

UNIVERSIDADE FEDERAL DE PELOTAS  
Programa de Pós-Graduação em Agronomia



**Dissertação**

**VARIAÇÃO FENOTÍPICA EM CARACTERES ASSOCIADOS  
AO SISTEMA DE RAÍZES EM PLÂNTULAS DE ARROZ**

*(Oryza sativa L.)*

**Claudete Clarice Mistura**

**Pelotas, 2008**

**Claudete Clarice Mistura**

**Dissertação**

**VARIAÇÃO FENOTÍPICA EM CARACTERES ASSOCIADOS  
AO SISTEMA DE RAÍZES EM PLÂNTULAS DE ARROZ  
(*Oryza sativa* L.)**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia da Universidade Federal de Pelotas, como requisito parcial à obtenção do título de Mestre em Ciências (área do conhecimento: Fitomelhoramento).

Orientador: Antônio Costa de Oliveira, PhD. – FAEM/UFPeI

Co-orientadores: Fernando Irajá Félix de Carvalho, PhD. – FAEM/UFPeI

Ariano Magalhães Júnior, Dr<sup>o</sup>. - Pesquisador Embrapa/CPACT

Pelotas, 2008

Banca examinadora:

Prof. Ph.D Antonio Costa de Oliveira - UFPel (presidente)

Prof<sup>a</sup>. Dr<sup>a</sup>. Beatriz Helena Gomes Rocha - UFPel

Pesquisadora Dr<sup>a</sup>. Caroline Marques Castro – Embrapa/ CPACT

Pesquisador Dr<sup>o</sup>. Enrique Moliterno – UFPel

*Aos meus pais, Ângelo (in memoriam) e Angelina.  
Pelo amor, educação e pelo incentivo constante.  
As minhas irmãs e irmão.*

*Dedico*

## **AGRADECIMENTOS**

A Deus pela luz, amparo e proteção em todos os momentos.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela concessão da bolsa de estudos.

À Universidade Federal de Pelotas, Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, pela oportunidade de realização do Curso.

Ao professor PhD. Antônio Costa de Oliveira, pela orientação, conhecimentos científicos transmitidos e subsídios para o desenvolvimento deste trabalho.

Ao professor PhD. Fernando Irajá Félix de Carvalho, pela co-orientação, ensinamentos e estímulo.

Ao pesquisador Dr<sup>o</sup> Ariano Magalhães Júnior pela co-orientação, pelos conhecimentos transmitidos e pelos genótipos cedidos.

A minha irmã Margarete, meu cunhado Olímpio e minha sobrinha Luiza, que se tornaram minha “segunda família”, por todo apoio ao longo desses anos.

A meu noivo Paulo, pelo companheirismo, compreensão e incentivo.

As amigas Adriana e Juliana que sempre estiveram ao meu lado desde o primeiro dia no Centro de Genômica e Fitomelhoramento (CGF).

Aos demais amigos, colegas, estagiários bolsistas de iniciação científica do Centro de Genômica e Fitomelhoramento, pela amizade e valiosa contribuição nos trabalhos.

Aos professores da FAEM, pelos conhecimentos científicos durante a realização do curso.

Finalmente, minha gratidão sincera a todas as pessoas que de forma direta ou indireta me ajudaram na conclusão desta etapa importante de minha vida.

## RESUMO

MISTURA, C.C. Universidade Federal de Pelotas, Junho de 2008. 71f. Dissertação (Mestrado) **Varição fenotípica em caracteres associados ao sistema de raízes em plântulas de arroz (*Oryza sativa* L.)** Professor Orientador: Antônio Costa de Oliveira, PhD.

A distância genética entre genótipos é um dos mais importantes elementos de informação para um programa de melhoramento. Isto é importante na hora de selecionar os genótipos parentais que irão gerar as populações segregantes. Para a análise fenotípica, foram avaliados 200 genótipos de arroz (*Oryza sativa* L.). O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados com três repetições. As sementes foram levadas para câmara de crescimento a 28 ° C por 72 h. As plântulas foram transferidas para um pote plástico contendo solução hidropônica onde permaneceram até o surgimento da segunda folha. Foram avaliados os seguintes caracteres: comprimento da raiz principal, comprimento da raiz secundária, número de raízes, comprimento da 1ª e 2ª folha, inserção da 1ª folha, comprimento do coleóptilo, estatura da plântula, peso seco da parte aérea e radicular. A partir dos resultados obtidos pode-se inferir que houve variabilidade entre os genótipos das três subespécies avaliadas, que existe correlação entre os caracteres avaliados para o sistema de raízes com os demais caracteres de plântulas. E também foi possível identificar genótipos contrastantes, como Ligeirão e Farroupilha, que são bons candidatos a genitores de uma população de mapeamento para caracteres associados ao sistema de raízes.

## ABSTRACT

MISTURA, C.C. Universidade Federal de Pelotas, June 2008. 71f. Dissertation (M. Sc.) **Phenotypic variation in root associated characters in rice (*Oryza sativa* L.) seedlings**. Adviser: Antônio Costa de Oliveira, PhD.

The genetic distance between genotypes is one of the most important pieces of information for a breeding program. This is important at the time of selecting the parental genotypes that will generate the segregating populations. For the phenotypic analysis, 200 rice genotypes were chosen. The experimental design consisted of randomized blocks with three replications. Seeds were germinated in growth chamber at 28 °C for 72 h and seedlings transferred to a plastic pot containing hydroponic solution, in which they remained until the second leaf emerged. The following characters were evaluated: main root length, secondary root length, 1<sup>st</sup> and 2<sup>nd</sup> leaf lengths, coleoptile's length, plant height, shoot and root dry weight. From the results obtained, it can be inferred that there is a correlation between the genotypes of three subspecies evaluated for root related characters and the remaining characters studied. It was also possible to identify contrasting genotypes for root related characters, such as Ligeirão and Farroupilha which are good parental candidates of a mapping population.

## LISTA DE TABELAS

Página

Tabela 1- Lista dos 67 genótipos de arroz da subespécie <i>indica</i> utilizados na caracterização fenotípica. UFPel/FAEM, Pelotas/RS, 2008.....	13
Tabela 2 - Lista dos 97 genótipos de arroz da subespécie <i>japonica temperado</i> utilizados na caracterização fenotípica. UFPel/FAEM, Pelotas/RS, 2008..	14
Tabela 3- Lista dos 36 genótipos de arroz da subespécie <i>japonica tropical</i> utilizados na caracterização fenotípica. UFPel/FAEM, Pelotas/RS, 2008.....	15
Tabela 4- Resumo das análises de variância dos dez caracteres avaliados em 200 genótipos de arroz. UFPel/FAEM, Pelotas/RS, 2008.....	17
Tabela 5 - Genótipos mais contrastantes para o sistema de raízes, para as três subespécies avaliadas (10%). UFPel/FAEM, Pelotas/RS, 2008.....	18
Tabela 6 - Amplitude, média, desvio padrão e variância dos dez caracteres avaliados em 200 genótipos de arroz. UFPel/FAEM, Pelotas/RS, 2008 .....	21
Tabela 7- Grupos de similaridade genética entre genótipos de arroz, estabelecidos pelo método de Tocher, a partir da distância generalizada de Mahalanobis.UFPel/FAEM, Pelotas/RS, 2008.....	23
Tabela 8 - Variância acumulada das variáveis canônicas obtidas de dez caracteres avaliados em genótipos de arroz. UFPel/FAEM, Pelotas/RS, 2008 .....	30
Tabela 9 - Contribuição relativa dos dez caracteres fenotípicos avaliados para a dissimilaridade apresentada entre os genótipos das três subespécies de arroz ( <i>Oryza sativa</i> ), baseada na estatística de SINGH (1981). UFPel/FAEM, Pelotas/RS, 2008 .....	32
Tabela 10 - Coeficiente de correlações fenotípicas e genotípicas entre os caracteres (CRP) Comprimento da Raiz Principal, (CRS) Comprimento da Raiz Secundária, (NR) Numero de Raiz, (EP) Estatura de Planta, (CPF) Comprimento da Primeira Folha, (CSF) Comprimento da Segunda Folha, (IPF) Inserção da Primeira Folha, (MSPA) Matéria Seca da Parte Aérea, (MSPR) Matéria seca da Parte Radicular. FAEM/UFPel, Pelotas/RS, 2008.....	41

## LISTA DE FIGURAS

Página

- Figura 1 - Dendrograma obtido a partir da análise dos dados morfológicos de 67 genótipos da subespécie *indica*, pelo método de agrupamento UPGMA e utilizando a distância de Mahalanobis como média de distância genética. FAEM/UFPel, Pelotas/RS, 2008.....24
- Figura 2 - Dendrograma obtido a partir da análise dos dados morfológicos de 97 genótipos da subespécie *japonica temperado*, pelo método de agrupamento UPGMA e utilizando a distância de Mahalanobis como média de distância genética. FAEM/UFPel, Pelotas/RS, 2008.....26
- Figura 3 - Dendrograma obtido a partir da análise dos dados morfológicos de 36 genótipos da subespécie *japonica tropical*, pelo método de agrupamento UPGMA e utilizando a distância de Mahalanobis como média de distância genética. FAEM/UFPel, Pelotas/RS, 2008.....28
- Figura 4 - Dendrograma obtido a partir da análise dos dados morfológicos de duzentos genótipos das subespécies *indica* (76), *japonica temperado* (97) e *japonica tropical* (36) pelo método de agrupamento UPGMA e utilizando a distância de Mahalanobis como média de distância genética. UFPel, Pelotas/RS, 2008..... 29
- Figura 5 - Dispersão gráfica dos escores da primeira (VC1), segunda (VC2) e terceira (VC3) variáveis canônicas dos genótipos de arroz da subespécie *indica* em grupos. Cada grupo é composto por: Grupo1(40, 46, 49, 42, 61, 60, 52, 41, 56, 31, 67, 36, 62, 43, 51, 66, 53, 50, 58, 55, 57, 24, 44, 37, 59, 63, 65, 39, 27, 33, 28, 30, 32, 35, 18); Grupo 2 (2, 11, 6, 12, 10, 17, 5, 38, 1, 20, 13, 16, 15, 22, 14, 8); Grupo 3 (47, 48, 26, 29); Grupo 4(4,7); Grupo 5(21, 23); Grupo 6 (25), Grupo 7 (19); Grupo 8(9); Grupo 9(64); Grupo 10(34); Grupo 11(3); Grupo 12(54); Grupo 13(45). Pelotas, FAEM/UFPel, 2008..... 31
- Figura 6 - Dispersão gráfica dos escores da primeira (VC1), segunda (VC2) e terceira (VC3) variáveis canônicas dos genótipos de arroz da subespécie *japonica temperado* em grupos. Cada grupo é composto por. Grupo1(64, 72, 65, 83, 37, 67, 73, 71, 78, 68, 66, 75, 93, 76, 51, 94, 47, 95, 97, 81, 96, 80, 63, 79, 38, 62, 46, 45, 32, 77, 70, 50, 52, 39, 55, 56); Grupo 2 (8, 21, 14, 19, 15, 16, 20, 29, 17, 13, 7, 26, 3, 6, 10, 22, 11, 27, 5); Grupo 3 (57, 58, 49, 59, 54, 89, 91); Grupo 4(60, 61, 85, 88, 41); Grupo 5(1, 2, 25, 4); Grupo 6 (30, 31, 12, 48), Grupo 7 (35, 43, 34, 44, 33, 36); Grupo 8(18 28); Grupo 9(82, 92, 42); Grupo 10(69 84); Grupo 11(40, 86); Grupo 12(74); Grupo

