

## AGRÁRIA

Revista Brasileira de Ciências Agrárias

ISSN (on line): 1981-0997

v.6, n.2, p.280-286, abr.-jun., 2011

Recife, PE, UFRPE. www.agraria.ufrpe.br

Protocolo 1183 – 27/10/2010 \*Aprovado em 23/02/2011

DOI:10.5039/agraria.v6i2a1183

Edson F. da Silva<sup>1</sup>

Vaubam A. C. Silva<sup>2</sup>

João F. R. Guimarães<sup>1,3</sup>

Ronald R. de Moura<sup>1</sup>

# Divergência fenotípica entre genótipos de arroz de terras altas

## RESUMO

Informações sobre a divergência fenotípica entre cultivares permitem evitar a homogeneidade de cultivo, que pode resultar em vulnerabilidade a doenças e pragas. Nos programas de melhoramento genético, tais conhecimentos facilitam a escolha de genitores divergentes, os quais, quando cruzados, proporcionam maior efeito heterótico e maior variabilidade nas populações segregantes. No presente trabalho foi avaliada a divergência fenotípica entre 12 genótipos de arroz de terras altas em dois locais na Zona da Mata do Estado de Pernambuco com base em caracteres agrônomicos. Foram constatadas diferenças significativas entre os genótipos para nove dos 12 caracteres estudados, sendo que para três, verificou-se interação genótipo x ambiente. A divergência variou de 0,083 a 0,583 considerando-se os genótipos dois a dois, e entre os que podem ser mais amplamente utilizados, as duas combinações com maior divergência em ambos os locais foram Rio Parnaíba x BRSMG (curinga) e Rio Parnaíba x BRS (primavera). O agrupamento mostrou maior separação do PB 5 em relação aos demais, tendo sido formados outros dois grupos bem definidos principalmente em relação ao comportamento dos genótipos em Vitória de Santo Antão.

**Palavras-chave:** Arroz de sequeiro, caracteres agrônomicos, dissimilaridade.

## Phenotypic divergence among upland rice genotypes

## ABSTRACT

Information about the genetic divergence among cultivars could be used in order to avoid the homogeneity in cultivation and the consequent vulnerability to diseases and plagues. On breeding programs, this information facilitates the choice of dissimilar parents that, when crossed, provide higher variability on segregating populations. The aim of this work was to evaluate the divergence among 12 genotypes of upland rice in two sites of Zona da Mata region in Pernambuco, Brazil, using agronomic characters. There were significant differences among the genotypes for nine of the 12 characters studied, while genotype x environmental interaction was observed for three characters. The genetic divergence ranged from 0.083 to 0.583 considering each pair of genotypes and for the genotypes that could be more widely used in both places. The highest divergence was found between Rio Parnaíba x BRSMG (curinga) and Rio Parnaíba x BRS (primavera). The genotypes clustering showed higher PB 5 separation than the other genotypes, while two other well defined groups were formed, mainly in relation to the behavior of the genotypes in Vitória de Santo Antão, Pernambuco, Brazil.

**Key words:** Upland rice, agronomic characters, dissimilarity.

<sup>1</sup> Universidade Federal Rural de Pernambuco, Departamento de Biologia, Área de Genética, Rua Dom Manoel de Medeiros, s/n, Dois Irmãos, CEP 52171-900, Recife-PE, Brasil. Fone: (81) 3320-6313. Fax: (81) 3320-6300. E-mail: edson@db.ufrpe.br; fillipiguimaraes@yahoo.com.br; ronaldmoura1989@hotmail.com

<sup>2</sup> Faculdade de Formação de Professores da Mata Sul, BR 101 Sul, Km 1117, Santa Rosa, CEP 55540-000, Palmares-PE, Brasil. Fone: (081) 3361-0625. E-mail: vaubamsilva@yahoo.com.br

<sup>3</sup> Bolsista de Mestrado do CNPq

## INTRODUÇÃO

O arroz de terras altas, também conhecido como arroz de sequeiro, é cultivado em terras firmes, nas quais os índices pluviométricos, as enchentes dos rios e o afloramento natural dos lençóis freáticos são fontes de água disponíveis para o desenvolvimento das plantas. Esse sistema de cultivo pode ser também conduzido com irrigação suplementar por aspersão, que proporciona alta produtividade, mas depende de maiores investimentos para implantá-lo (Rangel, 1995).

Atualmente estão registradas no Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento 68 cultivares de terras altas (Brasil, 2010); porém, existem outras em uso que não estão registradas. As diferentes cultivares atendem às exigências edafoclimáticas das distintas regiões do Brasil, e quando duas ou mais cultivares que apresentam ciclos diferentes são recomendadas para uma mesma região, há a possibilidade de escalonamento dos tratos culturais e da colheita e, do ponto de vista sanitário, de propiciar a diversificação de cultivares que pode facilitar o controle de doenças.

