

## DISTÂNCIA GENÉTICA ENTRE CULTIVARES DE ARROZ IRRIGADO POR ANÁLISE DE CARACTERES QUALITATIVOS

Ariano M. de Magalhães Júnior<sup>(1)</sup>, Paulo R. R. Fagundes<sup>(1)</sup>, Daniel F. Franco<sup>(1)</sup>, Antônio C. de Oliveira<sup>(2)</sup>, Fernando Irajá Felix Carvalho<sup>(2)</sup>, Rosa Lia Barbieri<sup>(1)</sup>, Ivandro Bertan<sup>(2)</sup>, Rodrigo C. Soares<sup>(1)</sup>, Franciéle Olivo<sup>(2)</sup>. <sup>1</sup>Embrapa Clima Temperado, BR 392, km 78, C.P. 403, CEP 96001-970. Pelotas, RS. <sup>2</sup>Universidade Federal de Pelotas. FAEM. C.P. 354. CEP 96001-970. Pelotas, RS. e-mail:ariano@cpact.embrapa.br

A estimativa de distância genética, acompanhada pela utilização de estatísticas multivariadas, tem se revelado promissora pela possibilidade de reunir diversas variáveis em apenas uma análise. Entre as principais técnicas multivariadas empregadas como critério para escolha de genitores estão as medidas de distância genética com base em caracteres fenotípicos. A utilização da distância genética entre os genótipos é apontada como uma forma de prever a variabilidade genética entre os híbridos. 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, devido à ocorrência de heterose e à ação de genes dominantes e complementares, visto que genótipos com elevada produtividade, porém distantes geneticamente, podem apresentar locos distintos controlando o caráter e expressando elevada capacidade de combinação.

O inconveniente das avaliações baseadas na manifestação dos caracteres fenotípicos diz respeito à elevada influência do ambiente, dependendo do caráter e da espécie avaliada, o que pode reduzir a precisão das estimativas de parâmetros genéticos quantitativos, revelando a necessidade da avaliação dos genótipos em mais de um ambiente e/ou ano, sendo tão mais segura quanto maior o número de ambientes e/ou anos avaliados (Magalhães Jr., 2007).

A análise da distância genética, em qualquer espécie vegetal, pode ser dividida de forma simplificada em seis fases: i) escolha dos genótipos a serem analisados; ii) obtenção e sistematização dos dados; iii) definição da medida de similaridade ou distância a ser estimada; iv) escolha do método de agrupamento e/ou de dispersão gráfica a ser aplicado; v) verificação do grau de distorção provocado pelo método de agrupamento ou dispersão gráfica e vi) interpretação dos resultados. Dentre os procedimentos estatísticos mais utilizados na estimativa da distância genética com base em caracteres fenotípicos, está a distância generalizada de Mahalanobis D<sup>2</sup> e a distância Euclidiana, 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.

Neste sentido, o objetivo deste estudo foi estimar a distância genética entre as cultivares de arroz irrigado lançadas pelo programa de melhoramento genético da Embrapa Clima Temperado, com base em distintos caracteres qualitativos utilizados como descritores agrônômicos, em experimentos a campo e em casa-de-vegetação, e recomendar genótipos promissores para serem utilizados em programas de melhoramento genético como forma de incrementar a variabilidade fenotípica e oportunizar a seleção de progênies superiores geneticamente.

Neste estudo foram empregados 16 genótipos de arroz irrigado: IAS 12 Formosa, BR Irga 409, BR Irga 410, BR Irga 411, BR Irga 412, BR Irga 413, BR Irga 414, BRS 6 "Chuí", BRS 7 "Taim", BRS Ligeirinho, BRS Agrisul, BRS Bojuru, BRS Firmeza, BRS Atalanta, BRS Pelota e BRS Querência. Estes genótipos foram lançados pelo programa de melhoramento genético da Embrapa Clima Temperado e representam constituições genéticas superiores da espécie *Oryza sativa* L.

Para avaliação dos descritores qualitativos dos genótipos utilizados no estudo, foram conduzidos experimentos a campo e em casa-de-vegetação. Nas duas condições

experimentais foram mensurados oito caracteres considerados qualitativos: cor da folha, pubescência da folha, ângulo da folha-bandeira, tipo de panícula, exergão da panícula, pubescência das glumelas, coloração das glumelas e forma do grão.