13(24); Grupo 14(90); Grupo 15 (87); Grupo 16 (53); Grupo 17 (9); Grupo 18 (23). Pelotas, FAEM/UFPeL, 2008.....	32
Figura 7 - Dispersão gráfica dos escores da primeira (VC1) e segunda (VC2) variáveis canônicas dos genótipos de arroz da subespécie <i>japonica tropical</i> em grupos. Cada grupo é composto por: Grupo1(25, 26, 34, 7, 11, 22, 8, 23, 35, 36, 21, 9, 32, 12, 13, 24, 18, 15, 20, 14, 17, 29, 33, 31, 19, 30, 16); Grupo 2 (2, 6, 3, 4, 1, 5); Grupo 3 (10, 28); Grupo 4 (27). Pelotas, FAEM/UFPeL, 2008.....	33
Figura 8 - Dendrograma obtido a partir da análise dos dados morfológicos do sistema radicular de 67 genótipos da subespécie <i>indica</i> , pelo método de agrupamento UPGMA e utilizando a distância de Mahalanobis como média de distância genética. FAEM/UFPeL, Pelotas/RS, 2008.....	35
Figura 9 - Dendrograma obtido a partir da análise dos dados morfológicos do sistema radicular de 97 genótipos da subespécie <i>japonica temperado</i> , pelo método de agrupamento UPGMA e utilizando a distância de Mahalanobis como média de distância genética. FAEM/UFPeL, Pelotas/RS, 2008.....	37
Figura 10 - Dendrograma obtido a partir da análise dos dados morfológicos do sistema radicular de 36 genótipos da subespécie <i>japonica tropical</i> , pelo método de agrupamento UPGMA e utilizando a distância de Mahalanobis como média de distância genética .FAEM/UFPeL, Pelotas/RS, 2008.....	39
Figura 11 - Distribuição de freqüência do caráter comprimento de raízes principal (A) e secundária (B) dos genótipos <i>indica</i> , <i>japonica temperado</i> , <i>japonica tropical</i> . FAEM/UFPeL, Pelotas/RS, 2008.....	44
Figura 12 - Distribuição de freqüência do caráter estatura da planta dos genótipos <i>indica</i> , <i>japonica temperado</i> , <i>japonica tropical</i> . FAEM/UFPeL, Pelotas/RS, 2008.....	45
Figura 13 - Distribuição de freqüência do caráter número de raízes das plantas dos genótipos <i>indica</i> , <i>japonica temperado</i> , <i>japonica tropical</i> . FAEM/UFPeL, Pelotas/RS, 2008. ....	46
Figura 14 - Distribuição de freqüência do caráter comprimento da primeira folha (A) e segunda folha (B) dos genótipos <i>indica</i> , <i>japonica temperado</i> , <i>japonica tropical</i> .FAEM/ UFPeL, Pelotas/RS, 2008.....	47
Figura 15 - Distribuição de freqüência do caráter comprimento do coleóptilo (A) e altura de inserção da primeira folha (B) dos genótipos <i>indica</i> , <i>japonica temperado</i> , <i>japonica tropical</i> . FAEM/UFPeL, Pelotas/RS, 2008.....	48
Figura 16 - Distribuição de freqüência do caráter peso da matéria seca da parte radicular (A) e parte aérea (B) e dos genótipos <i>indica</i> , <i>japonica temperado</i> , <i>japonica tropical</i> .FAEM/ UFPeL, Pelotas/RS, 2008. ....	49

## SUMÁRIO

	Página
RESUMO.....	vi
ABSTRACT.....	vii
1- INTRODUÇÃO.....	1
1.1 Origem do arroz e classificação botânica.....	1
1.2 Importância do arroz.....	2
1.3 Importância do sistema radicular.....	3
1.4. Arquitetura das raízes.....	5
1.5 Morfologia das raízes.....	6
1.6 Genes descritos.....	7
1.7 Objetivos.....	9
2- MATERIAL E MÉTODOS.....	10
3- RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	16
4- CONCLUSÕES.....	50
5- CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	51
6- REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	52
7- VITAE.....	59
8 - ANEXOS.....	60

# 1 INTRODUÇÃO

## 1.1 Origem do arroz e classificação botânica

O arroz é uma planta herbácea, anual, aquática ou hidrófila e pertence à divisão das angiospermas, classe monocotiledônea, ordem glumiflora, família *Poaceae* e a subfamília *Oryzoideae*. Taxonomicamente, o arroz apresenta duas tribos com importância alimentar, as quais são: *Zizaniae* e *Oryzae*. O gênero *Oryza* é derivado da tribo *Oryzae*, o qual é considerado o mais importante e compreende aproximadamente 20 espécies distribuídas em várias regiões orizícolas. Entretanto, as espécies mais cultivadas são *Oryza sativa* e *Oryza glaberrima* (MATSUO, 1997; MAGALHÃES, 2004). Atualmente existem descritas três subespécies de *Oryza sativa*, as quais são denominadas de *indica* e *japonica temperado*, sendo estas duas mais cultivadas, seguida de uma terceira subespécie a qual é conhecida por *javanica* ou *japonica tropical*. De acordo com a literatura, a espécie *Oryza rufipogon* é o ancestral selvagem que originou as subespécies *japonica* e *indica* (LONDO et al., 2006).

A subespécie *indica* caracteriza-se morfológicamente, em geral, por possuir colmos longos, alta capacidade de afilamento, folhas longas e decumbentes e ciclo tardio (DALRYMPLE, 1986). Embora, devido ao esforço alocado nos programas de melhoramento genético, atualmente esta subespécie apresenta as características acima citadas bastante modificadas (PEREIRA, 2002). A maioria das variedades de arroz irrigado cultivadas no Brasil faz parte deste grupo. Sendo essas variedades, resultado de seleções locais e cruzamentos de genótipos com gene de nanismo introduzidos dos Programas de Melhoramento do Instituto Internacional de Pesquisa de Arroz e do Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT) (PINHEIRO, 1998).

Quanto à subespécie *japonica*, seus genótipos possuem colmos curtos e rígidos, mediana capacidade de afilamento, folhas estreitas de cor verde-escuro e ciclo geralmente curto. No Brasil, até a década de 1970 as variedades tradicionais de arroz de sequeiro possuíam como base genética esta subespécie (PINHEIRO, 1998).

Em relação à subespécie *javanica* ou *japonica tropical*, as plantas pertencentes a este grupo geralmente apresentam folhas largas, rígidas e de cor verde-claro, baixa capacidade de afilamento, colmos longos, grão largos e espessos, glumas pilosas e pequena sensibilidade ao fotoperíodo (MAGALHÃES JR, 2007).

## 1.2 Importância do arroz

O arroz (*Oryza sativa* L.) é um dos cereais mais cultivados no mundo e seu cultivo ocorre em todos os continentes, ocupando posição de destaque do ponto de vista social e econômico. Este fato deve-se ao arroz ser um alimento nutritivo, rico em carboidratos e fornecer vários subprodutos. Além disto, faz parte da dieta de mais da metade da população mundial (ABADIE et al., 2005, RODRIGUES & ANDO, 2002). O consumo *per capita* de arroz no mundo é de aproximadamente 87 quilos por ano (CONCENÇO et al., 2006).

O maior consumo deste cereal ocorre nos países asiáticos, onde as médias de consumo oscilam entre 100 e 150 kg pessoa<sup>-1</sup> ano<sup>-1</sup>. Na América Latina o consumo pode ser considerado baixo, já que a média é de apenas 30 Kg pessoa<sup>-1</sup> ano<sup>-1</sup>. Contudo, o Brasil destaca-se como o grande consumidor (45 Kg pessoa<sup>-1</sup> ano<sup>-1</sup>), possivelmente esta média esteja relacionada ao fato do arroz ser considerado um dos principais alimentos da cesta básica brasileira (GOMES & MAGALHÃES, 2004).

No Brasil, a orizicultura ocupa uma posição de destaque, e representa, em média, 20% do total de grãos colhidos anualmente (DARIO et al., 2004). Em 2005, a produção brasileira de arroz atingiu 13,1 milhões de toneladas e o Brasil alcançou a nona posição na escala de produção mundial de arroz, sendo a China o país que ocupou o 1º lugar com uma produção de 183,4 milhões de toneladas (FAO, 2007).

As maiores áreas de cultivo deste cereal estão localizadas na região Sul (RS, SC, PR) do país (1,27 milhões de hectares), sendo o Estado do Rio Grande do Sul o

principal produtor com uma área estimada de 1,04 milhões de hectares, o que corresponde a 78% da área cultivada com arroz nesta região (IBGE, 2006). Contudo, com o acelerado aumento populacional no planeta existe a necessidade de se promover um incremento dos atuais níveis de produtividade do arroz, para que possa atender os cerca de 8,9 bilhões de pessoas estimadas para o ano de 2010 (TANKSLEY & MCCOUCH, 1997).

Diante deste contexto, os programas de melhoramento genético tornam-se uma ferramenta indispensável para o desenvolvimento de genótipos com alta produtividade e que estes apresentem tolerância/resistência a fatores bióticos e abióticos. Para atingir esses objetivos, os melhoristas estão constantemente buscando aumentar a variabilidade, selecionando genótipos desejáveis e testando-os em distintos ambientes, para um ajuste que permita expressar toda sua potencialidade e conseqüentemente o aumento da produtividade.

### 1.3 Importância do sistema radicular

O estudo do sistema radicular das espécies vegetais utilizadas na agricultura é de fundamental importância para o entendimento científico da sua distribuição, extensão e produção agrícola. As raízes das plantas têm distribuição variável de acordo com as espécies, cultivares, idade da planta, características químicas e físicas do solo, tratos culturais e condições fitossanitárias (FRACARO & PEREIRA, 2004).

O sistema radicular das plantas terrestres possui a função primária de adquirir macro e micronutrientes essenciais a partir do solo, e prover a sustentação (ancoragem) da planta no solo. Além destas, possui algumas funções secundárias como, por exemplo, o armazenamento de fotoassimilados, propagação clonal e a síntese de reguladores de crescimento (OSMONT et al., 2007). Quanto à capacidade de absorção dos nutrientes e água pelo sistema radicular, sabe-se que as raízes finas exibem maior capacidade, que as raízes jovens têm sua atividade declinada rapidamente com o tempo e que as raízes velhas mantêm uma baixa atividade de absorção (GRAO et al., 1998).

Em relação aos nutrientes absorvidos, o fósforo é um dos elementos mais importantes, pois se encontra na composição de moléculas vitais para a planta como

os ácidos nucléicos e ATP, conseqüentemente, as plantas não poderão crescer sem o suprimento deste elemento (SCHACHTMAN et al., 1998).

O movimento do fósforo (P) no solo ocorre de forma restrita por difusão até as raízes, sendo esta, geralmente considerada como o fator limitante na absorção. A absorção de P pelas plantas é proporcional à densidade das raízes. Assim, o aumento do sistema radicular aumenta a habilidade da planta em absorver este elemento. Deste modo, algumas plantas respondem às baixas concentrações de P no solo pelo aumento do sistema radicular, desenvolvendo raízes laterais com pêlos radiculares que melhoram a habilidade de explorar o solo (GRANT et al., 2001).

O nitrogênio é considerado de fundamental importância na cultura do arroz irrigado, pois promove um melhor desenvolvimento da planta, aumentando a produção de palha, número de panículas por unidade de área e desempenhando papel importante na formação de órgãos reprodutivos e dos grãos. Dentre os vários fatores que afetam a utilização do nitrogênio, merece atenção especial a cultivar utilizada. Fageria & Barbosa Filho (1982) evidenciaram diferenças entre as cultivares de arroz irrigado. Thakur (1993) também verificou que cultivares de arroz apresentaram comportamento diferencial à aplicação de nitrogênio para produtividade de grãos.

Além disto, as raízes foram importantes por contribuir no processo evolutivo do solo, elas causam um grande impacto, pois os efeitos físicos tais como as fraturas da rocha, dão início as partículas soltas as quais associadas a grande quantidade de matéria orgânica e a reações químicas, contribuem para a formação do solo contemporâneo (KENRICK, 2002).

As raízes pilíferas são as maiores áreas de absorção de água e nutrientes na planta, e sua forma tem sido utilizada como um importante modelo de sistema para o estudo da expansão celular ou formação de células específicas da planta (BÖHRNE et al., 2004).

#### 1.4. Arquitetura das raízes

O sistema radicular do arroz consiste de três tipos de raízes: raiz seminal, raiz adventícia e raiz lateral. Em muitos genótipos partes do sistema radicular podem exibir diferente crescimento em resposta ao limite de umidade do solo (YAMANCHI et al., 1996). Existem evidências que o déficit de água pode promover o crescimento das raízes do arroz, embora haja significativa variação genética para este caráter.

A arquitetura do sistema radicular (ASR) é altamente plástica e variável entre as espécies. Plasticidade é o mecanismo pelo qual a planta responde a vários estresses para que a mesma possa continuar vivendo. O sistema morfológico básico da raiz assim como a plasticidade são controlados pela interação dos fatores genéticos (LIAO et al., 2001). Estes, mediante a modificação da ASR, principalmente o nível de ramificação da raiz, em respostas conjuntas de fatores bióticos, como por exemplo, a auxina, ácido indol acético (AIA) é necessária para todos os estágios de desenvolvimento das raízes laterais, além dos fatores abióticos (OSMONT et al., 2007).

As raízes primárias são formadas durante a embriogênese, e a arquitetura do sistema radicular é formada posteriormente a partir das raízes existentes. A formação de raízes laterais na raiz principal, basal ou adventícia, constitui um importante componente para a definição da arquitetura do sistema radicular, o qual é de fundamental importância para o crescimento da planta devido à função de captar água e nutrientes (OSMONT et al., 2007).

