na metodologia proposta por SINGH (1981), todas as variáveis apresentaram contribuições relativas importantes, justificando sua utilização (Tabela 4). Os caracteres considerados dispensáveis em estudos de divergência genética são somente aqueles invariantes ou redundantes entre os genótipos estudados, por estarem correlacionados com outros caracteres (CRUZ & REGAZZI, 1997).

A variável CPA apresentou uma contribuição para a dissimilaridade genética ligeiramente menor sob encharcamento, passando de 56,48% para 49,76%, representando mesmo assim, grande parte da dissimilaridade genética observada. Sob encharcamento, o aumento da contribuição relativa das variáveis baseadas no sistema de raízes (CR e MSR), sugere a importância destas variáveis para estudos de dissimilaridade buscando adaptação de genótipos ao encharcamento. Pode-se destacar ainda que a variável MSR foi a única que possibilitou a diferenciação dos genótipos em quatro níveis distintos pelo teste de comparação

de médias de Scott-Knott. Além disso, todas as variáveis aumentaram a média do caráter sob encharcamento, sugerindo que o encharcamento não representa uma condição de estresse para esses genótipos de sequeiro.

Os resultados obtidos com o teste de comparação de médias de Scott-Knott (Tabela 2) e os resultados da contribuição relativa no tocante a divergência genética (S.i.), possibilita inferir sobre a importância de cada variável e os genótipos mais dissimilares dentro do conjunto de indivíduos estudados. A MSR agrupou os genótipos em duas classes (controle) e quatro classes (encharcamento). Quanto aos genótipos mais dissimilares, os dados permitem duas conclusões contrastantes, dependendo da importância atribuída sobre o conjunto das variáveis ou apenas sobre a variável que melhor diferenciou os genótipos no tocante a divergência genética. Sob encharcamento, o genótipo 26 (Enawn - Tabela 2), de origem Filipina, é o mais dissimilar de todos, pois é o único que difere significativamente de todos os demais genótipos para as quatro variáveis estudadas. Porém a indicação considerando apenas a contribuição relativa no tocante a divergência genética (S.j.) da variável com maior contribuição (Tabela 4) permite outra conclusão, os genótipos mais contrastantes nesse caso foram 34, 56, 48, 54 e 23 (Sew Glang Dong, 1/52/4, Patnai 6, 12-V-17 e Sawak, respectivamente) como superiores e os genótipos 13, 19 e 39 (Matsuyama, Shizuoka e Sole Yoe, respectivamente), como inferiores (Tabela 2, encharcamento). Inferir sobre a possibilidade de utilização das variáveis com maior contribuição relativa (todas as variáveis), ou a utilização somente da variável que melhor separou o material estudado (MSR), pode não ser possível, ou não recomendado dependendo muito do número de variáveis utilizadas e do objetivo do estudo. Estudos moleculares envolvendo os genótipos mais contrastantes poderiam elucidar esta questão.

O teste de agrupamento dos genótipos, pelo método de Tocher, a partir das médias dos quatro parâmetros avaliados por meio da análise multivariada, permite constatar variabilidade genética entre os genótipos sob as duas condições experimentais. Há a formação de 22 grupos no controle e 23 grupos sob encharcamento (Tabela 5). Os genótipos 1 e 2 (Seion Uruchi e Tokiwa), 41 e 44 (IAC 1246 e H 10 /V7), 37 e 50 (Felune e Catetão), permaneceram num mesmo grupo e isolados dos demais independentemente das condições ambientais, o que sugere maior proximidade genética intragrupo e uma divergência genética constante desses grupos para com os demais. Tal comportamento pode ser explicado através do conceito de homeostase, inicialmente introduzido por CANONOM (1932) citado por BORÉM (1998) e mais tarde chamado de "poder tamponante da população e do indivíduo" por ALLARD & BRADSHAW (1964). Este conceito é atribuído a populações ou indivíduos com capacidade de responder de forma semelhante a estímulos ambientais distintos. Sob este mesmo raciocínio, alguns genótipos (4 e 8 - 6 e 23 - 15 e 11 - 13, 28 e 20 - 32 e 40 - 14 e 35) tem comportamento intermediário, pois embora permaneçam num mesmo grupo, observa-se a entrada e saída de outros genótipos nesses grupos dependendo do estímulo embiental, sugerindo uma dissimilaridade genética intermediária desses genótipos com os demais. Os outros genótipos foram os que mais sofreram efeitos do encharcamento, indicando baixa homeostase.