Os dados dos caracteres qualitativos que exibiram classes distintas no conjunto dos genótipos avaliados foram utilizados para estimativa da distância genética, de acordo com o coeficiente R de dissimilaridade genética (Cruz, 2006), sob três distintos procedimentos: i) dos caracteres aferidos a campo; ii) dos caracteres aferidos em casa-de-vegetação e; iii) da análise conjunta dos dois experimentos. Desta forma, foram obtidas três matrizes de distâncias de Mahalanobis (D2). Todas as análises estatísticas foram realizadas por meio do programa computacional GENES (Cruz, 2006). Com base nas matrizes de distâncias genéticas geradas, foram construídos três dendrogramas, 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 ( $r$ ), utilizando o programa computacional NTSYS pc 2.1 (Rohlf, 2000) (Figura 1).

Na Tabela 1 estão os dados dos caracteres qualitativos, mensurados em dezesseis genótipos de arroz avaliados a campo e em casa-de-vegetação. Em análise preliminar dos dados pode ser observado comportamento similar entre as mensurações realizadas nos dois experimentos, indicando reduzida participação do ambiente de cultivo na expressão da maioria dos caracteres avaliados, exceto para tipo de panícula (TP). Em termos genéticos isto já era esperado, pois caracteres que expressam reduzido número de classes fenotípicas por ocasião da recombinação gênica, como é o caso da maioria dos descritores de arroz que fazem parte do presente estudo, são conhecidos como de herança qualitativa, e teoricamente sofrem menor participação dos efeitos de ambiente.

Na interpretação dos resultados pode-se concluir que: a) existe pouca variabilidade genética para caracteres qualitativos entre as cultivares de arroz irrigado lançadas pelo programa de melhoramento genético da Embrapa Clima Temperado dentro do grupo índica, com base nas avaliações utilizadas para estimar a distância genética entre os genótipos; b) o método de estimativa da distância genética utilizado, baseado na matriz de distâncias de Mahalanobis (D2), mostrou-se adequado no agrupamento dos genótipos utilizando apenas caracteres qualitativos; c) há evidências de que a avaliação dos caracteres qualitativos poderá ser realizada efetivamente tanto a campo como em casa-de-vegetação.

#### REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

CRUZ, C.D. **Programa GENES: aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa : UFV, 2006. 442p.

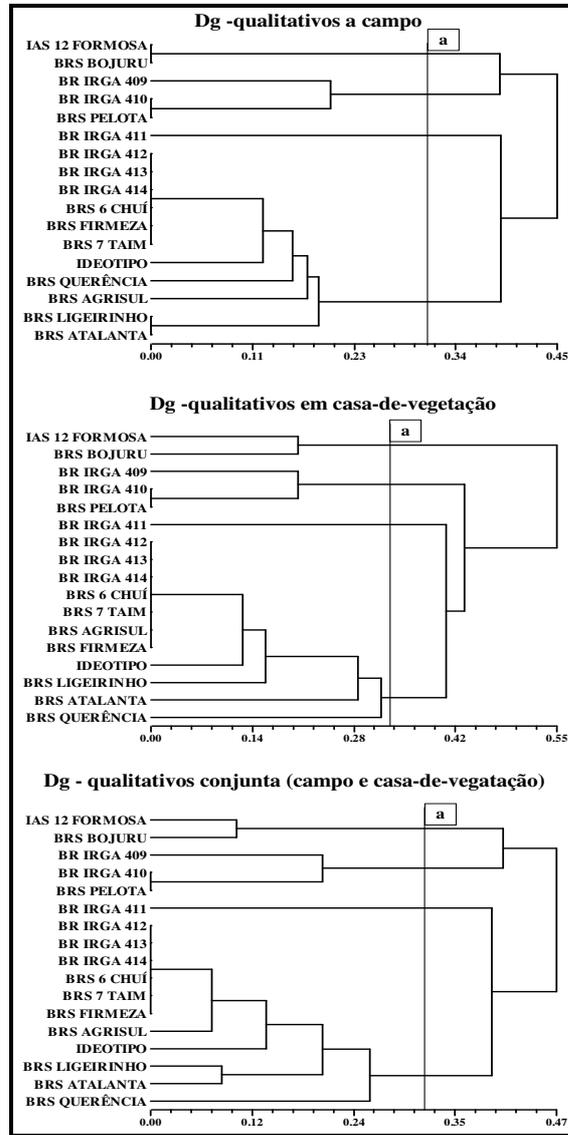
MAGALHÃES JR., A. M. de. Recursos genéticos de arroz (*Oryza sativa* L.) no Sul do Brasil. Pelotas, 2007. 160p. **Tese** (Doutorado). Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel/Universidade Federal de Pelotas.