Apesar da morfologia da raiz ser controlada geneticamente, a forma final de um sistema de raízes sob condições naturais é amplamente determinada por fatores ambientais. As raízes também respondem a gradientes químicos, elas proliferam em regiões do solo que contêm altas concentrações de certos íons, tais como nitrato ou fosfato (DREW & SAKER, 1975, 1978, FITTER et al., 1988). Além disso, o crescimento da raiz pode ser influenciado pela umidade do solo, com raízes penetrando mais profundamente quando a umidade é baixa (COUPLAND & JOHNSON, 1965) e desenvolvendo espaços aéreos (aerênquima) quando o solo está saturado (YU et al., 1969). O crescimento de raízes pode ser influenciado por gradientes térmicos (PAHLAVANIAN & SILK, 1988; FORTIN & POFF, 1990), impedimento mecânico (BARKLEY & GREACEN, 1967), aeração (CANNELL, 1977), e as raízes de plantas adjacentes (MAHALL & CALLAWAY, 1991).

O crescimento das raízes e suas funções são fortemente regulados pela brotação e absorção dos nutrientes. O sistema radicular da planta consiste de diferentes formas de raízes que diferem na morfologia e função. A configuração espacial e a distribuição destas raízes determinam a arquitetura das mesmas no solo, a qual regula a aquisição das reservas do solo. As propriedades morfológicas e fisiológicas de cada raiz e o tecido concomitante da mesma afetam o transporte dos nutrientes (WANG et al., 2006). A alteração na arquitetura do sistema radicular é considerada um método para capturar água e nutrientes do solo (MACMILLAN et al., 2006). De acordo com THALER & PAGÈS (1998), a arquitetura do sistema radicular determina a capacidade que as plantas possuem de capturar e transportar as fontes do solo e que a arquitetura resulta de um processo de crescimento e ramificação.

O sistema radicular das plantas de arroz consiste de numerosas raízes nodais e raízes laterais. A direção do crescimento destas raízes nodais afeta a distribuição espacial do sistema radicular no solo (ABE & MORITAS, 1994). O ângulo de crescimento das raízes nodais varia com o tipo e tempo de emergência das mesmas (ABE & MORITAS, 1994).

Dentro deste contexto, é possível inferir que a arquitetura do sistema radicular afeta a eficiência de exploração de água e nutrientes, contudo a formação do sistema radicular é influenciada pela variação na translocação de carboidratos a partir da brotação (NIELSEN et al., 1994).

### 1.5 Morfologia das raízes

As raízes foram originadas durante a fase de diversificação das plantas na terra, no Período Devoniano, há aproximadamente 363 a 409 milhões de anos atrás. Naquele período ocorreram enormes mudanças, pois as plantas evoluíram de poucos centímetros de altura com pequenas raízes a arbustos e árvores com extensas estruturas radiculares especializadas (KENRICK et al., 2002).

Contudo, a parte externa das raízes apresenta escassa variação, possivelmente, este fato deve estar relacionado com a limitada variação do ambiente em que elas viviam. Sabe-se, por exemplo, que as modificações existentes nas folhas ocorreram devido às influências ambientais como a radiação e ao ataque de herbívoros (GRACE, 1977).

As principais variações que ocorrem nas raízes estão relacionadas com o diâmetro, a cor, o potencial de crescimento, a textura da superfície, e alguns aspectos fisiológicos como a capacidade de transporte e concentração de hormônios (FITTER et al., 2002 a).

Em relação ao diâmetro das raízes, este varia enormemente de acordo com a espécie. Em muitos grupos taxonômicos de plantas, especialmente gramíneas, o sistema radicular é muito fino, tendo a seção terminal às vezes menor que 100 µm; no outro extremo, famílias como *Magnoliaceae*, possuem terminações radiculares com 0,5 a 1,0 mm de diâmetro (FITTER et al., 1987b). Contudo, muitas plantas quando cultivadas em solos pobres em nutrientes produzem raízes finas. Neste tipo de raiz a condutividade hidráulica é relativamente maior e a eficiência do transporte é aumentada (RIEGER & LITVIN, 1999).

Em relação à cor, as raízes velhas geralmente são coloridas com uma ou várias tonalidades de marrom, já as raízes jovens podem ser despigmentadas (brancas) ou terem variações nas cores rosa ou laranja (KLINGER et al., 1995). Contudo, as raízes de algumas plantas são capazes de produzir clorofilas quando expostas à luz (FLORES et al., 1993). Quanto à superfície das raízes, estas apresentam variação no número e comprimento dos pêlos radiculares, duração, persistência da epiderme, e natureza da casca que envolve as raízes lenhosas.

O sistema radicular poderá ter vários meristemas os quais variam enormemente quanto à duração e atividade, pois alguns sobrevivem por poucos dias ou semanas, logo as raízes serão muito curtas. Outros, porém continuam crescendo por meses ou anos, e geralmente produzem raízes longas. Entretanto, sabe-se que a longevidade das raízes poderá ser influenciada pelo pastoreio de animais no solo e colonização de patógenos ou ambos (KOSOLA et al., 1995).

## 1.6 Genes descritos

Um dos grandes desafios no estudo da regulação dos genes em microrganismos multicelulares é a heterogeneidade de expressões que estes poderão apresentar. Pois, cada organismo é único, a nível de tecido, células, e genes expressos. Além disto, o crescimento evidencia que as respostas ao ambiente são estimuladas ou desenvolvidas a partir da expressão de genes (LEE et al., 2005).

De acordo com Roudier et al. (2002), a identificação de moléculas regulatórias que determinam, por exemplo, a extensão e a direção da expansão celular são necessárias para a compreensão de como a morfogênese é controlada nas plantas.

O controle genético do crescimento das raízes do arroz é complexo e poligênico, e o mecanismo fundamental ainda não foi esclarecido (PRICE et al., 2002; SHARP, 2002). Nesse sentido, a compreensão da análise de expressão é uma valiosa ferramenta para o isolamento de importantes genes regulados pelo estresse (BRYNE et al., 2003).

Para o melhor entendimento da rota regulatória do gene (expressão do gene) deve-se analisar uma única célula ou tipo de tecido. Embora, como a quantidade de RNA, proteína, ou metabólitos obtidos a partir de uma única célula é pequena, também é necessário o desenvolvimento de tecnologias sofisticadas, tais como técnicas mais eficientes de isolamento de moléculas a partir de células isoladas e equipamentos que detectem e quantifiquem os pequenos volumes presentes nas moléculas (LEE et al., 2005).

A identificação de moléculas regulatórias que determinam à extensão e a direção da expansão são necessárias para o entendimento de como a morfogênese é controlada pelas plantas (ROUDIER et al., 2002). Uma técnica que pode ser usada para estudar a genética do crescimento da raiz é o mapeamento do QTL - Lócos para Caráter Quantitativo (MACMILLAN et al., 2006).

Nas plantas a divisão convencional em células somáticas e em particular na citocinese difere em alguns aspectos (GLOTZER, 1997). Uma das maiores diferenças é o contraste na constrição do anel, que é usado para particionar o citoplasma nas células de animais (FIELD et al., 1999), as células das plantas dividem o citoplasma pela construção de uma nova parede celular dentro da célula. Assim, a análise morfológica de raízes de mutantes de *Arabidopsis thaliana* evidenciou que alguns apresentaram expansão das raízes em relação às plantas silvestres, ocasionadas por dois genes *PLE* (Pleiade) e *HYA* (Hyade) ambos localizados no cromossomo V (MULLER et al., 2002).

Mutantes de *Arabidopsis* com o gene *bril1*, mostraram aproximadamente 50% de redução no crescimento das raízes primárias, quando comparados com as plantas silvestres. Contudo, observou-se que houve um aumento na formação de raízes laterais (OSMONT et al., 2006).

O gene de arroz *OsCel9A* (glycoside hydrolase family) indutor de auxina e *EGase* (endo-1-4- $\beta$ -glucanase) foi expresso durante a iniciação de raízes laterais. A localização *in situ* da transcrição do gene *OsCel9A* demonstrou que ele foi expresso especificamente nos primórdios de raízes laterais (YOSHIDA et al., 2006).

Em *Arabidopsis*, a reduzida expressão do gene *TUA6/AS* ( $\alpha$ -tubulin) ocorreu em alguns mutantes, que foram caracterizados fenotipicamente, a expansão da ponta da raiz, mas esta teve o crescimento inibido; além disto, as raízes pilíferas apresentaram redução de resposta ao gravitropismo (BAO et al., 2001).

Estudos anatômicos e genéticos moleculares em raízes pilíferas de *Arabidopsis* têm revelado gradualmente seu mecanismo de desenvolvimento (BÖHRNE et al., 2004).

A análise genética de raízes pilíferas desenvolvidas identificou mais de uma dúzia de locos em *Arabidopsis* (PARKER et al., 2000). E alguns dos genes codificados foram recentemente clonados, dentre eles o *WEREWOLF*, *GLABRA3*, *TRANSPARENT TESTA* e *CAPRICE* os quais estão envolvidos na formação de raízes pilíferas padrão (BÖHRNE et al., 2004).

O gene *RHD<sub>2</sub>* codifica uma NADPH oxidase que controla o crescimento do ápice da raiz por meio da ativação do canal de cálcio via formação do oxigênio reativo (FOREMAN et al., 2003).

O mecanismo do controle de crescimento da célula das plantas, e conseqüentemente a configuração da célula estão começando a ser elucidados. O gene *TIP1* (Tip growth defective1) foi identificado por alterar as raízes pilíferas de *Arabidopsis*, ou seja, este gene contribui no estágio de desenvolvimento das raízes pilíferas, a partir da iniciação do crescimento do ápice radicular (HEMSLEY, et al., 2005).

## 1.7. Objetivos

O presente trabalho teve como objetivos verificar a presença de variabilidade para caracteres associados ao sistema de raízes em arroz e a existência de correlações entre caracteres do sistema de raízes e outros caracteres de plântula. Além disso, identificar genótipos contrastantes para os principais caracteres do sistema de raízes.

## 2 MATERIAL E MÉTODOS

A avaliação fenotípica dos genótipos foi conduzida no Laboratório de Di-haplóides e Hidroponia pertencente ao Centro de Genômica e Fitomelhoramento da Faculdade de Agronomia “Eliseu Maciel” – Universidade Federal de Pelotas, no ano de 2007, utilizando a técnica de hidroponia descrita por CAMARGO & OLIVEIRA (1981) e adaptada por DORNELLES *et al.* (1997). Foram avaliados duzentos genótipos (Tabelas 1,2 e 3) de arroz, das subespécies *indica* (67 genótipos), *japonica temperado* (97 genótipos) e *japonica tropical* (36 genótipos), pertencentes à coleção de germoplasma da EMBRAPA/CPACT. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados com três repetições, tendo 10 plântulas por repetição.

As sementes foram desinfestadas com hipoclorito de sódio (20% do produto comercial e 80% de água) por 15 minutos e lavadas por três vezes com água destilada para retirar o excesso do produto desinfestante. Posteriormente, as sementes de cada genótipo, foram colocadas para germinar em papel de germiteste dobrado em formato de “gaita” e colocado em gerbox. As sementes permaneceram durante 72 horas em câmara de crescimento (BOD) com temperatura de 28 °C e umidade relativa de 100%.

Posteriormente, foram selecionadas as sementes que germinaram com aproximadamente 2 cm de radícula e colocadas em uma tela plástica adaptada à tampa de um recipiente (balde) de 2 litros contendo solução nutritiva padrão (10 plântulas de cada genótipo por linha, 10 genótipos por balde, num total de 100 plântulas). Os baldes foram levados a um tanque de metal onde ficaram em banho-maria a temperatura de  $25 \pm 1$  °C, com iluminação artificial permanente e ligados a um sistema de aeração para fornecer oxigênio às raízes, onde permaneceram até a emissão da segunda folha.

Quando estavam com a segunda folha, foram avaliados os seguintes caracteres: comprimento da raiz principal (CRP), comprimento da raiz secundária (CRS), número de raízes (NR), comprimento da primeira folha (CPF), comprimento da segunda folha (CSF), inserção da primeira folha (IPF), comprimento do coleótilo (CC), estatura da plântula (EP) (mensurado da base até o ápice) com auxílio de uma régua graduada (em centímetros). Após, foi realizada a secagem dos tecidos, parte aérea (MSPA) e parte radicular (MSPR) separadamente, em estufa a 65 °C até atingir massa constante. A mensuração da massa seca dos tecidos foi realizada em balança analítica (em gramas).