Apesar de grande número de cultivares estarem disponíveis para essa condição de cultivo no Brasil, pesquisas realizadas na década de 1990 revelaram que a base genética do arroz de terras altas era bastante estreita (Montalván et al., 1998; Silva et al., 1999), pois apenas dez ancestrais contribuíram com mais de 72% dos genes de todas as cultivares. Para o arroz, assim como para outras grandes culturas, existe uma preocupação em relação ao estreitamento da base genética, fator que pode incorrer em vulnerabilidade às doenças e pragas.

Conhecendo a base genética e a divergência fenotípica entre cultivares e genótipos elites, pode-se optar por genitores divergentes nos programas de melhoramento genético, visando ampliar, assim, a base genética da cultura. Além disso, realizando-se cruzamentos entre genitores divergentes, pode-se obter maior efeito heterótico na geração F<sub>1</sub> e maior variabilidade nas populações segregantes, aumentando a probabilidade de selecionar genótipos transgressivos (Cruz & Regazzi, 2001). Tais benefícios justificam os esforços que

têm sido feitos para se conhecer a divergência genética e fenotípica entre cultivares e demais genótipos que possam ser utilizados como genitores.

Estudos que determinam a relação entre genótipos elites de arroz têm sido feitos por meio das genealogias (Guimarães, 1993; Rangel et al., 1996; Montalván et al., 1998; Silva et al., 1999; Silva et al., 2002), por meio de caracteres agrônômicos (Morais et al., 1998) e também por meio de marcadores moleculares (Brondani et al., 2006a; Brondani et al., 2006b; Borba et al., 2009a; Borba et al., 2009b). Utilizando-se matrizes de divergência entre genótipos é possível realizar análises de agrupamento, na qual se adotam critérios para agrupar os genótipos de modo que haja homogeneidade dentro e heterogeneidade entre os grupos.

Para a utilização em programas de melhoramento genético, as diferenças morfológicas e agrônômicas manifestadas entre os genótipos nos ambientes de cultivo são mais importantes, principalmente por refletir as interações gênicas e interações genótipo x ambiente, as quais normalmente são decisivas para a escolha de determinado cultivar ou manejo específico da cultura.

Com base neste contexto, este trabalho avaliou a divergência fenotípica entre 12 genótipos de arroz de terras altas na Zona da Mata do Estado de Pernambuco visando disponibilizar informações que possam facilitar a escolha de genitores para programas de melhoramento genético.

## MATERIAL E MÉTODOS

Avaliaram-se 12 genótipos de arroz de terras altas (Tabela 1), quanto aos principais caracteres agrônômicos em dois municípios da Zona da Mata do Estado de Pernambuco a citar: Palmares e Vitória de Santo Antão.

Visando a avaliação dos genótipos em cada local, eles foram dispostos em delineamento experimental de blocos ao acaso com quatro repetições. As parcelas foram constituídas de 5 linhas de 4 m de comprimento, espaçadas em 0,50 m, totalizando 10,0 m<sup>2</sup> de área total. No plantio, utilizou-se a

**Tabela 1.** Relação dos 12 genótipos de arroz de terras altas avaliados na Zona da Mata de Pernambuco e suas respectivas genealogias

**Table 1.** List of the 12 upland rice genotypes evaluated in the Zona da Mata region of Pernambuco, Brazil, and their respective genealogies

Número	Genótipos	Genealogias
1	IAC 47	IAC 1246 / IAC 1391
2	Bonança	CT7244-9-2-1-52-1 / CT7232-5-3-7-2-1P // CT6196-33-11-1-3-AP
3	Rio Parnaíba	IAC 47/ 63 - 83
4	Maravilha	TOX 1010-49-1 / IRAT 121/ /Colombia 1 / M312A
5	Caiapó	IRAT 13 / Beira campo // CNAX 104-B 18- Pv-28 / Perola
6	BRA 1506	CNA8077 / L141 // CNA 8198 / Lemont
7	BRA 1600	Kay Bonnet / Aimoré
8	CNAs 9045	CNA 7914 / CNAX 3031-1-13-B-1-1 // CNA 7455 / Colombia 1
9	CNA 9025 (sertanejo)	Carajás / IAC 1150 // 150 144 / CNAX 4036-5-1-1
10	BRSMG (curinga)	CT9978 - 1221P4 / CT 10037-564M1P1 // 569911 - 3P111P / CT9356
11	BRS (primavera)	IRAT 10 / LS 85 - 158
12	PB 5	Seleção em variedades locais

densidade de 75 sementes por metro linear e todas as avaliações foram feitas nas linhas centrais de cada parcela, totalizando 6,0 m<sup>2</sup> de área útil. Antes da semeadura realizou-se adubação química, com 150 kg ha<sup>-1</sup> da fórmula 4-14-8, e quarenta e cinco dias após a emergência das plântulas, foi realizada a adubação de cobertura com 30 kg de nitrogênio por hectare.