ROHLF, F. J. **NTSYS-pc: numerical taxon-omy and multivariate analysis system**, version 2.1. Exeter Software, New York, 2000.

Tabela 1 - Caracteres qualitativos (descritores) avaliados em 16 genótipos de arroz irrigado, em experimentos a campo e em casa-de-vegetação. Pelotas/RS, Embrapa Clima Temperado -2007.

Ambiente	Genótipo	Caracteres *							
		CF	PF	AFB	TP	EP	PG	CG	FG
Campo	IAS 12 Formosa	2	4	3	1	1	4	1	2
Campo	BR Irga 409	2	4	1	2	2	4	1	4
Campo	BR Irga 410	2	4	1	1	2	4	1	4
Campo	BR Irga 411	2	1	2	1	1	1	2	4
Campo	BR Irga 412	2	1	1	1	2	1	1	4
Campo	BR Irga 413	2	1	1	1	2	1	1	4
Campo	BR Irga 414	2	1	1	1	2	1	1	4
Campo	BRS 6 Chuí	2	1	1	1	2	1	1	4
Campo	BRS 7 Taim	2	1	1	1	2	1	1	4
Campo	BRS Ligeirinho	1	1	1	1	1	1	1	4
Campo	BRS Agrisul	2	1	1	1	2	1	1	4
Campo	BRS Bojuru	2	4	3	1	1	4	1	2
Campo	BRS Firmeza	3	1	1	1	1	1	1	4
Campo	BRS Atalanta	1	1	1	1	1	1	1	4
Campo	BRS Pelota	2	4	1	1	2	4	1	4
Campo	BRS Querência	2	1	2	1	2	1	1	4
Casa-de-vegetação	IAS 12 Formosa	2	4	3	1	1	4	1	2
Casa-de-vegetação	BR Irga 409	2	4	1	2	2	4	1	4
Casa-de-vegetação	BR Irga 410	2	4	1	2	2	4	1	5
Casa-de-vegetação	BR Irga 411	2	1	2	2	1	1	2	4
Casa-de-vegetação	BR Irga 412	2	1	1	2	2	1	1	4
Casa-de-vegetação	BR Irga 413	2	1	1	2	2	1	1	4
Casa-de-vegetação	BR Irga 414	2	1	1	2	2	1	1	4
Casa-de-vegetação	BRS 6 Chuí	2	1	1	2	2	1	1	4
Casa-de-vegetação	BRS 7 Taim	2	1	1	2	2	1	1	4
Casa-de-vegetação	BRS Ligeirinho	1	1	1	2	2	1	1	4
Casa-de-vegetação	BRS Agrisul	2	1	1	2	2	1	1	4
Casa-de-vegetação	BRS Bojuru	2	4	2	1	1	4	1	2
Casa-de-vegetação	BRS Firmeza	3	1	1	2	2	1	1	4
Casa-de-vegetação	BRS Atalanta	1	1	1	2	2	1	1	5
Casa-de-vegetação	BRS Pelota	2	4	1	2	2	4	1	4
Casa-de-vegetação	BRS Querência	2	1	2	2	2	1	1	4

\*CF- Cor da Folha (1=verde claro; 2=verde; 3=verde escuro); PF- Pubescência da Folha(1=ausente; 4=forte); AFB- Ângulo da Folha-bandeira(1=ereto; 2=intermediário; 3=horizontal; 4=descendente); TP- Tipo de Panícula (1=compacta; 2=intermediária); EP- Exerção da Panícula(1=completa; 2=média); PG- Pubescência das Glumelas(1=ausente; 4=forte.); CG- Coloração da Glumelas(1=amarelo-palha; 2=dourada); FG- Forma do Grão(2=semi-arredondada; 4=alongada; 5=muito alongada).



**Figura 1** - Dendrogramas resultante da análise de 16 genótipos de arroz e o ideotipo, obtido pelo método de agrupamento UPGMA, utilizando o coeficiente (c) de CRUZ e REGAZZI (2006) como medida de distância genética, com base em oito caracteres qualitativos (a = similaridade média) (A correlação cofenética foi de: A=0,72; B=0,75 e C=0,73). Pelotas/RS, Embrapa Clima Temperado -2007.