

## DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE ARROZ SUBMETIDOS À SALINIDADE DURANTE O ESTÁDIO DE PLÂNTULA

*Antonio Roberto Cardoso Siqueira, Romulo Felipe Carneiro Coelho, Francisco Jardeson Oliveira Fortes, Antonio Felipe Ferreira de Sousa, Ricardo de Normandes Valadares e Izumy Pinheiro Doihara*

Universidade Federal do Maranhão, Centro de Ciências Agrárias e Ambientais - CCAA, BR 222, s/n, Bairro Boa vista, 65500-000, Chapadinha - MA - Brasil. robertosiqueirageo@yahoo.com.br; romulocoelho31@gmail.com; jardeson13f@hotmail.com; antoniofelipe1969@hotmail.com; rnvaladares@yahoo.com.br; izumyrh@gmail.com.

O objetivo deste trabalho foi estimar a divergência genética entre genótipos de arroz (*Oryza sativa* L.) submetidos à salinidade durante o estágio de plântula. Os experimentos foram conduzidos em hidroponia sob casa-de-vegetação, localizados na Universidade Federal do Maranhão, Chapadinha, Maranhão, Brasil, entre os meses de maio e julho de 2019. Foram avaliados 10 genótipos de arroz coletados em dois municípios do Maranhão (Chapadinha e São Mateus); os experimentos diferiram quanto ao nível de condutividade elétrica adotado ( $\pm 1,98$  e  $12 \text{ dS m}^{-1}$ ). Após 22 dias, foram avaliados oito caracteres morfológicos e os resultados submetidos a análises multivariadas. Os métodos de UPGMA (*Unweighted Pair Grouped Method Average*) e o método de otimização de Tocher, baseados na distância de Mahalanobis seguiram a mesma tendência de agrupamento dos genótipos, formando grupos parcialmente distintos. O caráter Índice de velocidade de emergência (IVE - %) foi o que mais contribuiu para a dissimilaridade genética entre os genótipos, pelo método de Singh. Na condutividade elétrica de  $12 \text{ dS m}^{-1}$ , os genótipos não apresentaram tolerância à salinidade. O coeficiente de correlação cofenética (r) foi de 0,80.

**Palavras-chave:** *Oryza sativa* L., tolerância, variabilidade genética, sementes.

**Genetic divergence between rice genotypes under salinity conditions.** The objective of this work was to estimate the genetic divergence between rice genotypes (*Oryza sativa* L.) subjected to salinity during the seedling stage. The experiments were carried out in hydroponics conditions and a greenhouse located at the Federal University of Maranhão, Chapadinha, Maranhão, Brazil, between the months of May and July 2019. 10 rice genotypes collected in two municipalities of Maranhão (Chapadinha and São Mateus) were sown under two levels of electrical conductivity (EC) ( $\pm 1.98$  and  $12 \text{ dS m}^{-1}$ ). After 22 days, eight morphological characters were evaluated and the results were subjected to multivariate analyzes. The UPGMA methods (*Unweighted Pair Grouped Method Average*) and the Tocher optimization method (based on the Mahalanobis distance), followed the same trend of grouping the genotypes, forming partially different groups. The emergence rate index (IVE -%) contributed to the genetic difference between genotypes, using the Singh method. At  $12 \text{ dS m}^{-1}$  EC, the genotypes didn't show tolerance to salinity. The correlation coefficient (r) was 0.80.

**Key words:** *Oryza sativa* L., tolerance, electrical conductivity.

## Introdução

O arroz (*Oryza sativa* L.) é um cereal da família Poaceae e gênero *Oryza*. É o 2º cereal mais cultivado no mundo, atrás apenas do trigo. É produzido predominantemente na Ásia; em 2018 o continente representou o equivalente a 90,2% de todo arroz produzido no Mundo, tendo como os principais produtores a China, Índia e Indonésia; o Brasil ocupou o 9º lugar (FAO, 2018). No Brasil, o Rio Grande do Sul, Santa Catarina e Tocantins são os maiores produtores; o Maranhão ocupou o 5º lugar (IBGE, 2018).

Dentre os fatores ambientais que influenciam o crescimento, desenvolvimento e conseqüentemente a produtividade do arroz, está a salinidade. Segundo Rhoads, Kandiah e Mashali, 2000, a intensidade com que ocorre esta influência, está relacionada a fatores da própria planta, solo e à água de irrigação, às práticas de manejo e ao clima; destacando-se a cultivar, o estágio de desenvolvimento da cultura e a intensidade e duração do estresse. Todavia, existe variabilidade genética para tolerância à salinidade no arroz (Fageria, 1984), embora o nível de tolerância não seja muito alto, especialmente nas cultivares modernas (Grattan et al., 2002), o que torna possível a seleção de genótipos tolerantes.