Os tratos culturais foram realizados conforme recomendações técnicas (Bresghehlo & Stone, 1998), sendo os experimentos conduzidos entre os meses de abril e julho, período que corresponde ao ano agrícola de culturas anuais da região.

Os caracteres avaliados foram: altura da planta (AP), acamamento de planta (ACP), ciclo de florescimento (CF), ciclo de maturação (CM), perfilhamento médio (PM), comprimento da panícula (CP), peso de mil grãos (PMG), produtividade de grãos (PROD), renda (RE), grãos inteiros e quebrados, rendimento de grãos (RG), percentual de espiguetas estéreis por panícula (PEEP) e percentual de espiguetas férteis por panícula (PEFP).

Para determinação de AP tomaram-se dez plantas ao acaso, nas quais se mediu o comprimento da base da planta até a extremidade da panícula, e a avaliação de ACP foi realizada por meio de observações visuais no final da fase de maturação, adotando-se notas por avaliação visual com escala de 1 (nenhuma planta acamada) a 9 (100% de plantas acamadas) conforme Azzini et al. (1995).

Para a avaliação do CF protocolou-se a data do florescimento que correspondeu ao dia em que 50% das plantas apresentaram emissão da inflorescência; da mesma forma, o final do CM foi considerado quando 50% das panículas se apresentavam secas (cor palha), conforme Azzini et al. (1995). Para a avaliação do PM, realizou-se a contagem das plântulas em uma amostra de um metro linear tomada ao acaso, determinando-se desta forma, o estande inicial. Por ocasião da maturação realizou-se a contagem do número de perfilhos no mesmo metro linear de cada parcela e obteve-se o PM pela divisão do número de perfilho no final do ciclo pelo valor obtido para o estande inicial verificado em cada parcela, conforme Silva et al. (2010). Obteve-se o CP a partir da medição do primeiro nó até a extremidade do último grão, em 25 panículas de cada parcela.

O PMG foi determinado por meio da avaliação de oito amostras de 100 sementes por parcela com umidade de 13%, e quando o coeficiente de variação das amostras não ultrapassou 6%, multiplicou-se o valor médio do peso das amostras por dez, para se obter o PMG para cada parcela, conforme as regras para a análise de sementes do Ministério da Agricultura do Brasil (Brasil, 2009).

A PROD foi avaliada utilizando-se o total de grãos, com umidade em torno de 13%, proveniente de cada parcela, pesado em balança mecânica com precisão de 0,1 g e capacidade para 25 kg, sendo que as médias de PROD das parcelas foram transformadas para kg ha<sup>-1</sup>. A RE, que correspondente ao peso percentual dos grãos beneficiados e polidos, incluindo-se os grãos quebrados, foi avaliada a partir de uma amostra de 100 gramas do arroz “em casca” provenientes da produção total de cada parcela com 13% de

umidade. Para beneficiar os grãos utilizou-se uma máquina para pequenas amostras (Máquina Suzuki - Modelo MT 87). A avaliação de RG foi representada pelo peso total de grãos inteiros após o beneficiamento da mesma amostra de 100 g em casca, sendo que a separação foi feita no *trieur* da mesma máquina utilizada no beneficiamento, cuja pesagem foi realizada em balança de precisão de 0,01 g.

Avaliou-se o PEEP por meio da contagem dos grãos férteis de todas as panículas colhidas para a avaliação do comprimento de panículas, sendo o valor, em seguida, dividido pelo número total de panículas. O PEEP foi avaliado separando-se as espiguetas manualmente em dois grupos: granadas e estéreis. O número total de grãos estéreis foi dividido pelo número total das mesmas panículas utilizadas para a determinação do número de espiguetas férteis, conforme Silva et al. (2010).

A comparação das médias para os caracteres entre os genótipos foi realizada pelo teste de Tukey ao nível de 5% de probabilidade, depois de verificada a significância entre as fontes de variação pela análise de variância pelo programa Genes (Cruz, 1997). Como houve interação genótipo x ambiente a análise de divergência fenotípica foi realizada para ambos os locais.

Para obtenção do coeficiente Simple Matching, utilizaram-se as diferenças entre as médias dos caracteres discriminadas pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade, exceto para o caráter ACP, para o qual foram adotadas notas. Para os caracteres em que a interação genótipo x ambiente não foi significativa, utilizaram-se os valores da análise conjunta, e para os que tiveram interação significativa, utilizaram-se as médias de cada local, conforme a Tabela 2.