Os dados dos caracteres avaliados foram submetidos à análise de variância, e as médias das variáveis comparadas pelo teste de SCOTT e KNOTT (SCOTT & KNOTT, 1974) a 5 % de probabilidade de erro. Com base nas médias dos caracteres morfológicos, foi estimada a distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ) entre os pares de genótipos. Para estimar a dissimilaridade dos genótipos, foi realizada a Análise Multivariada (CRUZ & REGAZZI, 1997), através do método de agrupamento de Tocher (RAO, 1952), baseado nas distâncias generalizadas de Mahalanobis e dispersão dos escores das variáveis canônicas, utilizando o programa computacional GENES (CRUZ, 2001). Com base na matriz de distância genética gerada, foram construídos dendrogramas pelo método de agrupamento da distância média (UPGMA - Unweighted Pair-Group Method of Arithmetic Averages). Para a estimativa do ajuste entre a matriz de dissimilaridade e o dendrograma gerado, foi calculado o coeficiente de correlação cofenética ( $r$ ) (SOKAL & ROHLF, 1962), utilizando o programa computacional NTSYS-pc (versão 2.01; ROHLF, 2001). A contribuição relativa no tocante a divergência genética para cada característica avaliada foi obtida pela metodologia proposta por SINGH (1981). Para o cálculo das correlações genotípica e fenotípica das três subespécies foram utilizadas as fórmulas:

Estimativa de variâncias

1- Variância Fenotípica:  $\sigma^2_{P(x)} = \text{QMgenótipo}_{(x)} / \text{repetição}$  (onde x é a primeira variável);

$\sigma^2_{P(y)} = \text{QMgenótipo}_{(y)} / \text{repetição}$  (onde y é a segunda variável);

2- Variância Genotípica:  $\sigma^2_{G(x)} = (\text{QMgenótipo}_{(x)} - \text{QMerro}_{(x)}) / \text{repetição}$  (onde x é a primeira variável);

$\sigma^2_{G(y)} = (QM_{gen\acute{o}tipo(y)} - QMerro_{(y)}) / \text{repeti\c{c}\~{a}o}$  (onde y é a segunda variável);

Estimativas de covariâncias

$SP_{(xy)} = (1/2)(SQ_x - SQ_y)$ , onde SP é a soma de produtos e SQ é a soma dos quadrados;

$PM_{(xy)} = SP_{(xy)} / GL$ , onde PM é o produto médio e GL são os graus de liberdade;

Assim a covariância xy é dada por:  $Cov_{(xy)} = PM_{(xy)} / r$

$Cov_{G(xy)} = (PM_{gen\acute{o}tipo(xy)} - Pmerro_{(xy)}) / r$

Estimativas de correlações

1- Correlações Fenotípicas

$$r_{P(x,y)} = \frac{Cov_{P(x,y)}}{\sqrt{\sigma^2_{P(x)} \cdot \sigma^2_{P(y)}}}$$

2- Correlações Genotípicas

$$r_{G(x,y)} = \frac{Cov_{G(x,y)}}{\sqrt{\sigma^2_{G(x)} \cdot \sigma^2_{G(y)}}}$$

A estatística do teste t foi utilizada para a verificação formal de hipóteses, para determinar se existe correlação linear significativa entre duas variáveis. Este método utiliza a distribuição t de Student (CARVALHO et al., 2004), com n – 2 graus de liberdade, através do seguinte modelo:

$$t = \frac{r}{\sqrt{1-r^2}} \sqrt{n-2}$$

onde: r – é o coeficiente de correlação entre os caracteres X e Y;  $r^2$  = grau de ajuste da reta de regressão aos dados, ou simplesmente  $(r)^2$ ; n – são os graus de liberdade.

A análise de freqüência, variância e desvio padrão foram obtidas a partir do Pacote Estatístico SAS (SAS - Learning Edition, 2002).

Tabela 1 – Lista dos 67 genótipos de arroz da subespécie *indica* utilizados na caracterização fenotípica. Pelotas, FAEM/UFPeI,2008.

1001* - BRS ATALANTA (1)*	1169 - IRGA 417 (35)
1005 - IRGA 417 (2)	1171 - BR IRGA 413 (36)
1008 - BR IRGA 411(3)	1175 - CICA 7 (37)
1011 - SUPREMO 1(4)	1187 - EMPASC 103 (38)
1012 - IRGA 420(5)	1190 - EPAGRI 107 (39)
1016 - SUPREMO 13(6)	1193 - CICA 4 (40)
1017 - BR IRGA 422 CL(7)	1197 - ORYZICA 1(41)
1018 - QUALIMAX 1(8)	1201 - METICA -1 (42)
1020 - LIGEIRÃO(9)	1206 - SCS BRS 112 (43)
1021 - SUPREMO 2(10)	1212 - CICA 8 (44)
1025 - BR IRGA 409 (11)	1217 - TETEP (45)
1029 - BRS LIGEIRINHO(12)	1218 - TUNO CL (46)
1030 - BRS AGRISUL(13)	1221 - CL SEL 447 -B - B (47)
1032 - SC 173(14)	1222 - BRA 01002 (48)
1033 - EPAGRI 109(15)	1223 - BRA 01010 (49)
1034 - SCS BRS 113(16)	1227 - PURPURO (50)
1073 - SCA BRS 111(17)	1228 - CL. SEL. 690 - 4 (51)
1074 - EMPASC 104(18)	1229 - CL. SEL. 1293 (52)
1081 - CICA 8 (19)	1231 - CL. 916 - B -3 -1- 2 (53)
1087 - EMPASC 103(20)	1232 - CL. 1278 (54)
1094 - IR 8(21)	1233 - CL. SEL. 3026 - 11(55)
1095 - AGULHINHA ANÃO(22)	1234 - CL. 244 - 34 -111- 1 (56)
1097 - EPAGRI 107(23)	1235 - CPACT - CA 1-2298 -5 (57)
1098 - EPAGRI 108(24)	1236 - CL. SEL. 614 (58)
1102 - BRS QUERÊNCIA(25)	1237 - SC 4 (59)
1111 -ARROZ DE SEQUEIRO (02) (26)	1238 - SC 6 (OU 16) (60)
1117 - BRS TAIM(27)	1258 - TF - 603 - 9 -1- 1 (61)
1116 - ARROZ CHUMBINHO(28)	1259 - TF -448-4-2-3-1m-1-1 (62)
1122 - CRISTAL(29)	1260 - TF -443-4-2-3-1m-1a -1 (63)
1124 - IRGA 416 (30)	1264 -CL.-78 -84- 1m-26m-m-4-1b-2(64)
1125 - IRGA 420(31)	1265 - TF -448-1-1-2-1m-1m -7 (65)
1126 - IRGA 418(32)	1272 - TF - 448-8-26-1-1-2m-11(66)
1150 - IRGA 409(33)	1275 - CL. SEL. 918 -2b-1-3 (67)
1161 - BR IRGA 409(34)	

\* Número do Acesso na Coleção de Germoplasma (EMBRAPA/CPACT), \* Número do genótipo para localização nos dendrogramas.

Tabela 2 – Lista dos 97 genótipos de arroz da subespécie *japonica temperado* utilizados na caracterização fenotípica. Pelotas, FAEM/UFPeL,2008.

1000* - IAS FORMOSA (1)*	1137 - JAPONES GRANDE (50)
1003 - BRS BOJURU (2)	1138 - JAPONES (51)
1041 - BICO TORTO (3)	1139 - ARROZ CAROLINO (52)
1046 - FARROUPILHA (4)	1140 - CACHINHO (53)
1049 - AMARELO (5)	1148 - ARROZ AMARELO E BRANCO (54)
1054 - JAPONES GRANDE (6)	1156 - FORTUNA PELUDO (55)
1055 - EEA 401(7)	1157 - MOGI (56)
1058 - BICO PRETO (8)	1158 - CACHO GRADE (57)
1060 - EEA 404 (9)	1159 - EEA 405 (58)
1062 - FURTUNA PELUDO (10)	1160 - EEA 405(59)
1061 - JAPONES DE VARZEA (11)	1162 - FARROUPILHA (60)
1064 - 101 (12)	1164 - FARROUPILHA (61)
1067 - ARROZ BOLINHA/CATETINHO(13)	1167 - BICO TORTO OU 496(62)
1068 - AGULHA (14)	1170 - DOURADINHO (63)
1075 - FRONTEIRA (15)	1176 - BICO TORTO (64)
1076 - PALHA MURCHA (16)	1177 - FRONTEIRA (65)
1078 - CANA ROXA (PILOSA) (17)	1178 - DOURADÃO (66)
1080 - CATETINHO (18)	1180 - AGULINHA AMARELO (67)
1082 - AMARELO BICO PRETO (19)	1185 - CATETINHO (68)
1083 - CACHO GRANDE (20)	1188 - RIO GRANDE (69)
1084 - AGULHÃO (21)	1189 - AGULHA (70)
1085 - DOURADÃO (22)	1191 - AMARELÃO (71)
1086 - EEA 405 (23)	1192 - A. BOLINHA/CATETINHO (72)
1090 - DOURADINHO (24)	1194 - CANA ROXA (73)
1092 - ARROZ AMARELO E BRANCO(25)	1196 - JAPONEZES DE VARZEA (74)
1099 - ARROZ DE SECO (26)	1198 - AGULINHA (75)
1100 - FARROUPILHA (27)	1202 - CATETO (76)
1100A - FORMOSA (28)	1205 - AGULHÃO (77)
1101 - BICO TORTO (29)	1209 - JAPONES (78)
1103 - MOTI (30)	1214 - AGULINHA BRANCO (79)
1104 - ITAQUI (31)	1215 - EEA 05(80)
1106 - CACHINHO (32)	1216 - AGULINHA (81)
1107 - REETZ (33)	1220 - ARROZ DA TERRA (82)
1109 - MEIO CHUMBINHO (34)	1224 - U 4716(83)
1112 - ARROZ DE SEQUEIRO (03) (35)	1226 - JASMINE(84)
1114 - ARROZ JAPONES (36)	1239 - GOYAKUMANGOKO (85)
1115 - ARROZ SEQUEIRO (13) (37)	1241 - SANANISHIKI (86)
1118 - BRILHANTE (38)	1242 - CATETO AMARELO (87)
1119 - DIAMANTE (39)	1243 - CATETO COLETA (88)
1120 - AMBAR (40)	1244 - CATETINHO/ BOLINHA (89)
1121 - ORO (41)	1246 - MONTAINHA 90 DIAS (90)
1123 - ARROZ AMARELO (42)	1247 - ZEBU (91)
1128 - AMARELÃO (43)	1280- AGULHÃO (92)
1129 - AGULHA LIGEIRO (44)	1282 - 101 OU 1001 (93)
1130 - AMARELO BICO PRETO (45)	1283 - ANÃO (94)
1132 - BICO PRETO (46)	1284 - BRANQUINHO (95)
1134 - MOURIM MOCHI (47)	1285 - BRANQUINHO (96)
1135 - TOMOE MOCHI (48)	1287 - EEA 406 (97)
1136 - AMARELINHO (49)	

\* Número do Acesso na Coleção de Germoplasma (EMBRAPA/CPACT), \* Número do genótipo para localização nos dendrogramas

Tabela 3 – Lista dos 36 genótipos de arroz da subespécie *japonica tropical* utilizados na caracterização fenotípica. Pelotas, FAEM/UFPeI,2008.

1024* - TAQUARI (1)*	1173 - NEW BONNET (19)
1038 - CAROLINA (2)	1179 - CAROLINA (20)
1048 – TALENTO (3)	1182 - DAWN (21)
1069 - LEMONT (4)	1184 - RECHORO (22)
1070 - CAROLINA SP 407(5)	1186 - CAROLINA SP 407(23)
1091 - CAROLINA (6)	1199 - DIAMANTE (24)
1105 - IAC (7)	1203 - BLUE BONNET 50 (25)
1127 - LEMONT (01) (8)	1204 - BLUE BONNETE (26)
1131 - LEMONT (02) (9)	1225 - BRS AROMA (27)
1133 - IAC 201 (10)	1248 - BRS COLOSSO (28)
1144 – LACASSINE (11)	1249 - BRS CONAI (29)
1145 - MARAVILHA (12)	1250 - BRS CURINGA (30)
1147 – CARISMA (13)	1251 - BRS PRIMAVERA (31)
1149 - CAPONI (14)	1252 - BRS LIDERANÇA (32)
1151 - IAC 202 (15)	1253 - BRS TALENTO (33)
1152 - PROGRESSO (16)	1254 - BRS VENCEDORA (34)
1155 – BONANÇA (17)	1256 - IAC -500 (35)
1172 - BRS FORMOSO (18)	1276 - CYPRESS (36)

\* Número do Acesso na Coleção de Germoplasma (EMBRAPA/CPACT), \* Número do genótipo para localização nos dendrogramas.