A identificação da variabilidade genética entre genótipos para a tolerância à salinidade, ainda na fase vegetativa, é fundamental, pois permite a seleção de genótipos tolerantes ainda nas fases iniciais do desenvolvimento da planta. Dentre as metodologias utilizadas na predição da divergência genética, estão os métodos aglomerativos - otimização de Tocher e hierárquicos UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic Averages*), baseados em matriz de dissimilaridade genética, como a distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ) (Cruz, Regazzi e Carneiro, 2012; Cruz, Carneiro e Regazzi, 2014).

Ainda, pode-se adotar a análise de correlação cofenética para aumentar a confiabilidade das conclusões frente à interpretação baseadas nos dendrogramas. Essa estabelece uma correlação entre a matriz de similaridade ou dissimilaridade com o dendrograma gerado, ou seja, compara as reais distâncias obtidas entre os acessos com as distâncias representadas graficamente (Kopp et al., 2007). Quanto maior for o valor da correlação, menor será a distorção provocada pelo agrupamento.

Diante do exposto, o presente trabalho teve como objetivo estimar a divergência genética entre genótipos de arroz para caracteres avaliados no estágio de plântula, visando gerar informações para a escolha de genótipos nos programas de melhoramento para tolerância a salinidade.

## Material e Métodos

Os experimentos foram conduzidos em hidroponia por sub-irrigação, mantida sob casa-de-vegetação localizada no Centro de Ciências Agrárias e Ambientais da Universidade Federal do Maranhão, Chapadinha, Maranhão, Brasil (-3.618327 latitude, - 43.3162756 de longitude, a 104 m de altitude) entre o meses de maio e julho de 2019.

Foram avaliados 10 genótipos de arroz coletados nas cidades de Chapadinha e São Mateus, Maranhão, Brasil. O delineamento experimental utilizado em ambos os experimentos foi o de blocos casualizados com quatro repetições e oito plântulas por parcela experimental.

No primeiro experimento, a solução nutritiva disponibilizada para as plântulas foi constituída dos seguintes nutrientes diluídos em 200 litros de água: 88,4 g de Nitrato de Cálcio; 55,9 g de Nitrato de Potássio; 45 g de Sulfato de Magnésio; 22 g de MAP - fosfato monoamônico, 2,5 g de Coquetel de Micronutriente e 2,5 g de Ferro quelatizado. No segundo experimento, além dos nutrientes citados anteriormente, foi adicionado 1364 g de Cloreto de sódio visando elevar a condutividade elétrica da solução para valores acima da salinidade limiar da cultura do arroz, que é de 3,3 dS m<sup>-1</sup>.

Os valores da condutividade elétrica da solução nutritiva em ambos os experimentos foram aferidos com um condutivímetro digital de bolso, mantendo a condutividade elétrica da solução com Cloreto de Sódio em  $\pm 12$  dS m<sup>-1</sup>. A condutividade elétrica do experimento controle, foi mantida em  $\pm 1,98$  dS m<sup>-1</sup>. O pH de ambas as soluções foi mantido na faixa de 5,8 a 6,5.

Após 22 dias, os seguintes caracteres foram avaliados: Percentual de germinação (% - GER), Índice de velocidade de emergência (IVE - %), Altura da parte aérea (APA - cm), Número de folhas por plântula (NFP), Comprimento da raiz (CR - cm), Número de

raízes por plântula (NRP), Massa fresca da parte aérea (MFPA - g) e Massa fresca da raiz (MFR - g). Apenas para os caracteres % GER e IVE foram obtidos os valores de desempenho relativo (aumento ou redução), considerando-se 100% o valor absoluto do tratamento controle, com a finalidade de observar o desempenho diferencial dos genótipos frente ao estresse causado pelo nível de salinidade adotado. Para os demais caracteres não foi possível a obtenção desta estimativa em função do índice de sobrevivência no 20º dia no experimento contendo Cloreto de Sódio ter alcançado 0%.

Os dados foram inicialmente submetidos à análise de variância univariada ( $p < 0,05$ ) e a partir das médias e da matriz de variâncias e covariâncias residuais foi obtida a matriz de dissimilaridade genética com base na distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ). O agrupamento dos genótipos foi obtido pelo método UPGMA (*Unweighted Pair Grouped Method Average*) e pelo método de otimização de Tocher.