Para a definição da altura de corte e consequente separação dos grupos nos dendrogramas obtidos, adotou-se a metodologia de Mojena (1977) com  $k=1,25$ , como sugerido por Milligan & Cooper (1985). As estimativas foram obtidas por meio do aplicativo computacional Genes (Cruz, 1997).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Pela análise estatística detectaram-se diferenças significativas entre as médias para os genótipos ao nível de 5% de probabilidade para os caracteres AP, CF, CM, CP, PM, PMG, RG e PEEP, e também houve diferença entre os genótipos para ACP conforme os critérios utilizados para a atribuição das notas apresentadas na Tabela 2. Para os caracteres PROD, RE e PEPF não houve diferenças significativas entre os genótipos em ambos os locais. Interações genótipo x ambiente significativas foram observadas para os caracteres AP, CF e PEEP, indicando que os genótipos avaliados se comportaram de forma diferenciada nos ambientes para as referidas características.

Os coeficientes de variação (CV%) foram baixos, apresentando-se superiores a 20% apenas para o caráter PM na análise conjunta e para o caráter PEEP em Palmares (Tabela 2).

Em relação à similaridade fenotípica, como os caracteres utilizados são todos controlados por poligenes, as diferenças

**Tabela 2.** Comparação entre as médias e o coeficiente de variação para 12 genótipos de arroz de terras altas nas análises conjuntas para os caracteres que tiveram interação genótipo x ambiente, e em cada local (Palmares e Vitória de Santo Antão - PE) para os que tiveram interação

**Table 2.** Comparison between the means and the variation coefficient for 12 upland rice genotypes evaluated in conjunct analyzes for the characters that had genotype x environment interaction, and in each place (Palmares and Vitória de Santo Antão - PE) for the characters that had interaction

Caracteres	Genótipos *												CV%
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	
Médias na análise conjunta (Palmares e Vitória de Santo Antão)													
ACP	7	1	3	5	3	1	3	1	3	1	5	1	-
CM (d)	101bcd	97de	103b	101bcd	103bc	99cde	95e	96e	97 de	99 cde	98 de	115 a	1,69
CP (cm)	24,12ac	22,60bc	24,38ac	22,67bc	22,76ac	25,66ab	24,58 ac	22,59 bc	26,37 a	22,46 bc	25,49 ab	21,60c	6,43
PM	2,41ab	2,25b	2,25b	2,51ab	2,46ab	2,59ab	1,86b	1,93b	1,78b	3,51a	2,14b	2,39ab	21,18
PMG (g)	26,23abc	21,77d	29,14a	27,25ab	25,58bc	26,31abc	23,30cd	24,60bcd	26,86ab	23,98bcd	23,02cd	21,87d	5,51
PROD (kg/h)	4,077a	4,98a	4,82a	4,51a	5,06a	4,68a	4,15a	4,81a	5,209a	5,02a	4,20a	5,02a	16,1
RE (g)	56,58a	58,80a	56,50a	58,25a	58,49a	56,10a	59,07a	59,81a	57,78a	58,21a	57,88a	57,52a	5,02
RG (g)	50,97ab	55,26ab	52,15ab	51,72ab	55,87ab	46,31bc	51,05ab	56,14a	50,18ab	53,72ab	50,88ab	39,75c	7,84
PEEP**	1,20a	1,27a	1,19a	1,22a	1,24a	1,12a	1,21a	1,29a	1,17a	1,23a	1,28a	1,09a	11,01
Médias em Palmares													
AP (m)	1,76a	1,23d	1,62a	1,71a	1,56b	1,36c	1,42b	1,37c	1,45b	1,27c	1,47b	1,05e	4,85
CF (d)	74b	68b	74b	76b	71b	71b	68b	68b	72b	72b	69b	85a	4,66
PEEP**	0,43a	0,25b	0,40a	0,30a	0,31a	0,45a	0,32a	0,28a	0,35a	0,25b	0,25b	0,47a	24,23
Médias em Vitória de Santo Antão													
AP (m)	1,68a	1,17d	1,56b	1,63a	1,31c	1,28d	1,29c	1,19d	1,27 d	1,21d	1,40c	0,94e	3,78
CF (d)	69c	52e	70b	68c	74b	69c	60d	61d	64 d	70b	68c	84a	2,96
PEEP**	0,31b	0,36b	0,36b	0,39a	0,34b	0,45a	0,40a	0,29b	0,45 a	0,42a	0,39a	0,49a	13,76

\*1 = IAC 47, 2 = Bonança, 3 = Rio Parnaíba 4 = Maravilha, 5 = Caiapó, 6 = BRA 1506, 7 = BRA 1600, 8 = CNAs 9045, 9 = CNA 9025 (sertanejo), 10 = BRSMG (curinga), 11 = BRS (primavera) e 12 = PB 5)

Médias seguidas da mesma letra em cada linha não diferem estatisticamente ao nível de 5% de probabilidade, pelo teste Tukey