Tabela 2 - Média das variáveis comprimento de raiz (CR), comprimento da parte aérea (CPA), matéria seca da raiz (MSR) e matéria seca da parte aérea (MSPA) Pelotas. UFPel. 2001.

matéria seca da parte aérea (MSPA) Pelotas, UFPel, 2001. O cm de água (controle) Capátinas 5 cm de água (encharcamento)																
Genótipos			0 cm de água	(contro			MODA		Genótipos			de á		chai		0)
	CR 24.0	h	CPA 65.5		MSR	h	MSPA 0.651		 	CR	CPA		MSR	_	MSPA	
1 2	24,0 24,3	b b	65,5 70,2	C C	0,511 0,550	b a	0,651 0,652	a a	1 2	23,9 b 27,3 b	77,1 80,0	c b	0,799 0,837	C C	1,106 1,080	а
3	24,0	b	63,8	C	0,330	b	0,504	b	3	32,1 a	78,0	С	0,678	d	0,972	a b
4	21,4	b	66,2	c	0,403	b	0,649	a	4	28,7 b	80,5	b	0,684	d	1,133	a
5'	29,4	a	73,8	b	0,474	b	0,631	a	5	27,4 b		b	0,610	d	0,839	b
6	21,4	b	69,8	C	0,444	b	0,539	b	6	27,5 b		b	0,657	d	0,928	b
7	23,1	b	62,6	C	0,528	a	0,580	b	7	29,3 a		C	0,741	С	0,972	b
8	24,1	b	65,4	C	0,504	b	0,555	b	8	25,9 b		С	0,717	d	0,916	b
9	23,4	b	63,1	C	0,553	a	0,669	a	9	28,7 b		С	0,728	d	0,888	b
10	25,0	b	67,8	C	0,420	b	0,540	b	10	30,8 a	80,3	b	0,772	С	1,081	a
11	24,6	b	73,7	b	0,574	a	0,689	a	11	24,1 b		b	0,765	С	0,918	b
12	24,4	b	69,2	C	0,380	b	0,519	b	12	26,0 b	83,0	b	0,625	d	0,867	b
13	23,1	b	66,4	c	0,489	b	0,564	b	13	28,0 b	72,7	c	0,555	d	0,822	b
14	25,7	a	68,1	c	0,489	b	0,633	a	14	27,2 b	76,3	С	0,753	С	0,956	b
15	30,1	a	68,2	С	0,578	а	0,717	a	15		77,2	c	0,859	С	1,156	a
16	25,2	b	74,5	b	0,515	a	0,597	b	16	25,8 b	79,5	b	0,625	d	0,834	b
17	24,4	b	71,4	b	0,475	b	0,671	а	17	27,8 b		С	0,742	С	0,893	b
18	23,3	b	67,0	С	0,480	b	0,566	b	18	27,4 b	83,3	b	0,808	С	1,070	а
19	21,6	b	62,9	С	0,498	b	0,552	b	19	24,5 b	72,6	С	0,644	d	0,895	b
20	21,6	b	65,5	С	0,417	b	0,541	b	20	27,6 b		b	0,498	d	0,761	b
21	24,4	b	76,8	а	0,543	а	0,681	а	21	25,5 b	77,5	С	0,612	d	0,822	b
22	27,2	а	80,3	а	0,496	b	0,651	а	22	26,4 b	89,4	а	0,642	d	0,881	b
23	29,4	а	81,5	а	0,646	а	0,813	а	23	30,3 a	90,8	а	0,863	С	1,129	а
24	24,6	b	71,7	b	0,571	а	0,740	а	24	27,9 b	81,3	b	0,864	С	1,013	а
25	22,0	b	71,3	b	0,499	b	0,555	b	25	25,1 b	77,7	С	0,716	d	0,849	b
26	25,5	b	73,5	b	0,589	а	0,609	b	26	32,4 a	88,4	а	1,216	а	1,239	а
27	25,9	а	80,8	а	0,640	а	0,742	а	27	32,5 a	88,1	а	0,907	С	1,071	а
28	25,4	b	66,7	С	0,457	b	0,599	b	28	32,4 a	78,3	С	0,784	С	0,966	b
29	23,2	b	75,0	b	0,457	b	0,528	b	29	30,0 a	89,6	а	0,713	d	0,843	b