Foi também estudada a importância relativa dos caracteres na predição da diversidade genética, por meio da participação dos componentes de  $D^2$ , relativos a cada caráter no total da dissimilaridade observada, estimando-se, para tanto, a diversidade entre os genótipos também pela distância de Mahalanobis (Singh, 1981).

Para testar a eficiência do método de agrupamento hierárquico, estimou-se o coeficiente de correlação cofenética, obtido com 1.000 simulações, analisado pelo teste “t”.

O ponto de corte ( $P_c$ ) do dendrograma formado pelo método de UPGMA foi definido conforme proposto por Mojema (1977), seguindo-se a fórmula

$P_c = m + kdp$ , sendo  $m$  = a média dos valores de distância dos níveis de fusão correspondentes aos estádios;  $k = 1,25$  (Milligan & Cooper, 1985);  $dp$  = desvio padrão.

Todas as análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do programa GENES, versão 1990.2018.75 (Cruz, 2013).

## Resultados e Discussão

O resultado da análise de variância indicou diferenças significativas a 5% de probabilidade pelo teste F para maioria dos caracteres, exceto para Altura da parte aérea (APA - cm), Número de raízes por plântula (NRP) e Massa fresca da raiz (MFR - g). O coeficiente de variação oscilou entre 9,17% para o caráter Comprimento de raízes (CR - cm) e 21,94% para o caráter Massa fresca da parte aérea (MFPA - g), indicando boa precisão experimental (Tabela 1).

A importância relativa dos caracteres avaliados quanto à dissimilaridade genética observada entre os genótipos foi estimada pelo método de Singh (1981). Esse método considera que os caracteres de maior importância expressam maior variabilidade genética. Neste aspecto, constatou-se que o caráter que apresentou a maior contribuição para a dissimilaridade genética e, portanto, o de maior variabilidade genética entre os genótipos avaliados, foi o Índice de velocidade de emergência (IVE - %) (45,45%). Os caracteres IVE, MFPA e o Número de folhas por plântula (NFP) explicaram 76,83% da dissimilaridade genética total (Tabela 2).

Tabela 1. Resumo da análise de variância resultante da análise de 10 genótipos de arroz submetidos a salinidade durante o estádio de plântula

FV	GL	Quadrados Médios							
		APA - cm	NRP	CR	NFP	MFPA - g	MFR - g	GER - %	IVE - %
Blocos	3	5,41	7,89	1,31	0,22	0,06	0,50	17,50	0,04
Genótipos	9	19,94 <sup>ns</sup>	4,90 <sup>ns</sup>	5,16 <sup>**</sup>	0,26 <sup>**</sup>	0,07 <sup>**</sup>	0,01 <sup>ns</sup>	1.591,39 <sup>**</sup>	4,37 <sup>**</sup>
Erro	27	11,24	6,39	1,40	0,06	0,01	0,02	132,32	0,28
Média		26,72	6,51	12,91	2,55	0,54	0,40	75,25	2,79
CV (%)		12,55	38,83	9,17	10,08	21,94	30,11	15,29	18,86

\*\* Diferença significativa a 5% de probabilidade; ns: não-significativo.

Altura da parte aérea (APA), Número de raízes por plântula (NRP), Comprimento da raiz (CR - cm), Número de folhas por plântula (NFP), Massa fresca da parte aérea (MFPA - g), Massa fresca da raiz (MFR - g), Percentual de germinação (% - GER), Índice de velocidade de emergência (IVE - %).

Tabela 2. Contribuição relativa dos caracteres para a dissimilaridade genética, resultante da análise de 10 genótipos de arroz submetidos a salinidade durante o estágio de plântula

Caracteres <sup>1</sup>	Contribuição (%)
IVE - %	45,45
MFPA - g	19,56
NFP	11,82
CR - cm	9,62
APA - cm	8,23
NRP	2,67
GER - %	2,65
MFR - g	0

<sup>1</sup>Índice de velocidade de emergência (IVE - %), Massa fresca da parte aérea (MFPA - g), Número de folhas por plântula (NFP), Comprimento da raiz (CR - cm), Altura da parte aérea (APA), Número de raízes por plântula (NRP), Percentual de germinação (% - GER), Massa fresca da raiz (MFR - g).

O dendograma obtido pelo método hierárquico UPGMA mostrou a formação de cinco grupos, considerando um corte de 30 % (Mojema, 1977). O grupo 1, o maior deles, foi composto por 50% dos genótipos (Marabá, Lajeado Fino, Sete Palha, Comum Ligeiro e Comum Fino) (Figura 1). O grupo 2 foi formado pelos genótipos Puitá INTA CL e Comum Vermelho, enquanto que os demais genótipos formaram grupos independentes; o grupo 3 contemplou o genótipo Comum Branco, o grupo 4 o genótipo BRS Pampeira e o grupo 5 o genótipo Lajeado Peludo.