ACP (acamamento da planta), CM (ciclo de maturação), CMP (comprimento médio de panicula), PM (perfilhamento médio), PMG (peso de mil grãos), PROD (produtividade), RE (renda), RG (rendimento), PEEP (percentual de espiguetas férteis por panicula), AP (altura da planta), CF (ciclo de florescimento), PEEP (percentual de espiguetas estéreis por panicula)

\*\* Valores transformados pela fórmula: arco seno

significativas entre as médias observadas aferem representatividade em relação ao comportamento dos genótipos. Além disso, três dos caracteres avaliados neste estudo (altura de planta, ciclo de floração e peso de grão) responderam pela maior parte da divergência obtida em estudo realizado por Moraes et al. (1998) com arroz irrigado, e, portanto, devem ter contribuído significativamente para a eficiência dos dados deste estudo.

A dissimilaridade entre os genótipos variou de 0,083 a 0,583, sendo que as maiores divergências observadas nos dois locais ocorreram nas combinações envolvendo o genótipo PB 5 (Tabelas 3 e 4). Isso se deve principalmente à origem desse material, pois o PB 5 é originário por seleção a partir de raças locais ou variedades crioulas, cultivadas no Nordeste do Brasil desde a colonização. Esse genótipo possui pericarpo vermelho (denominado arroz vermelho ou arroz da terra) e tem cultivo restrito a pequenos agricultores do Nordeste do Brasil, além de apresentar características parecidas com os cultivares de arroz irrigado, tais como arquitetura mais ereta, ciclo mais tardio, alto perfilhamento e pilosidade na folhas e grão. Por sua vez, os demais genótipos são provenientes de hibridações artificiais e seleções para ambiente de terras altas

realizadas em programas de melhoramento genético, e não apresentam os caracteres mencionados para o PB 5.

Nenhum dos genótipos avaliados neste estudo participou de outros estudos de caracterização morfoagronômica. O CNAs 9045 e o Bonança participaram de estudos de avaliação de raças locais de arroz de terras-altas brasileiras, realizados com polimorfismo de DNA (SSR-simple sequence repeat), no qual a distância genética obtida pelo coeficiente de Rogers W variou entre 0,37 e 0,74. Adicionalmente, os referidos genótipos apresentaram baixo polimorfismo e compuseram o mesmo grupo quando observado o dendrograma gerado (Brondani et al., 2006b). Utilizando a mesma metodologia, Borba et al. (2009b) obtiveram valores de distância genética variando entre 0,46 a 0,89 na avaliação de genótipos elites de arroz de terras-altas.

Quanto à avaliação dos 12 genótipos em Palmares e em Vitória de Santo Antão a maior divergência (0,583) em Palmares foi observada nas combinações entre PB 5 x IAC 47, PB 5 x Rio Parnaíba, PB 5 x Caiapó e PB 5 x CNA 9025 (sertanejo) (Tabela 3); enquanto que em Vitória de Santo Antão esses valores foram observados entre PB 5 x CNA 9025 (sertanejo) e PB 5 x BRS (primavera) (Tabela 4). Apesar de as maiores estimativas de divergência fenotípica terem envolvido o PB 5, atualmente, esse

**Tabela 3.** Matriz de similaridade obtida pelo coeficiente de Simple Matching para 12 genótipos de arroz de terras altas a partir de caracteres morfológicos no município de Palmares-PE**Table 3.** Similarity matrix obtained by the Simple Matching coefficient for 12 upland rice genotypes from morphological characters in Palmares - PE

*	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1	0,333	0,333	0,166	0,250	0,250	0,416	0,250	0,333	0,333	0,250	0,583
2	-	0,416	0,416	0,416	0,250	0,333	0,083	0,416	0,250	0,333	0,416
3		-	0,333	0,166	0,416	0,416	0,416	0,333	0,500	0,500	0,583
4			-	0,333	0,166	0,333	0,333	0,416	0,333	0,166	0,500
5				-	0,333	0,250	0,333	0,416	0,166	0,333	0,583
6					-	0,250	0,250	0,166	0,083	0,166	0,416
7						-	0,333	0,166	0,250	0,166	0,333
8							-	0,250	0,250	0,333	0,416
9								-	0,333	0,333	0,583
10									-	0,333	0,333
11										-	0,500

\*1 = IAC 47, 2 = Bonança, 3 = Rio Parnaíba, 4 = Maravilha, 5 = Caiapó, 6 = BRA 1506, 7 = BRA 1600, 8 = CNAs 9045, 9 = CNA 9025 (sertanejo), 10 = BRSMG (curinga), 11 = BRS (primavera) e 12 = PB 5