30	29,5	а	81,2	а	0,590	а	0,658	а	30	33,2 a		а	0,770	С	0,959	b
31	25,2	b	76,1	а	0,515	а	0,580	b	31	28,4 b	88,3	а	0,945	b	1,121	а
32	29,2	а	73,2	b	0,440	b	0,610	b	32	32,2 a		b	0,593	d	0,872	b
33	25,0	b	77,3	а	0,630	а	0,709	а	33	26,5 b		b	0,792	С	0,975	b
34	23,8	b	75,6	b	0,460	b	0,541	b	34	31,1 a	91,6	а	0,804	С	1,083	а
35	24,6	b	71,0	С	0,535	а	0,619	b	35	25,3 b	79,5	b	0,720	d	0,945	b
36	21,4	b	73,5	b	0,463	b	0,665	a	36	27,6 b		а	0,847	С	1,131	а
37	26,2	а	69,0	С	0,558	а	0,621	b	37	27,7 b		b	0,788	С	1,085	a
38	26,4	а	73,9	b	0,616	а	0,698	а	38	27,2 b		b	0,850	С	0,881	b
39	26,3	а	67,3	С	0,551	а	0,650	а	39	26,4 b	72,4	С	0,603	d	0,922	b
40	28,5	a	72,5	b	0,527	а	0,700	а	40	29,1 a	79,3	b	0,688	d	0,958	b
41	24,8	b	69,1	C	0,517	a	0,703	а	41	23,9 b	76,6	C	0,559	d	0,831	b
42	24,6	b	73,7	b	0,444	b	0,647	a	42	29,3 a			0,657		0,877	b
43	26,5	а	68,0	С	0,427		0,584	b	43	31,6 a		b	0,991	b	1,050	а
44	24,6	b	72,4	b	0,402		0,509	b	44	27,1 b		a	0,672	d	0,988	b
45	24,1	b	70,8	C	0,418		0,553	b	45	30,6 a		b	0,627	d	0,916	b
46	26,3	a	73,5	b	0,368	b	0,620	b	46	27,4 b		b	0,569	d	0,847	b
47	23,7	b	73,0	b	0,473	b	0,642	a	47	31,4 a		a	0,775	C	1,147	а
48	24,1	b	80,2	a	0,485	b	0,677	а	48	29,8 a		a	1,003	b	1,228	a
49 50	26,5	а	72,5	b	0,479	b	0,627	а	49 50	26,1 b		C	0,419	d	0,765	b
50	26,6	a	72,9	b	0,587	a	0,694	а	50	26,3 b		b	0,917	С	1,112	a
51 52	24,7	b	70,9	C	0,470	b	0,633	а	51 52	27,6 b		b	0,783	Ç	0,971	b
52 53	28,5	a	74,5	b	0,510	b	0,680	а	52 53	29,0 a		b	0,611	d	0,919	b
53	25,2	b	72,2 76.0	b	0,530	a	0,649	а	53	29,0 a		a	0,546	q	0,964	b
54	26,0	а	76,9	a	0,451	b	0,639	a	54 55	29,8 a		a	0,702		1,033	a
55 56	26,4	а	72,9	b	0,486	b	0,598	b	55 56	29,7 a		a	0,634	d	0,934	b
56	27,2	а	77,4	a	0,536	a	0,668	а	56	32,8 a		a	0,808	Ç	1,008	а
57 50	29,2	а	76,3	a	0,550	a	0,703	a	57 50	31,7 a		a	0,637	d	1,065	a
58 50	27,0	а	76,8	a	0,621	a	0,616	b	58 50	26,0 b		a	0,595	d	0,815	b
59	25,8	а	66,5	С	0,553	а	0,698	а	59	27,9 b	79,7	b	-	С	1,198	а
CV%	21,16		9,40		28,04		22,89		CV%	16,67	8,88		31,81		25,31	
Média	25,25		71,76		0,51		0,63		Média	28,3	82,0		0,73		0,97	

Genótipos seguidos pela mesma letra pertencem ao mesmo grupo, Teste de Comparação de Médias de Scott-Knott, NS 5%

Tabela 3 - Número de indivíduos agrupados em cada nível pelo Teste Comparativo de médias de Scott-Knott. Pelotas. UFPel. 2001.