### 3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na tabela 4, encontra-se o resumo das análises da variância dos dez caracteres estudados para as subespécies *indica* (67), *japonica temperado* (97) e *japonica tropical* (36), totalizando duzentos genótipos de arroz. A significância para a fonte de variação genótipo nas três subespécies, apresentaram diferença significativa em nível de 5% de probabilidade de erro, o que é um indicativo de que as constituições genéticas são divergentes, para os caracteres morfológicos avaliados, fator essencial para a realização de estudos de distância genética.

Os coeficientes de variação apresentaram valores de média à alta magnitude, destacando-se os caracteres MSPA e MSPR que apresentaram valores variando entre 49,35% a 70,59% e 32% a 45%, respectivamente. Isto sugere que estes caracteres apresentaram baixa precisão experimental, o que pode ter sido em virtude de um pequeno número de amostras.

Tabela 4 – Resumo das análises de variância dos dez caracteres avaliados em 200 genótipos de arroz. Pelotas, FAEM/UFPel, 2008.

ANOVA – subespécie <i>indica</i>											
QM											
F.V	GL	CRP	CRS	NR	EP	CPF	CSF	CC	IPF	MSPR	MSPA
GENÓTIPO	66	18.5320*	1.8073*	1.2361*	40.5554*	1.3493*	26.1575*	0.1107*	1.5346*	0.0012*	0.0006*
BLOCO	2	0.4003	1.0974	0.0163	2.5401	0.0607	3.3975	0.0469	0.2896	0.0007	0.0003
ERRO	132	2.9922	0.7486	0.6665	3.1288	0.3371	2.2848	0.0388	0.3319	0.0001	0.0004
TOTAL	200										
MÉDIA		9.3335	3.2965	3.7183	11.5878	2.8625	7.2047	1.6190	3.7244	0.0306	0.0340
CV(%)		18.5333	26.2472	21.9562	15.2649	20.2847	20.9804	12.1778	15.4683	32.2527	60.6230

ANOVA – subespécie <i>japonica temperado</i>											
GENÓTIPO	96	13.7982*	3.7103*	1.2542*	33.2411*	1.5567*	29.0221*	0.1993*	2.8277*	0.0012*	0.0009*
BLOCO	2	20.2205	5.7606	0.6537	4.5007	0.3575	3.2205	0.0452	0.3295	0.0007	0.0006
ERRO	192	2.4121	0.9871	0.4519	4.3900	0.4215	3.0624	0.0383	0.4884	0.0002	0.0003
TOTAL	290										
MÉDIA		10.5727	3.9802	3.3565	11.1992	3.1453	5.7718	1.7862	4.6364	0.0328	0.3798
CV(%)		14.6897	24.9617	20.0279	18.7087	20.6418	30.3188	10.9692	15.0730	43.5010	49.3586

ANOVA – subespécie <i>japonica tropical</i>											
GENÓTIPO	35	12.0949*	3.1925*	0.8455*	14.0163*	0.6065*	16.5837*	0.1175*	1.1508*	0.0007*	0.0052*
BLOCO	2	4.8098	0.5384	0.1702	7.4133*	0.1086	2.5348	0.5309	0.3649	0.0001	0.0041
ERRO	70	2.8872	1.0857	0.3669	3.0094	0.1590	2.4763	0.2447	0.3093	0.0002	0.0046
TOTAL	107										
MÉDIA		9.8416	3.5725	3.1787	9.6593	2.8515	5.2509	1.6782	3.9622	0.02389	0.0401
CV(%)		17.2653	29.1671	19.0574	17.9596	13.9838	29.9690	9.3210	14.0381	45.5732	70.5919

Significativo a 5% de probabilidade de erro pelo teste F; (FV) Fontes de Variação. (GL) Graus de Liberdade, (QM) Quadrado Médio de Tratamento, (CV) Coeficiente de Variação, (CRP) Comprimento da Raiz Principal, (CRS) Comprimento da Raiz Secundária, (NR) Número de Raízes, (EP) Estatura de Planta, (CPF) Comprimento da Primeira Folha, (CSF) Comprimento da Segunda Folha, (CC) Comprimento do Coleoptilo, (IPF) Inserção da Primeira Folha, (MSPR) Matéria seca da Parte Radicular, (MSPA) Matéria Seca da Parte Aérea.

Na tabela 5 pode ser observado uma seleção de 10% dos genótipos mais contrastantes, de cada subespécie de arroz, que apresentaram as maiores e menores médias para os caracteres do sistema de raízes (CRP, CRS, NR, MSPR).

Tabela 5 – Genótipos de arroz mais contrastantes para o sistema de raízes, para as três subespécies avaliadas. Os genótipos 10% superiores e os 10% inferiores são mostrados. Pelotas, FAEM/UFPel, 2008

<i>Subespécie indica</i>	
Maiores médias	Menores médias
<b>CRP</b>	
1232* - CL. 1278 (54)	1264 - CL.- 78 -84- 1m- 26 m-m-4-1b-2 (64)
1272 - TF - 448-8-26-1-1-2m-11 (66)	1034 - SCS BRS 113 (16)
1227 – PURPURO (50)	1018 - QUALIMAX 1 (8)
1233 - CL. SEL. 3026 - 11 (55)	1095 - AGULHINHA ANÃO (22)
1231 - CL. 916 - B -3 -1- 2 (53)	1124 - IRGA 416 (30)
1228 - CL. SEL. 690 - 4 (51)	1094 - IR 8 (21)
<b>CRS</b>	
1217 - TETEP (45)	1175 - CICA 7 (37)
1020 - LIGEIRÃO (9)	1033 - EPAGRI 109(15)
1234 - CL. 244 - 34 -111- 1 (56)	1097 - EPAGRI 107 (23)
1229 - CL. SEL. 1293 (52)	1117 - BRS TAIM (27)
1011 - SUPREMO 1 (4)	1124 - IRGA 416 (30)
1238 - SC 6 (OU 16) (60)	1102 - BRS QUERÊNCIA (25)
<b>NR</b>	
1094 - IR 8 (21)	1193 - CICA 4 (40)
1169 - IRGA 417 (35)	1197 - ORYZICA 1 (41)
1018 - QUALIMAX 1 (8)	1097 - EPAGRI 107 (23)
1020 - LIGEIRÃO (9)	1212 - CICA 8 (44)
1265 - TF -448-1-1-2-1m-1m -7 (65)	1190 - EPAGRI 107(39)
1029 - BRS LIGEIRINHO (12)	1206 - SCS BRS 112 (43)
<b>MSPR</b>	
1020 - LIGEIRÃO (9)	1237 - SC 4 (59)
1029 - BRS LIGEIRINHO (12)	1265 - TF -448-1-1-2-1m-1m -7 (65)
1011 - SUPREMO 1 (4)	1206 - SCS BRS 112 (43)
1025 - BR IRGA 409 (11)	1161 - BR IRGA 409 (34)
1005 - IRGA 417 (2)	1175 - CICA 7 (37)
1016 - SUPREMO 13 (6)	1201 - METICA -1 (42)
<i>Subespécie japonica temperado</i>	
<b>CRP</b>	
1123 - ARROZ AMARELO (42)	1085 - DOURADÃO (22)
1220 - ARROZ DA TERRA (82)	1062 - FURTUNA PELUDO (10)
1280- AGULHÃO (92)	1064 - 101 (12)
1244 - CATETINHO/ BOLINHA (89)	1000 - IAS FORMOSA (1)
1247 - ZEBU (91)	1003 - BRS BOJURU (2)
1242 - CATETO AMARELO (87)	1090 - DOURADINHO (24)
1167 - BICO TORTO OU 496 (62)	1092 - ARROZ AMARELO E BRANCO (25)
1246 - MONTAINHA 90 DIAS (90)	1046 - FARROUPILHA (4)
1129 - AGULHA LIGEIRO (44)	1226 - JASMINE (84)

... continuação da Tabela 5.

<b>CRS</b>	
1112 - ARROZ DE SEQUEIRO (03) (35)	1067 - ARROZ BOLINHA/CATETINHO (13)
1196 - JAPONEZES DE VARZEA (74)	1121 - ORO (41)
1114 - ARROZ JAPONES (36)	1158 - CACHO GRADE (57)
1132 - BICO PRETO (46)	1123 - ARROZ AMARELO (42)
1109 - MEIO CHUMBINH (34)	1178 - DOURADÃO (66)
1086 - EEA 405 (23)	1046 - FARROUPILHA (4)
1205 - AGULHÃO (77)	1244 - CATETINHO/ BOLINHA (89)
1128 - AMARELÃO (43)	1136 - AMARELINHO (49)
1103 - MOTI (30)	1239 - GOYAKUMANGOKO (85)

<b>NR</b>	
1003 - BRS BOJURU (2)	1129 - AGULHA LIGEIRO (44)
1092 - ARROZ AMARELO E BRANCO (25)	1242 - CATETO AMARELO (87)
1000 - IAS FORMOSA (1)	1114 - ARROZ JAPONES (36)
1239 - GOYAKUMANGOKO (85)	1185 - CATETINHO (68)
1061 - JAPONES DE VARZEA (11)	1247 - ZEBU (91)
1121 - ORO (41)	1194 - CANA ROXA (73)
1243 - CATETO COLETA (88)	1128 - AMARELÃO (43)
1120 - AMBAR (40)	1246 - MONTAINHA 90 DIAS (90)
1062 - FURTUNA PELUDO (10)	1196 - JAPONEZES DE VARZEA (76)

<b>MSPR</b>	
1067 - ARROZ BOLINHA/CATETINHO (13)	1170 - DOURADINHO (63)
1078 - CANA ROXA (PILOSA) (17)	1139 - ARROZ CAROLINO (52)
1101 - BICO TORTO (29)	1188 - RIO GRANDE (69)
1041 - BICO TORTO (3)	1189 - AGULHA (70)
1055 - EEA 401 (7)	1205 - AGULHÃO (77)
1054 - JAPONES GRANDE (6)	1285 - BRANQUINHO (96)
1060 - EEA 404 (9)	1160 - EEA 405 (59)
1049 - AMARELO (5)	1287 - EEA 406 (97)
1100 - FARROUPILHA (27)	1156 - FORTUNA PELUDO (55)

Subespécie *japonica tropical*

<b>CRP</b>	
1248 - BRS COLOSSO (28)	1199 - DIAMANTE (24)
1225 - BRS AROMA (27)	1038 - CAROLINA (2)
1133 - IAC 201 (10)	1173 - NEW BONNET (19)

<b>CRS</b>	
1249 - BRS CONAI (29)	1204 - BLUE BONNETE (26)
1179 - CAROLINA (20)	1203 - BLUE BONNET 50 (25)
1248 - BRS COLOSSO (28)	1254 - BRS VENCEDORA (34)

<b>NR</b>	
1038 - CAROLINA (2)	1133 - IAC 201 (10)
1248 - BRS COLOSSO (28)	1225 - BRS AROMA (27)
1173 - NEW BONNET (19)	1254 - BRS VENCEDORA (34)

<b>MSPR</b>	
1070 - CAROLINA SP 407 (5)	1252 - BRS LIDERANÇA (32)
1069 - LEMONT (4)	1144 - LACASSINE (11)
1024 - TAQUARI (1)	1225 - BRS AROMA (27)

(CRP) Comprimento da Raiz Principal, (CRS) Comprimento da Raiz Secundária, (NR) Número de Raízes, (MSPR) Matéria seca da Parte Radicular, \* Número do Acesso na Coleção de Germoplasma (EMBRAPA/CPACT).

Observar-se na tabela 6, os respectivos valores de amplitude (maiores e menores valores), média, desvio padrão e variância para os 10 caracteres, nas três subespécies de arroz utilizadas. Para a subespécie *indica* os caracteres que apresentaram variância com os valores mais elevados foram CRP, NR e EP. A subespécie *japonica temperado* apresentou variância com valores mais elevados para o maior número de caracteres (CRS, CPF, CSF, CC, IPF, MSPR E MSPA), já a subespécie *japonica tropical* apresentou as menores variâncias para todos os caracteres. Isto pode ser devido a uma pressão de seleção maior sobre os caracteres CRP, NR e EP para a subespécie *indica* e CRS, CPF, CSF, CC, IPF, MSPR E MSPA para a subespécie *japonica temperado*.

Tabela 6 – Amplitude, média, desvio padrão e variância dos dez caracteres avaliados, para as três subespécies de arroz. Pelotas, FAEM/UFPEL, 2008.