**Tabela 4.** Matriz de similaridade obtida pelo coeficiente de Simple Matching para 12 genótipos de arroz de terras altas a partir de caracteres morfológicos no município de Vitória de Santo Antão-PE**Table 4.** Similarity matrix obtained by the Simple Matching coefficient for 12 upland rice genotypes from morphological characters in the municipality of Vitória de Santo Antão- PE

*	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1	0,333	0,166	0,083	0,166	0,166	0,250	0,166	0,166	0,250	0,250	0,500
2	-	0,416	0,333	0,416	0,250	0,250	0,166	0,416	0,166	0,166	0,416
3		-	0,083	0,166	0,250	0,250	0,333	0,166	0,500	0,416	0,500
4			-	0,166	0,166	0,250	0,166	0,333	0,333	0,250	0,500
5				-	0,166	0,083	0,250	0,166	0,166	0,250	0,500
6					-	0,166	0,083	0,166	0,083	0,250	0,416
7						-	0,250	0,083	0,250	0,166	0,333
8							-	0,250	0,166	0,250	0,333
9								-	0,416	0,250	0,583
10									-	0,250	0,416
11										-	0,583

\*1 = IAC 47, 2 = Bonança, 3 = Rio Parnaíba, 4 = Maravilha, 5 = Caiapó, 6 = BRA 1506, 7 = BRA 1600, 8 = CNAs 9045, 9 = CNA 9025 (sertanejo), 10 = BRSMG (curinga), 11 = BRS (primavera) e 12 = PB 5

genótipo dificilmente será utilizado em diversificação da cultura com os demais genótipos por apresentar pericarpo vermelho e não ser bem adaptado ao sistema de cultivo de terras-altas.

As baixas estimativas de divergência observadas, envolvendo as combinações dos genótipos Bonança x CNAs 9045 e entre BRA 1506 x BRSMG (curinga) em Palmares (Tabela 3) e IAC 47 x Maravilha, Rio Parnaíba x Maravilha, Caiapó x BRA 1600, BRA 1506 x CNAs 9045, e BRA 1600 x CNA 9025 (sertanejo) em Vitória de Santo Antão (Tabela 4), devem-se, provavelmente, à realização de seleção convergente durante o desenvolvimento deles, visando um ideótipo, principalmente quanto ao tipo de grão longo fino, ciclo curto e arquitetura ereta quando foram desenvolvidos. Esta hipótese é fortalecida pelo fato de que na genealogia tais genótipos não são aparentados (Tabela 1).

Entre os demais genótipos, os quais têm cultivo mais abrangente, o mais alto valor de divergência (0,500) foi

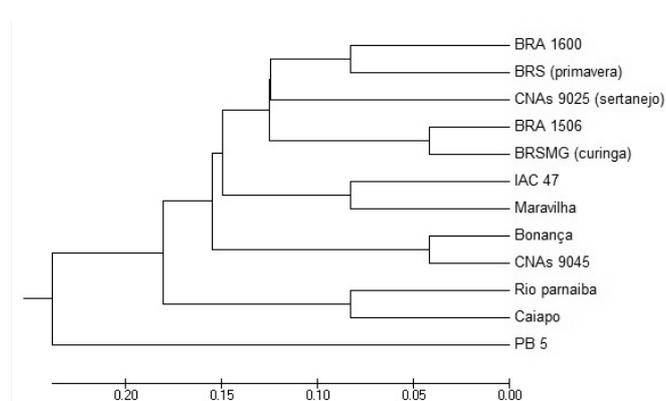
observado entre os genótipos Rio Parnaíba x BRSMG (curinga) e Rio Parnaíba x BRS (primavera) em Palmares (Tabela 3), e entre Rio Parnaíba x BRSMG (curinga) em Vitória de Santo Antão (Tabela 4). Portanto, por terem sido os mais divergentes nos dois locais, os genótipos Rio Parnaíba e BRSMG (curinga) podem gerar maior efeito heterótico e maior variabilidade em cruzamentos.

Todavia, estudos específicos de capacidade combinatória destes genótipos devem ser executados com vistas a otimizar as ações de melhoramento genético. Exemplo disso é o fato de que, embora a diversificação de cultivares possa ser feita utilizando-se esses dois genótipos, o ciclo de maturação da cultivar Rio Parnaíba foi apenas cinco dias mais tardio em relação ao BRSMG (curinga). Além disso, para o comércio, não é conveniente misturar grãos dos dois genótipos, pois a cultivar Rio Parnaíba apresenta grão longo, conforme valor da relação

comprimento/largura do grão de 2,77 (Bastos et al., 2000), enquanto o genótipo BRSMG (curinga) possui grão longo fino (Moraes et al., 2005), portanto, a mistura incorre em perda de qualidade comercial.