. 5:5:435, 5: 1 5:, 255 ::					
	Níveis de água				
·	0 cm de água	5 cm de água			
Variáveis	(controle)	(encharcamento)			
CR	a23, b36	a23, b36			
CPA	a12, b22, c25	a18, b25, c16			
MSR	a26, b33	a1, b3, c24, d,31			
MSPA a33, b26		a22, b37			

Tabela 4 - Contribuição relativa no tocante à divergência genética (S.j) e em % das seguintes variáveis: comprimento de raiz (CR), comprimento de parte aérea (CPA), matéria seca de raiz (MSR) e matéria seca de parte aérea (MSPA), nos dois níveis de água. Pelotas, UFPel, 2001.

	Níveis de água					
	0 cm de		5 cm de água			
_	(contro	ole)	(encharcamento)			
Variáveis	S.j	%	S.j	%		
CR	483.53	12,09	850,55	16,94		
CPA	2258.33	56,48	2497,82	49,76		
MSR	659.56	16,49	1157,74	23,06		
MSPA	597.04	14,93	513,24	10,22		

O elevado grau de dissimilaridade genética, observando o grande número de grupos formados – 22 e 23 – nos dois tratamentos (Tabela 5), sugere que essa metodologia possa ser utilizada em estudos preliminares que tenham por objetivo classificar um grupo de genótipos de acordo com seu grau de similaridade, conforme foi preconizado por FURLANI et al. (1985). A formação de mais um grupo sob encharcamento,

Tabela 5 - Agrupamento das 59 linhagens de arroz, pelo método de Tocher, considerando as seguintes características: comprimento de raiz (CR), comprimento de parte aérea (CPA), matéria seca de raiz (MSR) e matéria seca de parte aérea (MSPA), nos dois níveis de água. Pelotas, UFPel, 2001.

	els de agua. Pelolas, OFPel, 200						
GRUPO	NÍVEIS DE ÁGUA (cm)						
011010	0 (controle)	5 (encharcamento)					
1	1 2	1 2					
2	3 5	3 11 17 15					
3	4 8 18 12	4 8 10					
4	6 23 7 43	5 16 12 22					
5	9 58 16	6 27 59 23					
6	10 15 27 19 11 29	9 18					
7	13 28 20 32 40	13 20 48 28 58					
8	14 51 35 31 53	14 55 35 47					
9	21 22	19 45					
10	24 26	21 24 38 36					
11	25 42 36	26 49 31					
12	30 55 47	30 43					
13	33 38	32 40 54					
14	34 45	33 52 56					
15	41 44	34 53					
16	46 57	41 44					
17	48 56	46 51					
18	54 59	7 25					
19	37 50	37 50					
20	39 49	29					
21	52	42					
22	17	57					
23	-	39					

pode estar associada a situação de estresse hídrico encontrada, ou ao fato de que o solo com água acima da capacidade de campo represente uma condição mais adequada para alguns genótipos expressarem sua constituição genética.

A utilização de solo encharcado pelo método do copo plástico, utilizado para estudos de adaptação de genótipos de milho ao encharcamento por PORTO et al. (1997) e posteriormente por SILVA et al. (1998), trabalhando com aveia, não provocou estresse suficiente para o arroz já que todos os genótipos apresentaram ganho para as variáveis estudadas. Isto sugere a utilização de um sistema mais eficiente no controle da água e do oxigênio do solo, para que a identificação de genótipos de arroz contrastantes para o caráter seja otimizada.

O estudo do sistema de raízes pode auxiliar a identificação de indivíduos adaptados a condições de encharcamento. A seleção direta tem sido sugerida como forma de tornar o método mais efetivo (MALUSZYNSKI, 1998). Ações envolvendo a criação de bancos de mutantes em arroz, enfocando principalmente mutantes relacionados ao sistema de raízes, poderão conduzir à otimização do entendimento dos mecanismos de tolerância ao encharcamento (ZIMMER et al., 2003).