A formação de grupos distintos indica a possibilidade de seleção de genótipos divergentes e complementares para uso no melhoramento genético. Segundo Cruz et al. (2012), deve-se evitar

indivíduos com mesmo padrão de dissimilaridade, de modo a não restringir a variabilidade genética e, assim, evitar reflexos negativos nos ganhos a serem obtidos pela seleção. Desta forma, quanto maior a divergência genética, maior a variabilidade e possibilidade de seleção de genótipos contendo as características desejáveis nas progênies.

O agrupamento dos genótipos pelo método de Tocher apresentou-se parcialmente similar ao método UPGMA, quando da formação de grupos entre os genótipos mais divergentes (Tabela 3). A semelhança entre as diferentes técnicas de agrupamento pode ser constatada pelo fato dos genótipos pertencentes ao grupo 1, de Tocher, terem sido na maior parte os mesmos do agrupamento UPGMA, em torno de 60% dos genótipos, entre eles, Comum ligeiro, Comum fino e Lajeado fino. Todavia, na formação da maioria dos grupos, os genótipos agrupados pelo método de Tocher diferiram daqueles contemplados pelo método UPGMA. O uso de duas técnicas aglomerativas, em conjunto, fornece um

Tabela 3. Agrupamento pelo método de Tocher resultante da análise de 10 genótipos de arroz submetidos a salinidade durante o estágio de plântula

GRUPOS	GENÓTIPOS
1	Comum Ligeiro; Lajeado Peludo; Comum Fino; BRS Pampeira; Lajeado Fino.
2	Comum Branco.
3	Marabá.
4	Sete Palha.
5	Comum Vermelho.
6	Puitá INTA CL.

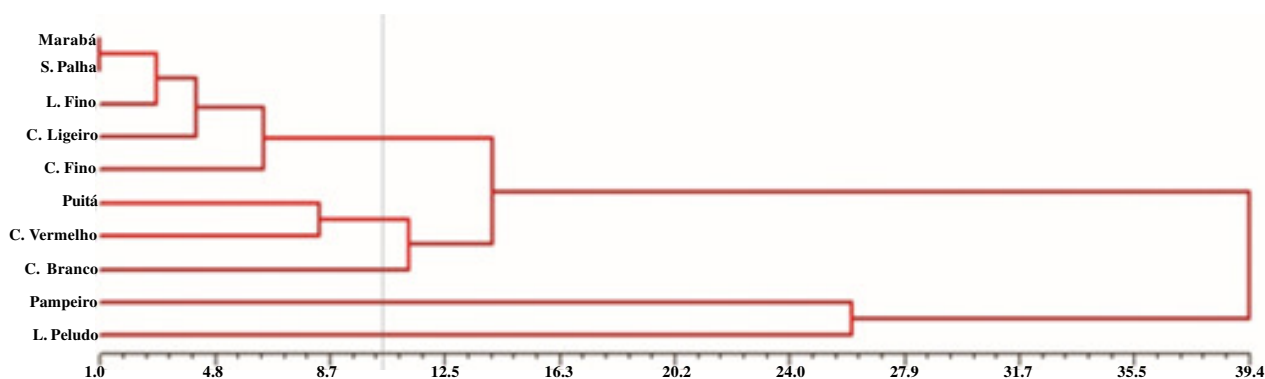


Figura 1. Dendrograma resultante da análise de 10 genótipos de arroz submetidos a salinidade durante o estágio de plântula

suporte mais eficiente para a determinação da divergência, pois o Tocher discrimina cada grupo e o UPGMA discrimina cada genótipo, podendo inferir com maior segurança no emprego de genitores em programas de melhoramento (Bertan et al., 2006).

Neste estudo a correlação cofenética foi de 0,80. Segundo Rohlf (2000), o ajuste do coeficiente de correlação cofenética ( $r$ ) é considerado bom, quando o mesmo apresenta valores iguais ou superiores a 0,70. Neste caso, quanto maior for o valor de  $r$ , menor será a distorção do agrupamento, apresentando bom ajuste entre a matriz e o dendrograma formado (Cruz et al., 2012).