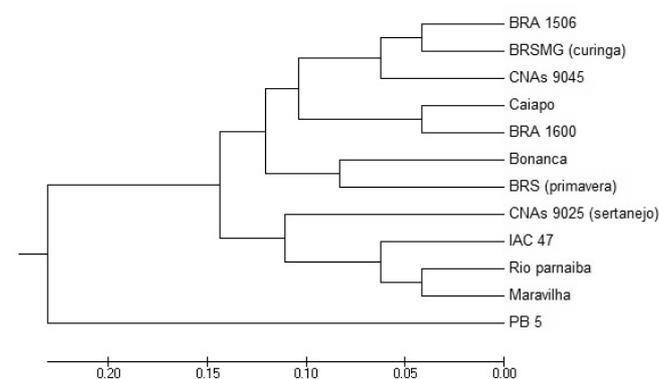
Pelo agrupamento dos genótipos pode-se observar que o genótipo PB 5 ficou isolado dos demais tanto em Palmares como em Vitória de Santo Antão (Figuras 1 e 2).

Os coeficientes de correlação cofenética ( $r$ ) obtidos para os dendrogramas das localidades de Palmares e Vitória de Santo Antão foram de 0,76 e 0,69, com percentual de distorção de 4,8 e 10,7%, respectivamente, demonstrando a existência de um ajuste regular entre as matrizes de similaridade e os dendrogramas obtidos. Foi estimado também o coeficiente de estresse ( $S$ ) para as duas localidades, em que se obteve o valor de 0,22 para Palmares



**Figura 1.** Agrupamento dos genótipos pelo método UPGMA a partir da matriz de similaridade obtida pelo coeficiente de Simple Matching para o município de Palmares, PE

*Figure 1.* UPGMA cluster from the similarity matrix obtained by the Simple Matching coefficient for the 12 genotypes of upland rice in the municipality of Palmares-PE



**Figura 2.** Agrupamento dos genótipos pelo método UPGMA a partir da matriz de similaridade obtida pelo coeficiente de Simple Matching para o município de Vitória de Santo Antão

*Figure 2.* UPGMA cluster from the similarity matrix obtained by the Simple Matching coefficient for the 12 genotypes of upland rice in the municipality of Vitória de Santo Antão-PE

e 0,33 para Vitória de Santo Antão. De acordo com a metodologia de Mojena (1977) foi sugerido corte na altura de 0,175 de similaridade para o dendrograma oriundo da avaliação no município de Palmares, sem considerar o genótipo PB 5 (Figura 1), o que possibilitou a separação de dois grupos distintos, sendo o grupo menor composto pelos genótipos Rio Parnaíba e Caiapó e o grupo maior composto pelos demais genótipos avaliados. Para o dendrograma referente ao município de Vitória de Santo Antão foi sugerido corte na altura de 0,137 de similaridade, resultando também na formação de dois grupos, não considerando o genótipo PB 5, sendo o menor grupo composto pelos genótipos CNAs 9025 (sertanejo), IAC 47, Rio Parnaíba e Maravilha, e o grupo maior pelos demais genótipos (Figura 2).

Esse agrupamento sugere que, não havendo interesse no cultivo do PB 5, a melhor opção de diversificação com dois genótipos seria utilizar-se um de cada grupo mencionado anteriormente. No caso de se utilizar três genótipos, o mais indicado seria optar pelos genótipos IAC 47, o Bonança ou CNAs 9045 e o BRA 1506 ou BRSMG (curinga).

## CONCLUSÕES

O genótipo PB 5 foi o mais divergente em relação aos outros 11 avaliados, tanto em Palmares como em Vitória de Santo Antão.

Visando ao cultivo em terras altas, os dados preliminares indicam que o cruzamento entre os genótipos Rio Parnaíba e BRSMG (curinga) ou BRS (primavera) seria o mais indicado para gerar maior efeito heterótico e maior variabilidade nas gerações segregantes.

## AGRADECIMENTOS

Ao pesquisador José Almeida Pereira, do Centro de Pesquisa Agropecuária Meio Norte, EMBRAPA, por disponibilizar sementes para a realização dos experimentos.

## LITERATURA CITADA

- Azzini, L.E.; Bastos, C.R.; Villela, O.V.; Gallo, P.B.; Sakai, M.; Soave, J.; Castro, L.H.S.M.; Tisseli Filho, O. Melhoramento do arroz: comportamento de cultivares e linhagens de arroz irrigado no Estado de São Paulo em 1990/91 e 1991/92. *Bragantia*, v.54 n.2, p.287-296, 1995. [Crossref](#)
- Bastos, C.R.; Tisseli Filho, O.; Azzini, L.E.; Martins, A.L.M.; Pettinelli Filho, A.; Paulo, E.M.; Soave, J.; Pereira, J.C.V.N. A.; Castro, L.H.S.M.; Razera, L.F.; Carvalho, L.H.; Bortoletto, N.; Gallo, P.B. IAC 202: arroz de alta produtividade e qualidade para cultura de sequeiro. *O Agrônomo*, v.52, n.1, p.24-25, 2000.
- Borba, T.C.O.; Brondani, R.V.; Rangel, P.H.N.; Brondani, C. Microsatellite marker-mediated analysis of the Embrapa rice