Caracteres	ssp. indica			ssp. japonica temperado			ssp. japonica tropical		
	Amplitude	Média + $\sigma$	$\sigma^2$	Amplitude	Média + $\sigma$	$\sigma^2$	Amplitude	Média + $\sigma$	$\sigma^2$
CRP	15.43 – 2.86	9.37 + 2.76	7.66	18.97 – 2.22	10.57 + 2.51	6.30	15.63 – 3.07	9.84 + 2.43	5.93
CRS	6.18 – 0.7	3.30 + 1.03	1.06	7.95 – 0.0	3.98 + 1.38	1.92	7.07 – 1.0	3.57 + 1.32	1.76
NR	6.33 – 2.0	3.73 + 0.88	0.78	8.5 – 1.0	3.35 + 0.84	0.71	4.7 – 1.67	3.17 + 0.72	0.51
EP	21.15 – 5.25	11.62 + 3.85	14.88	26.52 – 4.8	11.19 + 3.73	13.94	17.08 – 5.5	9.65 + 2.58	6.69
CPF	6.77 – 1.12	2.87 + 0.79	0.63	6.85 – 0.88	3.14 + 0.89	0.79	3.86 – 1.37	2.85 + 0.55	0.30
CSF	16.59 – 1.38	7.22 + 3.15	9.96	15.37 – 0.78	5.77 + 3.41	11.65	11.88 – 0.73	5.25 + 2.66	7.09
CC	2.36 – 0.93	1.62 + 0.22	0.05	2.73 – 0.96	1.78 + 0.30	0.09	2.4 – 1.03	1.67 + 0.23	0.05
IPF	6.70 – 2.43	3.74 + 0.81	0.66	7.02 – 2.0	4.63 + 1.12	1.26	6.35 – 2.74	3.96 + 0.76	0.58
MSPR	0.09 - 0.01	0.03 + 0.02	0.0004	0.09 – 0.01	0.03 + 0.02	0.0005	0.09 – 0.01	0.02 + 0.02	0.0003
MSPA	0.08 – 0.01	0.03 + 0.02	0.0005	0.09 – 0.01	0.04 + 0.02	0.0005	0.08 + 0.01	0.04 – 0.07	0.004

(CRP) Comprimento da Raiz Principal, (CRS) Comprimento da Raiz Secundária, (NR) Número de Raízes, (EP) Estatura de Planta, (CPF) Comprimento da Primeira Folha, (CSF) Comprimento da Segunda Folha, (CC) Comprimento do Coleóptilo, (IPF) Inserção da Primeira Folha, (MSPR) Matéria seca da Parte Radicular, (MSPA) Matéria Seca da Parte Aérea. Ssp –subespécie;  $\sigma$ - desvio padrão ;  $\sigma^2$  variância.

O método de agrupamento de Tocher, foi aplicado para as três subespécies de arroz, na tabela 7 pode ser visualizada a divisão em grupos distintos. Este método leva ao estabelecimento de grupos de forma que exista homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos. Além disso, é uma técnica de otimização que agrupa os indivíduos mantendo o critério de que as distâncias intragrupos sejam sempre menores do que as intergrupos (CRUZ & REGAZZI, 1997). Desta maneira, a formação destes grupos representa uma preciosa informação na seleção de genitores dentro dos programas de melhoramento, pois as novas populações a serem formadas devem ser baseadas na amplitude de suas distâncias e na potencialidade dos genitores.

Para a subespécie *indica*, com 67 genótipos, foram formados 13 grupos distintos. Pode-se verificar que o grupo 1 de Tocher reuniu maior número de genótipos (35), sugerindo que estes genótipos são mais similares. Deste modo, espera-se que o primeiro grupo apresente caracteres agronômicos distintos dos demais grupos, pelo fato de terem formado um grupo isolado. Para os 97 genótipos da subespécie *japonica temperado* foram formados 18 grupos, sendo o grupo 1 que reuniu o maior número de genótipos (36). Na subespécie *japonica tropical*, com 36 genótipos, ocorreu à formação de 4 grupos distintos, sendo o grupo 1 formado por 27 genótipos.

Outro método de agrupamento utilizado, o UPGMA (Método não ponderado por médias aritméticas, originado do inglês *Unweighted pair-group arithmetic average*), reuniu os genótipos da subespécie *indica* em quatro grupos conforme a sua similaridade (Figura 1). Os genótipos que mais se diferenciaram em relação aos demais foram 45 (TETEP) e 84 (JASMINE) que formaram os grupos mais distantes III e IV, respectivamente. Os mais similares foram 40, 46 e 49 (CICA4, Tuno CL e BRA 01010) que estão no grupo II formado por 51 genótipos. No grupo I, foram agrupados os 14 genótipos restantes, o coeficiente de correlação cofenética do dendrograma ( $r= 0,73$ ), revelou um bom ajuste entre a representação gráfica das distâncias e sua matriz original (ROHLF, 2000) possibilitando a realização de inferência por meio da avaliação visual da figura 1. Os resultados obtidos possibilitaram inferir que o agrupamento dos genótipos pelo método UPGMA agrupou os genótipos 34 e 45 em grupos isolados. Entretanto, os genótipos 25, 19, 9, 64, 3, e 54 que formaram grupos isolados pelo método de Tocher; dividiram-se entre o grupo I (3 e 9) e II(25, 19, 54 e 64).

Tabela 7 – Grupos de similaridade genética entre genótipos de arroz, estabelecidos pelo método de Tocher, a partir da distância generalizada de Mahalanobis. Pelotas, FAEM/UFPeI, 2008.

<b>FORMAÇÃO DOS GRUPOS – <i>indica</i></b>																				
<b>GRUPO</b>	<b>INDIVÍDUOS</b>																			
<b>1</b>	40	46	49	42	61	60	52	41	56	31	67	36	62	43	51	66	53	50		
	58	55	57	24	44	37	59	63	65	39	27	33	28	30	32	35	18			
<b>2</b>	2	11	6	12	10	17	5	38	1	20	13	16	15	22	14	8				
<b>3</b>	47	48	26	29																
<b>4</b>	4	7																		
<b>5</b>	21	23																		
<b>6</b>	25																			
<b>7</b>	19																			
<b>8</b>	9																			
<b>9</b>	64																			
<b>10</b>	34																			
<b>11</b>	3																			
<b>12</b>	54																			
<b>13</b>	45																			
-----																				
<b>FORMAÇÃO DOS GRUPOS – <i>japonica temperado</i></b>																				
<b>1</b>	64	72	65	83	37	67	73	71	78	68	66	75	93	76	51	94	47	95	97	81
	96	80	63	79	38	62	46	45	32	77	70	50	52	39	55	56				
<b>2</b>	8	21	14	19	15	16	20	29	17	13	7	26	3	6	10	22	11	27	5	
<b>3</b>	57	58	49	59	54	89	91													
<b>4</b>	60	61	85	88	41															
<b>5</b>	1	2	25	4																
<b>6</b>	30	31	12	48																
<b>7</b>	35	43	34	44	33	36														
<b>8</b>	18	28																		
<b>9</b>	82	92	42																	
<b>10</b>	69	84																		
<b>11</b>	40	86																		
<b>12</b>	74																			
<b>13</b>	24																			
<b>14</b>	90																			
<b>15</b>	87																			
<b>16</b>	53																			
<b>17</b>	9																			
<b>18</b>	23																			
-----																				
<b>FORMAÇÃO DOS GRUPOS – <i>japonica tropical</i></b>																				
<b>1</b>	25	26	34	7	11	22	8	23	35	36	21	9	32	12	13	24	18	15	20	
	14	17	29	33	31	19	30	16												
<b>2</b>	2	6	3	4	1	5														
<b>3</b>	10	28																		
<b>4</b>	27																			

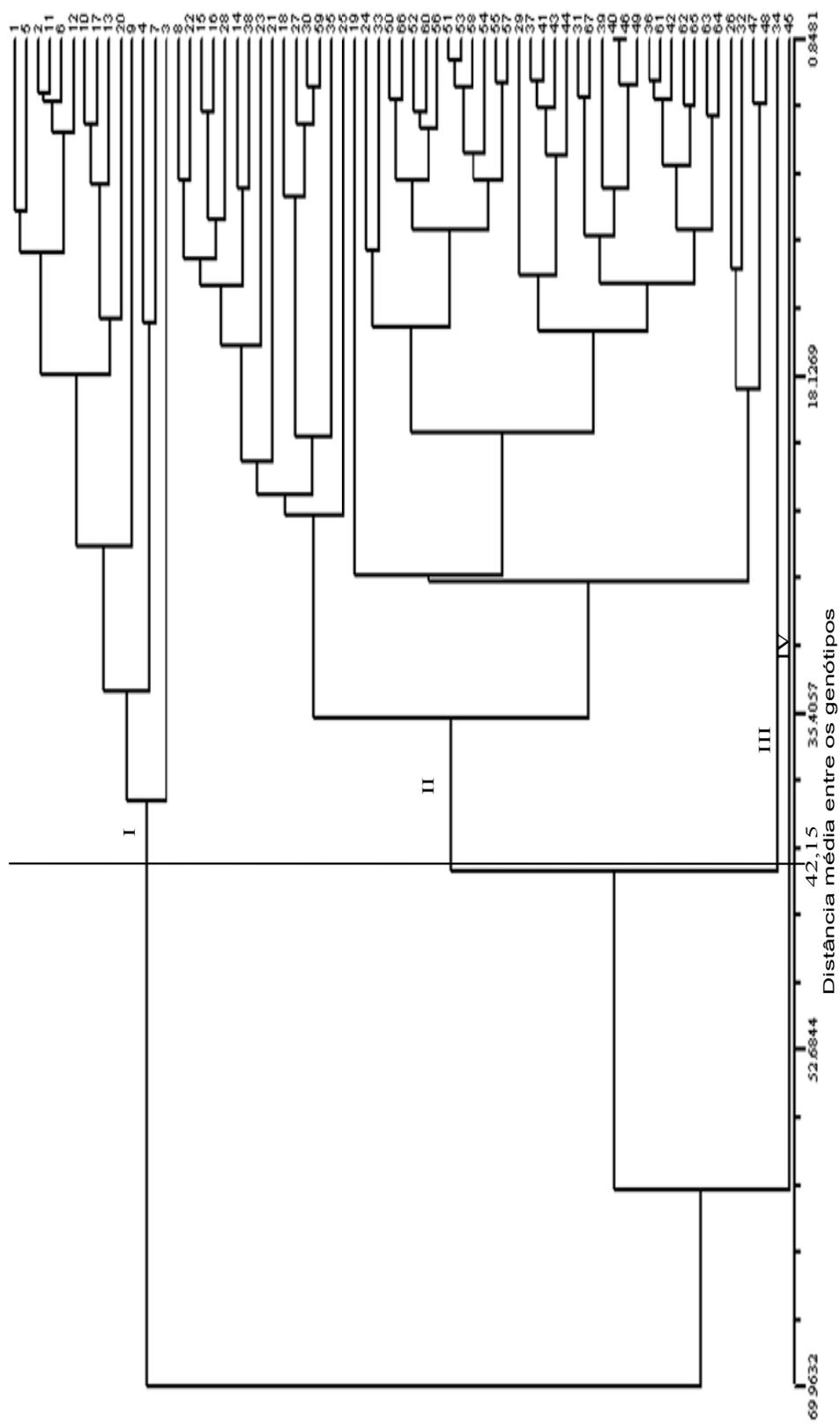


Figura 1 - Dendrograma obtido a partir da análise dos dados morfológicos de 67 genótipos da subespécie *indica*, pelo método de agrupamento UPGMA e utilizando a distância de Mahalanobis como média de distância genética. O coeficiente de correlação cofenética ( $r$ ) foi de 0, 73. FAEM/UFPEl, Pelotas/RS, 2008.

No dendrograma de similaridade de características morfológicas das plantas de arroz da subespécie *japonica temperado*, foram formados cinco grupos, sendo dois destes compostos de um único genótipo. O grupo III formado pelo genótipo 23 - EEA 405 e o grupo V, sendo o mais distante, representado pelo genótipo 84 - (JASMINE) (Figura 2). Ainda nesta figura, pode-se observar que o maior grupo (IV) é formado por 67 genótipos, seguido pelo grupo II composto por 24 genótipos, o grupo I é formado por cinco genótipos (1, 2, 4, 25 e 9 ). Comparado ao método de UPGMA, os genótipos isolados foram 23 e 34 enquanto que no método de Tocher ficaram isolados os genótipos 74, 24, 90, 87, 53, 9, 23. Deste modo, somente o genótipo 23 foi consistentemente diferente pelos dois métodos.