Em relação ao desempenho relativo frente ao estresse causado pela salinidade, os genótipos não apresentaram bons resultados para a maioria dos caracteres, visto que, aos 20 dias a maioria das plantas do experimento 2 (contendo Cloreto de Sódio) morreram, sendo, portanto, não tolerantes à salinidade na concentração de 12 dS m<sup>-1</sup> e, desta forma, há a necessidade de avalia-los em concentrações inferiores a utilizada neste estudo (Tabela 4). Por outro lado, para os caracteres Percentual de germinação (% - GER) e IVE, verificou-se que a maioria dos genótipos apresentou reduções, mostrando-se sensível à salinidade; exceto Lajeado Peludo e BRS Pampeira.

Tabela 4. Percentual de desempenho relativo resultante da análise de 10 genótipos de arroz submetidos a salinidade durante o estágio de plântula

Genótipos	DESEMPENHO RELATIVO (%)			
	% - GER		IVE - %	
	0	12	0	12
Marabá	90	- 13,89	3,65	- 26,58
Puitá INTA CL	80	- 10,94	2,84	- 21,83
Lajeado Fino	88,75	- 8,45	3,54	- 20,90
Sete Palha	80	- 7,81	3,2	- 8,75
Ligeiro comum	86,25	- 8,70	3,67	- 30,52
Pampeira	45	61,11	1,2	14,17
Comum Fino	93,75	- 8,00	3,81	- 29,40
Comum Vermelho	61,25	36,73	2,05	- 8,78
Comum Branco	82,5	- 4,55	2,86	- 8,74
Arroz Lajeado Peludo	38,75	129,03	0,76	93,42

Índice de velocidade de emergência (IVE - %), Percentual de germinação (% - GER)

## Conclusão

Os genótipos de arroz, frente à salinidade, apresentaram divergência genética significativa para todos os caracteres, mas, a maioria dos genótipos apresentou similaridade genética. Os métodos de otimização de Tocher e o hierárquico UPGMA foram parcialmente concordantes no agrupamento dos genótipos. Os caracteres que mais contribuíram para a divergência foram: Índice de velocidade de emergência, Massa fresca da parte aérea e Número de folhas por planta. O coeficiente de correlação cofenética ( $r$ ) foi de 0,80.

## Agradecimento

À Universidade Federal do Maranhão pela Infraestrutura disponibilizada para a realização dos experimentos.

## Literatura Citada

- BERTAN, I. et al. 2006. Comparação de métodos de agrupamento na representação da distância morfológica entre genótipos de trigo. *Revista Brasileira de Agrociência* 12(3):279-286.
- CRUZ, C. D. 2013. Genes - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum. Agronomy* 35(3):271-276.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO., P. C. S.; REGAZZI, A. J. 2014. Modelos Biométricos aplicados ao melhoramento genético. 3ª ed. Viçosa, MG, Editora UFV. 688p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. 2012. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 4ª ed. Viçosa, MG, Editora UFV. 514 p.
- FAGERIA, N. K. 1984. Adubação e nutrição mineral da cultura de arroz. Rio de Janeiro, RJ, Editora Campus, EMBRAPA. 341p.
- FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS-FAO. 2018. *Fao stat database*. Disponível em: <http://faostat.fao.org>; Acesso em 22 mar. 2019.

- GRATTAN, S. R. et al. 2002. Rice is more sensitive to salinity than previously thought. *California Agriculture* 56(6):189-195.
- INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA - IBGE. 2018. Sistema IBGE de Recuperação Automática - SIDRA. Disponível em: <https://sidra.ibge.gov.br/pesquisa/pam/tabelas>; Acesso em 22 mar. 2019.
- KOPP, M. M. et al. 2007. Melhoria da correlação cofenética pela exclusão de unidades experimentais na construção de dendogramas. *Revista da Faculdade de Zootecnia, Veterinária e Agronomia* 14(2):46-53.
- MILLIGAN, G. W.; COOPER M. C. 1985. An examination of procedures for determining the number of clusters in a dataset. *Psychometrika* 50:159-179.
- MOJEMA, R. 1977. Hierarchical grouping methods and stopping rules: an evaluation. *The Computer Journal* 20(4):359-363.
- RHOADES, J. S.; KANDIAH, A.; MASHALI, A. M. 2000. Uso de águas salinas para produção agrícola. Capina Grande, PB, UFPB. (Estudos da FAO, Irrigação e Drenagem, 48). 117p.
- ROHLF, F. J. 2000. NTSYS - pc: Numerical taxonomy and multivariate analysis system. (Version 2.1). New York, NY, Exeter Publishing. 98p.
- SINGH, D. 1981. The relative importance of characters affecting genetic divergence. *Indian Journal of Genetic and Plant Breeding* 41(2):237-245.