- core collection genetic diversity. *Genetica*, v.137, n. 3, p.293-304, 2009a. [Crossref](#)
- Borba, T.C.O.; Mendes, C.A.; Guimarães, E.P.; Brunes, T.O.; Fonseca, J.R.; Brondani, R.V.; Brondani, C. Genetic variability of Brazilian rice landraces determined by SSR markers. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.44, n.7, p.706-712, 2009b. [Crossref](#)
- Brasil. Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento. Secretaria de Defesa Agropecuária. Brasília: MAPA/ACS, 2009. 399p.
- Brasil. Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento. Registro Nacional de Cultivares – RNC. <http://www.agricultura.gov.br>. 17 Set. 2010.
- Breseghele, F.; Stone, L.F. Tecnologia para o arroz de terras altas, Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 1998. 161p.
- Brondani, C.; Borba, T.C.O.; Rangel, P.H.N.; Brondani, R.P.V. Determination of genetic variability of traditional varieties of Brazilian rice using microsatellite markers. *Genetics and Molecular Biology*, v.29, p.676-684, 2006a. [Crossref](#)
- Brondani, C.; Caldeira, K.S.; Borba, T.C.O.; Rangel, P.N.; Morais, O.P.; Castro, E.M.; Rangel, P.H.N.; Mendonça, J.A.; Brondani, R.V. Genetic variability analysis of elite upland rice genotypes with SSR markers. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v.6, n.1, p.9-17, 2006b.
- Cruz, C.D. Programa genes: aplicativo computacional. Viçosa, MG: UFV, 1997. 442p
- Cruz, C.D.; Regazzi, A.J. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 2.ed. Viçosa, MG: Imprensa Universitária-UFV, 2001. 390p.
- Guimarães, E.P. Genealogy of Brazilian upland rice. *International Rice Research Newsletter Notes*, v.18, n.1, p.6, 1993.
- Milligan, G.W.; Cooper, M.C. An examination of procedures for determining the number of clusters in a data Set”, *Psychometrika*, v.50, n.2, p.159-179, 1985. [Crossref](#)
- Mojena, R. Hierarchical grouping methods and stopping ruler: an evaluation. *The Computer Journal*, v.20, n.4, p.359-363, 1977. [Crossref](#)
- Montalván, R.; Destro, D.; Silva, E.F.; Montañó, J.C. Genetic base of Brazilian upland rice cultivars. *Journal of Genetics and Breeding*, v.52, n.3, p.203-209, 1998.
- Morais, O.P.; Castro, E.M.; Soares, A.A.; Guimarães, E.P.; Chatel, M.; Ospina, Y.; Lopes, A.M.; Pereira, J.A.; Utumi, M.M.; Centeno, A.C.; Fonseca, J.R.; Breseghele, F.; Guimarães, C.M.; Bassinello, P.Z.; Prabhu, A.S.; Ferreira, E.; Souza, N.R.G.; Souza, M.A.; Reis, M.S.; Santos, P.G. BRSMG Curinga: cultivar de arroz de terras altas de ampla adaptação para o Brasil. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2005. 8p. (Comunicado Técnico, 114).
- Morais, O.P.; Silva, J.C.; Cruz, C.D.; Regazzi, A.J.; Neves, P.C.F. Divergência genética entre os genitores da população de arroz irrigado CNA-IRAT 4. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.33, n.8, p.1339-1348, 1998.
- Rangel P.H.N. Desenvolvimento de cultivares de arroz irrigado para o Estado do Tocantins. *Lavoura Arrozeira*, v.48, n.424, p.11-13, 1995.
- Rangel, P.H.N.; Guimarães, E.P.; Neves, P.C.F. Base genética das cultivares de arroz (*Oryza sativa* L) irrigado do Brasil. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.31, n.5, p.349-357, 1996.
- Silva V.A.; Silva, E.F.; Tabosa, J.N. Comportamento de genótipos de arroz de terras altas na Zona da Mata de Pernambuco. *Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental*, v.14, n.10, p.1030-1037, 2010. [Crossref](#)
- Silva, E.F.; Ando, A.; Veasey, E.A. Origin of cytoplasmic genes of Brazilian upland rice cultivars. *International Rice Research Notes*, v.27, n.1, p.29-30, 2002.
- Silva, E.F.; Montalván, R.; Ando, A. Genealogia dos cultivares de arroz-de-sequeiro. *Bragantia*, v.58, n.2, p.281-286, 1999. [Crossref](#)