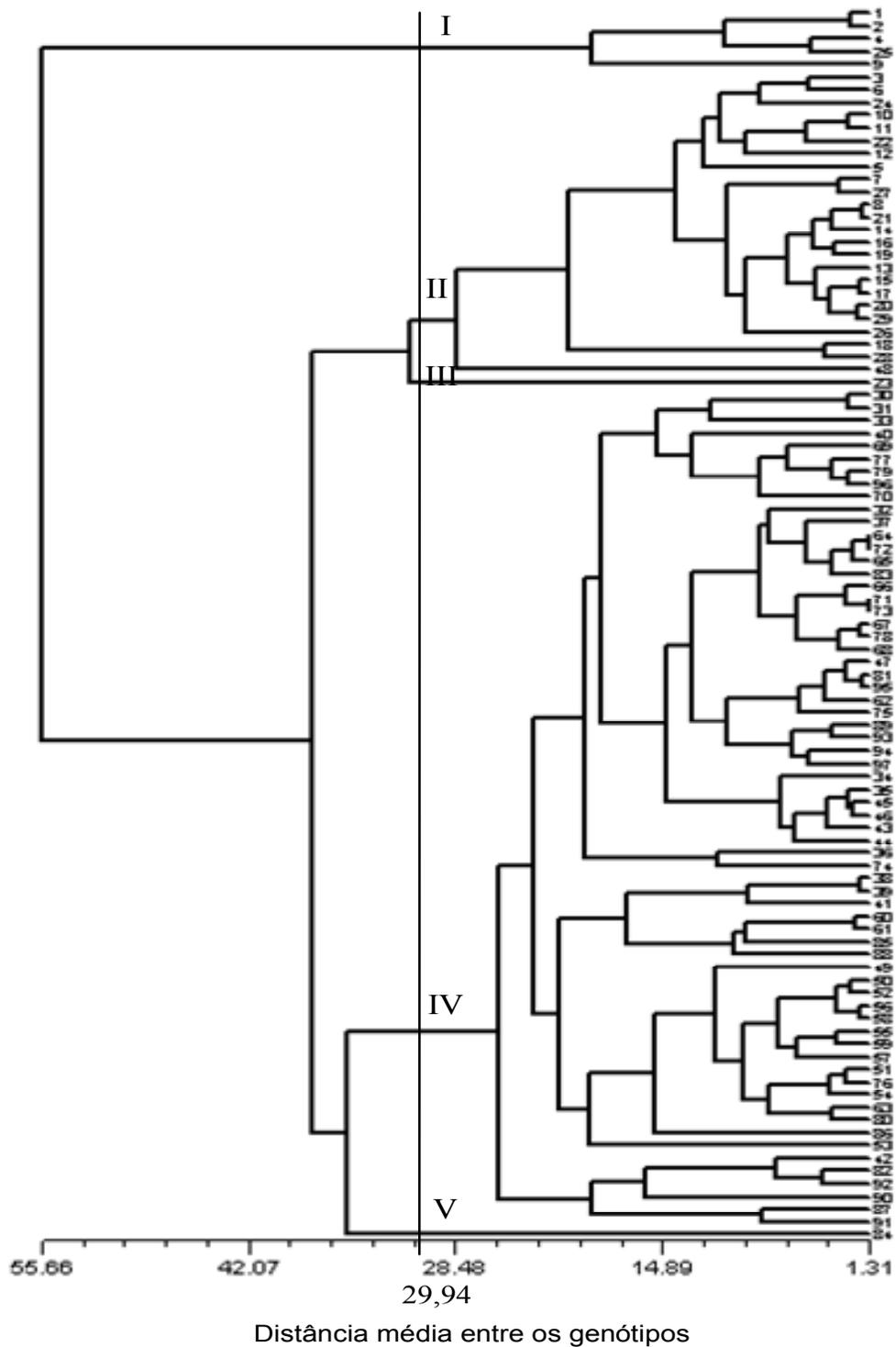


Figura 2 - Dendrograma obtido a partir da análise dos dados morfológicos de 97 genótipos da subespécie *japonica temperado*, pelo método de agrupamento UPGMA e utilizando a distância de Mahalanobis como média de distância genética. O coeficiente de correlação cofenética ( $r$ ) foi de 0,72. FAEM/UFPel, Pelotas/RS, 2008.

Na Figura 3 pode-se observar o agrupamento formado pelos genótipos da subespécie *japonica* tropical, onde ocorreu a formação de 5 grupos, o grupo I formado por 5 genótipos (1-TAQUARI, 4- LEMONT, 16 - PROGRESSO, 3-TALENTO e 5 - CAROLINA SP 407), o grupo II formado por dois genótipos (2-CAROLINA e 6 – CAROLINA). O maior grupo formado foi o III, o qual é composto por 23 genótipos, sendo os mais similares neste grupo os genótipos 25 – BLUE BONNET 50 e 26 - BLUE BONNETE. O grupo IV foi formado por 5 genótipos (9 – LEMONT (02), 10 - IAC 201, 28 - BRS COLOSSO, 31 - BRS PRIMAVERA 31 - BRS PRIMAVERA e 30 - BRS CURINGA). O grupo V, foi formado pelo genótipo 27- BRS AROMA, sendo este o mais distante em relação aos demais. Este resultado foi consistente entre os métodos UPGMA e Tocher considerando o isolamento do genótipo 27.

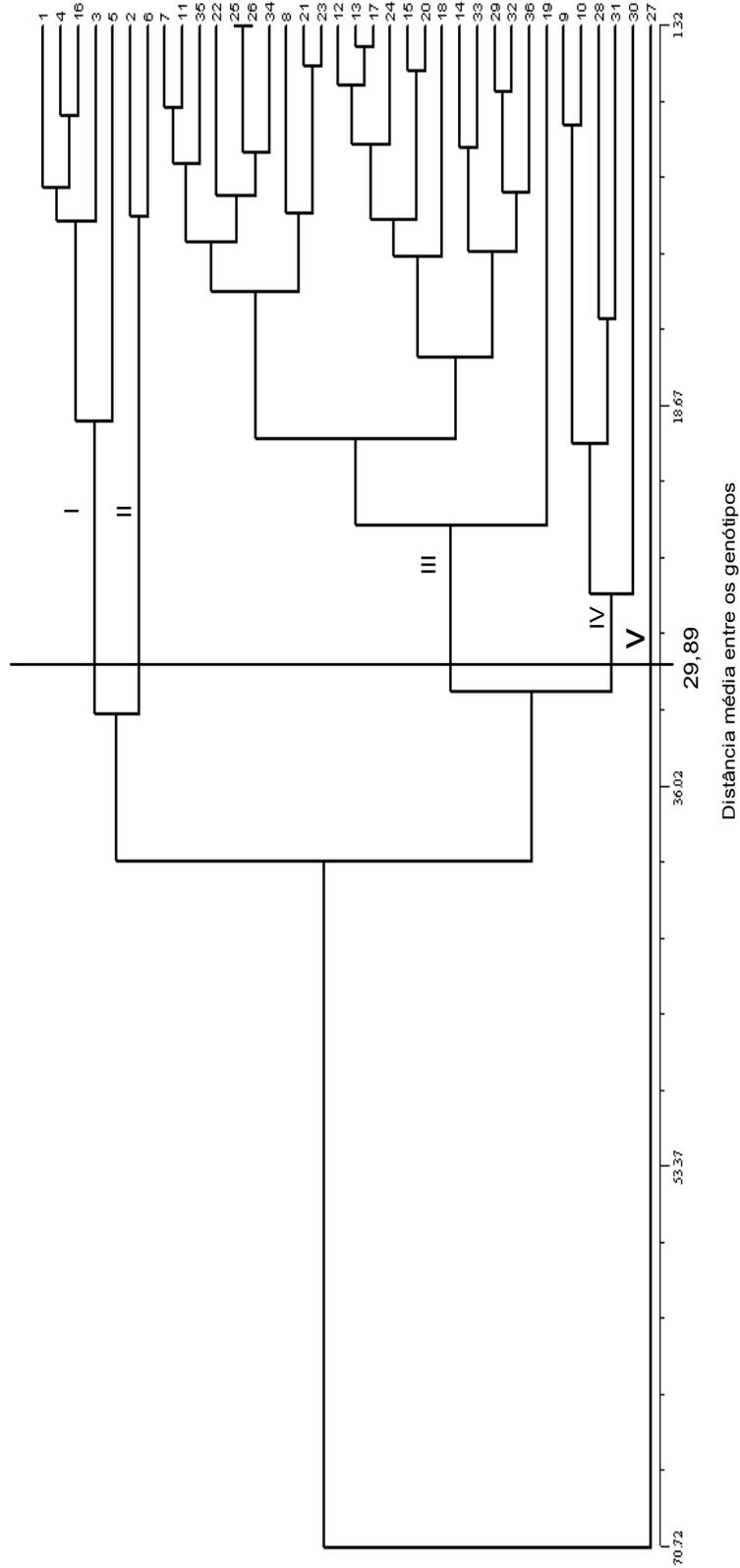


Figura 3 - Dendrograma obtido a partir da análise dos dados morfológicos de 36 genótipos da subespécie *Japonica tropical*, pelo método de agrupamento UPGMA e utilizando a distância de Mahalanobis como média de distância genética. O coeficiente de correlação cofenética ( $r$ ) foi de 0, 78. FAEM/UFPEL, Pelotas/RS, 2008.

A partir dos dados médios de cada subespécie foi estimada a distância de Mahalanobis e obtido o dendrograma pelo método UPGMA (Figura 4). Os resultados obtidos nesta análise possibilitaram verificar que existe elevada similaridade entre as subespécies *japonica tropical* e *temperado*, o coeficiente de correlação cofenética do dendrograma ( $r = 0,99$ ), apresentou um ótimo ajuste entre a representação gráfica das distâncias e sua matriz original.

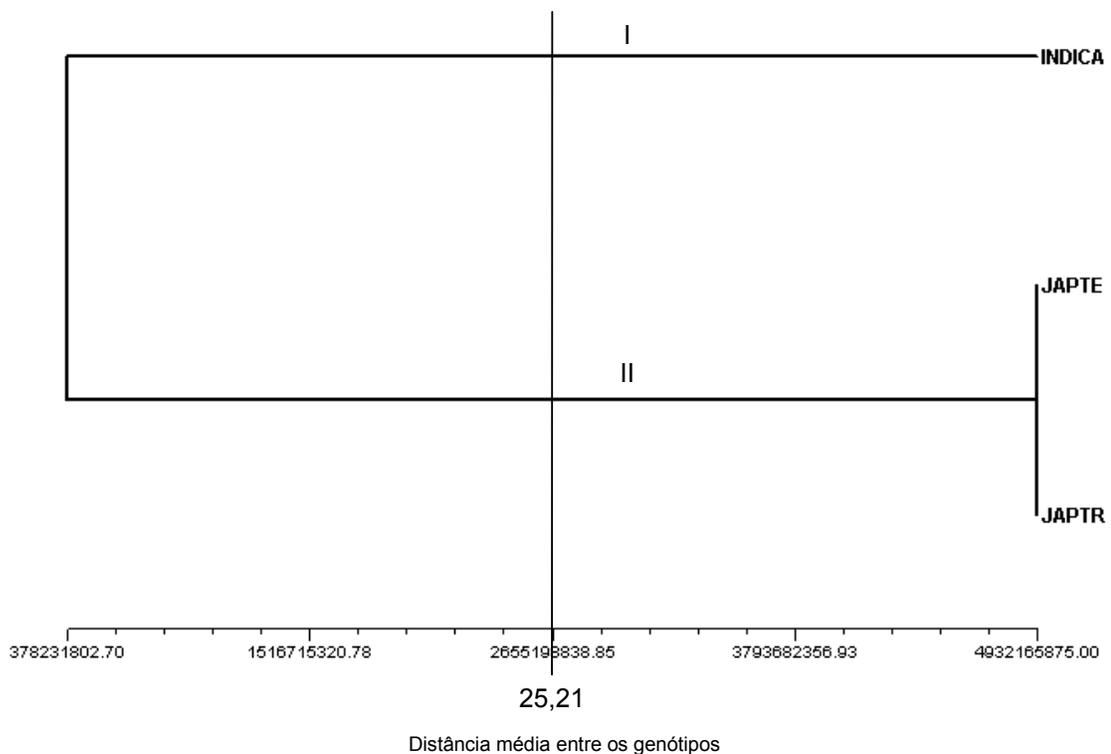


Figura 4 - Dendrograma obtido a partir da análise dos dados morfológicos de duzentos genótipos das subespécies *indica* (67), *japonica temperado* (97) e *japonica tropical* (36), pelo método de agrupamento UPGMA e utilizando a distância de Mahalanobis como média de distância genética. O coeficiente de correlação cofenética ( $r$ ) foi de 0,99. FAEM/UFPeI, Pelotas/RS, 2008.