Vários estudos evolutivos tratam da colinearidade ou sintenia do genoma de algumas gramíneas (GALE & DEVOS, 1998; PATERSON et al., 2000; McCOUCH, 2001) e da domesticação dos cereais (PATERSON et al., 1995). Porém, no que concerne ao arroz, é necessário identificar e caracterizar os mecanismos adaptativos que permitem o cultivo de alguns genótipos sob encharcamento e outros em sequeiro. Esse pode ser um ponto interessante sob o qual se faz necessário a realização de alguns estudos avançados. A partida para esse estudo pode ser a caracterização molecular de genótipos de arroz irrigado e de sequeiro, com posterior

estudo comparativo com as espécies mais próximas na escala evolutiva.

CONCLUSÕES

A utilização do encharcamento é efetiva na separação das constituições genéticas, mediante a utilização das variáveis comprimento e matéria seca das raízes e da parte aérea. No entanto, um sistema que melhor controle o fornecimento de água para o solo, pode fornecer melhores resultados, pois os genótipos de sequeiro respondem bem ao encharcamento.

AGRADECIMENTOS

Agradecemos ao Prof. Akihiko Ando, pelo fornecimento do material vegetal e aos órgãos financiadores CAPES e CNPq pela concessão das bolsas e pelo apoio financeiro.

ABSTRACT

Rice has become a model species to genetic studies, especially because its small genome, the colinearity with other cereals and its economical and social importance. Moreover, the particular ability to grow in flooding and upland areas also turns it into a model for plant adaptability. In this study, we compared 59 upland rice genotypes in two artificial flooding conditions in order to score and include some in our rice breeding program. Two treatments were used, treatment one (control) being soil with field capacity and treatment two, flooded soil. A Scott-Knott test and multivariate analysis were used to compare means and treatments, respectively. There was dissimilarity among genotypes studied in the two conditions, but in flooded soil we detected higher dissimilarity. Shoot length was the trait that most contributed for the genetic dissimilarity among lines in the two conditions. Based on Scott-Knott analysis, root dry matter was better to discriminate genotypes.

Key words: **Oryza sativa**, flooding tolerance, multivariate analysis.

AGRADECIMENTOS

Agradeçemos ao Prof. Dr. Akihito Ando pelo fornecimento d germoplasma utilizado neste estudo. Esta pesquisa foi realizada com recursos da FAO/IAEA (International Atomic Energy Agency), Fundação de Amparo a Pesquisa do Estado do Rio Grande do Sul (FAPERGS), e do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e da Universidade Federal de Pelotas.

REFERÊNCIAS

ALLARD, R.W.; BRADSHAW, A.D. Implications of genotype environmental interactions in applied plant breeding. **Crop Science**, v. 4, p. 503-507, 1964.

BORÉM, A. **Melhoramento de Plantas**. 2. ed. Viçosa: editora da UFV, 1998. 453 p.

CAETANO, V.R.; LÚZ, W.C. Observações no sistema radicular de trigo em solo encharcado. In: REUNIÃO ANUAL CONJUNTA DE PESQUISA TRIGO, 1977, Passo Fundo, **Anais...** Passo Fundo: EMBRAPA-CNPT, 1977, v. 4, p. 171-175

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético. Viçosa: UFV, 1997, 390 p.

FAO, Food and Agriculture Organization of the United Nation. Disponível em http://www.faostat.fao.org Acesso em 15 dez. 2001.

FERREIRA, R.P. Analises biométricas da tolerância do arroz (*Oryza sativa* L.) à toxidez de alumínio. Viçosa, 1995. 123 p. Tese (Doutorado em Agronomia) — Universidade Federal de Viçosa.

FURLANI, A.M.C.; BATAGLIA, O.C.; LIMA M. Eficiência de linhagens de milho na absorção e utilização de fósforo em solução nutritiva. **Bragantia**, Campinas, v. 44, Tomo 1, p. 129-147, 1985

GALE, M.D.; DEVOS K.M. Plant Comparative genetics after 10 years. **Science**, v. 282, p. 656-659, 1998.

GUIMARÃES, E.P.; BORRERO, J.E.; OSPINA-REY, Y. Genetic diversity of upland rice germplasm distributed in Latin América. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília v. 31, n. 3, p. 187-194. Março, 1996.

IBGE, Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Disponível em http://www.ibge.gov.br Acesso em 15 dez. 2001.

MALUSZYNSKI, M. Crop germoplasm enhancement through mutation techniques. In: INTERNATIONAL SYMPOSIUM ON RICE GERMPLASM EVALUATION AND ENHANCEMENT, 1999, Arkansas, USA. **Abstracts...** *J.N. Rutger, J.F. Robinson, and R.H. Dilday, editors.* Arkansas, USA. August 30 – September 2, 1998.

MANN, C.C. Crop scientists seek a new revolution. **Science**. v. 283, p. 310-314, 1999.

McCOUCH, S.R. Genomics and synteny. **Plant Physiology**, v. 125, p. 152-155, January 2001.

MIRANDA FILHO, J.B. Cruzamentos dialélicos e síntese de compostos de milho (*Zea mays* L.), com ênfase na produtividade e no porte da planta. Piracicaba, 1974. 116 p. Tese (Doutorado em Agronomia) – Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" Universidade de São Paulo.

MOURA, W.M.; CASALI, V.W.D.; CRUZ, C.D. et al. Divergência genética em linhagens de pimentão em relação à eficiência nutricional de fósforo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 34, n. 2, p. 217-224, fev. 1999.

PATERSON, A.H.; BOWERS, J.E.; BUROW, M.D. et al. Comparative genomics of plant chromosomes. **The Plant Cell**, V. 12, p. 1523-1539, September 2000.

PATERSON, A.H.; LÍN, Y; LI, Z., et al. Convergent domestication of cereal crops by independent mutations at corresponding genetic loci. **Science**, v. 269, p. 1714-1717, 1995

PORTO, M.P. Método de seleção de plantas de milho para tolerância ao encharcamento do solo. **Pesquisa Agropecuária Gaúcha**, v. 3, n. 2, p. 187-190, 1997.

RANGEL, P.H.N.; GUIMARÃES, E.P.; NEVES, P.C.F. Base genética dos cultivares de arroz (*Oryza sativa* L.) irrigado do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 31, n. 5, p. 349-357. Maio, 1996.

RAO, A.V.; PRASAD, A.S.R.; SAI KRISHNA, R., et al. Genetic divergence among some brown planthopper resistant rice varieties. **The Indian Journal of Genetic and Plant Breeding**, New York, v. 41, n. 2, p. 179-185, July 1981.

RODRIGUES, E.T. **Seleção de cultivares de alface** (*Lactuca sativa L.*) para cultivo com composto orgânico. Viçosa, 1995. 164 p. Tese (Doutorado em Agronomia) – Universidade Federal de Viçosa.

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.

SILVA, C.F.L. Variabilidade genética para o caráter tolerância ao encharcamento em aveia. Pelotas, 1999. 53 p. Dissertação (Mestrado em Agronomia) — Faculdade de Agronomia "Eliseu Maciel" Universidade Federal de Pelotas.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetic and Plant Breeding**, New York, v. 41, n. 2, p. 237-245, July 1981.

TANKSLEY, S.D.; MCCOUCH, S.R. Seed banks and molecular maps: unlocking genetic potential from the wild. **Science**, v. 277, p. 1063-1066, August, 1997.

ZAPATA, F.J.; IZQUIERDO, J. La producción de arroz en América Latina y el Caribe: logros, posibilidades y desafíos. In: REUNIÓN DE LA COMISIÓN INTERNACIONAL DEL ARROZ – FAO, 18., 1994, Roma, Italia, **Abstracts...** Roma: FAO, Septiembre, 1994, p. 5-9.

ZIMMER, P.D.; MATTOS, L.A.T. de; COSTA, A.C, et al. Identification of rice mutants (*Oryza sativa* L.) for agronomical and root system traits. **Revista Brasileira de Agrociência**, v. 9, n. 3, p. 195-199. 2003.