A próxima análise realizada foi a de variáveis canônicas, utilizando a média dos grupos obtidos no método de Tocher. Das dez variáveis canônicas obtidas, nas subespécies *indica* e *japonica* temperado, a soma das três primeiras explicou 85.19% e 84.60% da variação global, respectivamente (Tabela 8). Desta forma, estas podem ser utilizadas para a identificação de caracteres de maior importância. Na subespécie *japonica* tropical, a importância das duas primeiras variáveis canônicas explicou 99,92% da variância total. Como a concentração da variância nas três primeiras variáveis, para as subespécies *indica* e *japonica* temperado e apenas duas para a subespécie *japonica* tropical, foi superior a 80% foram gerados gráficos tri e bidimensionais (Figuras 5, 6 e 7) para melhor visualizar a separação dos grupos.

Tabela 8 - Variância acumulada das variáveis canônicas obtidas de dez caracteres avaliados em genótipos de arroz. Pelotas, FAEM/UFPel,2008.

ESTIMATIVAS DOS AUTOVALORES			
% ACUMULADA			
	<i>indica</i>	jap. temperado	jap. tropical
<b>VC1</b>	62.03	53.36	98.31
<b>VC2</b>	76.11	74.53	99.92
<b>VC3</b>	85.19	84.60	100.0
<b>VC4</b>	91.27	90.02	100.0
<b>VC5</b>	95.71	94.36	100.0
<b>VC6</b>	98.31	96.66	100.0
<b>VC7</b>	99.55	98.40	100.0
<b>VC8</b>	99.87	99.25	100.0
<b>VC9</b>	99.99	99.76	100.0
<b>VC10</b>	100.0	100.0	100.0

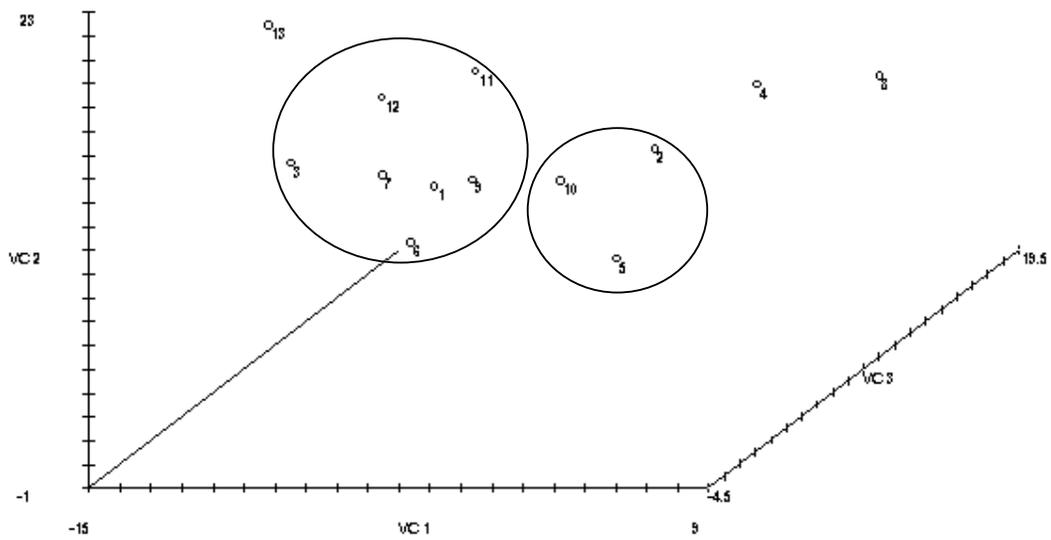


Figura 5 – Dispersão gráfica dos escores da primeira (VC1), segunda (VC2) e terceira (VC3) variáveis canônicas dos genótipos de arroz da subespécie *indica* em grupos. Cada grupo é composto por: Grupo1(40, 46, 49, 42, 61, 60, 52, 41, 56, 31, 67, 36, 62, 43, 51, 66, 53, 50, 58, 55, 57, 24, 44, 37, 59, 63, 65, 39, 27, 33, 28, 30, 32, 35, 18); Grupo 2 (2, 11, 6, 12, 10, 17, 5, 38, 1, 20, 13, 16, 15, 22, 14, 8); Grupo 3 (47, 48, 26, 29); Grupo 4(4,7); Grupo 5(21, 23); Grupo 6 (25), Grupo 7 (19); Grupo 8(9); Grupo 9(64); Grupo 10(34); Grupo 11(3); Grupo 12(54); Grupo 13(45). Pelotas, FAEM/UFPel, 2008.

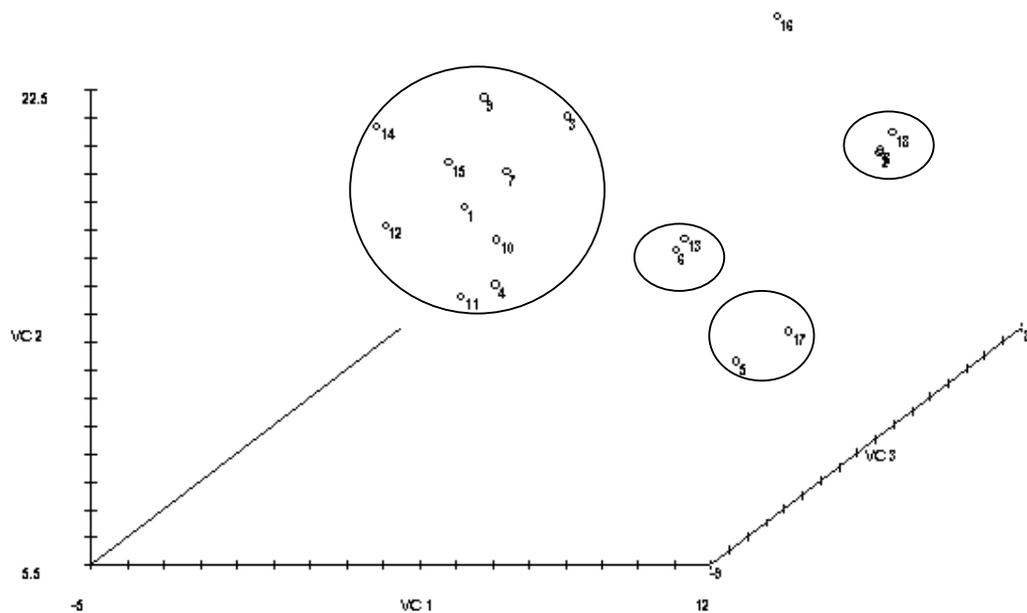


Figura 6 – Dispersão gráfica dos escores da primeira (VC1), segunda (VC2) e terceira (VC3) variáveis canônicas dos genótipos de arroz da subespécie *japonica* temperado em grupos. Cada grupo é composto por. Grupo1(64, 72, 65, 83, 37, 67, 73, 71, 78, 68, 66, 75, 93, 76, 51, 94, 47, 95, 97, 81, 96, 80, 63, 79, 38, 62, 46, 45, 32, 77, 70, 50, 52, 39, 55, 56); Grupo 2 (8, 21, 14, 19, 15, 16, 20, 29, 17, 13, 7, 26, 3, 6, 10, 22, 11, 27, 5); Grupo 3 (57, 58, 49, 59, 54, 89, 91); Grupo 4(60, 61, 85, 88, 41); Grupo 5(1, 2, 25, 4); Grupo 6 (30, 31, 12, 48), Grupo 7 (35, 43, 34, 44, 33, 36); Grupo 8(18 28); Grupo 9(82, 92, 42); Grupo 10(69 84); Grupo 11(40, 86); Grupo 12(74); Grupo 13(24); Grupo 14(90); Grupo 15 (87); Grupo 16 (53); Grupo 17 (9); Grupo 18 (23). Pelotas, FAEM/UFPel, 2008.

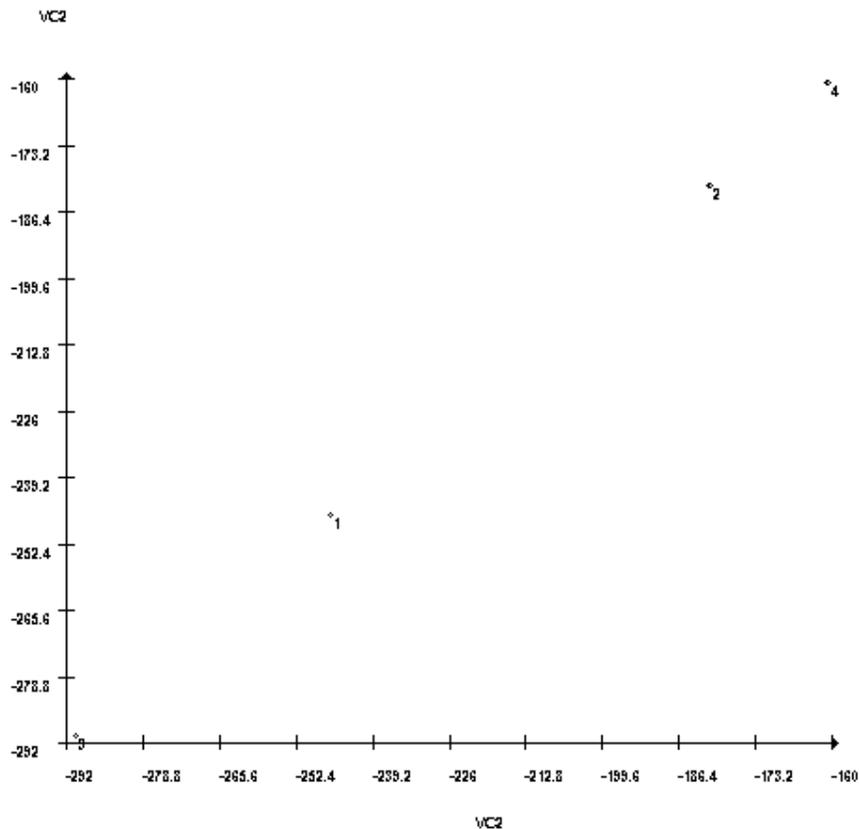


Figura 7 – Dispersão gráfica dos escores da primeira (VC1) e segunda (VC2) variáveis canônicas dos genótipos de arroz da subespécie *japonica* tropical em grupos. Cada grupo é composto por: Grupo1 (25, 26, 34, 7, 11, 22, 8, 23, 35, 36, 21, 9, 32, 12, 13, 24, 18, 15, 20, 14, 17, 29, 33, 31, 19, 30, 16); Grupo 2 (2, 6, 3, 4, 1, 5); Grupo 3 (10, 28); Grupo 4 (27). Pelotas, FAEM/UFPel, 2008.

Os caracteres que mais contribuíram para a dissimilaridade genética na subespécie *indica* foram EP, MSPR e CRP, para subespécie *japonica temperado* foi CPF e CC, e na subespécie *japonica tropical* foram CRP E CSF (Tabela 9).

Como alguns caracteres não associados ao sistema de raízes tiveram grande contribuição relativa para a dissimilaridade, uma nova análise com base nas matrizes de distâncias geradas, foram construídos dendrogramas pelo método de agrupamento da distância média (UPGMA), utilizando-se somente os caracteres CRP, CRS, NR e MSPR.

Tabela 9 - Contribuição relativa dos dez caracteres fenotípicos avaliados para a dissimilaridade apresentada entre os genótipos das três subespécies de arroz (*Oryza sativa*), baseada na estatística de SINGH (1981). Pelotas, FAEM/UFPel,2008.

<b>CARACTERES</b>	<i>indica</i>	<i>jap. temperado</i>	<i>jap. tropical</i>
<b>CRP</b>	19.33	8.41	25.95
<b>CRS</b>	7.13	2.89	8.72
<b>NR</b>	2.84	6.79	15.98
<b>EP</b>	26.51	4.89	11.28
<b>CPF</b>	2.18	42.92	5.42
<b>CSF</b>	4.32	8.14	23.49
<b>CC</b>	3.29	13.92	8.39
<b>IPF</b>	10.98	8.14	0.41
<b>MSPR</b>	22.18	1.76	0.32
<b>MSPA</b>	1.21	8.41	0.01

CRP: comprimento da raiz principal, CRS: comprimento da raiz secundária, NR: número de raízes, EP: estatura de planta, CPF: comprimento da primeira folha, CSF: comprimento da segunda folha, CC: comprimento do coleótilo; IPF: inserção da primeira folha, MSPR: matéria seca da parte radicular, MSPA: matéria seca da parte aérea.

A análise de dissimilaridade, baseada nos dados dos caracteres do sistema radicular para a subespécie *indica* (Figura 8), revelou distância média entre os genótipos de 17,08. O emprego da distância média como critério para a definição dos agrupamentos, propiciou a visualização de dois grupos distintos: o grupo I formado por 21 genótipos, sendo que neste grupo encontram-se alguns genótipos mais contrastantes com as maiores médias para os caracteres MSPR (9, 12,4,11,2,6) e o grupo II formado pela maioria dos genótipos (46), onde encontram-se os mais contrastantes com maiores médias para CRP (54,66,50,55,53,51).

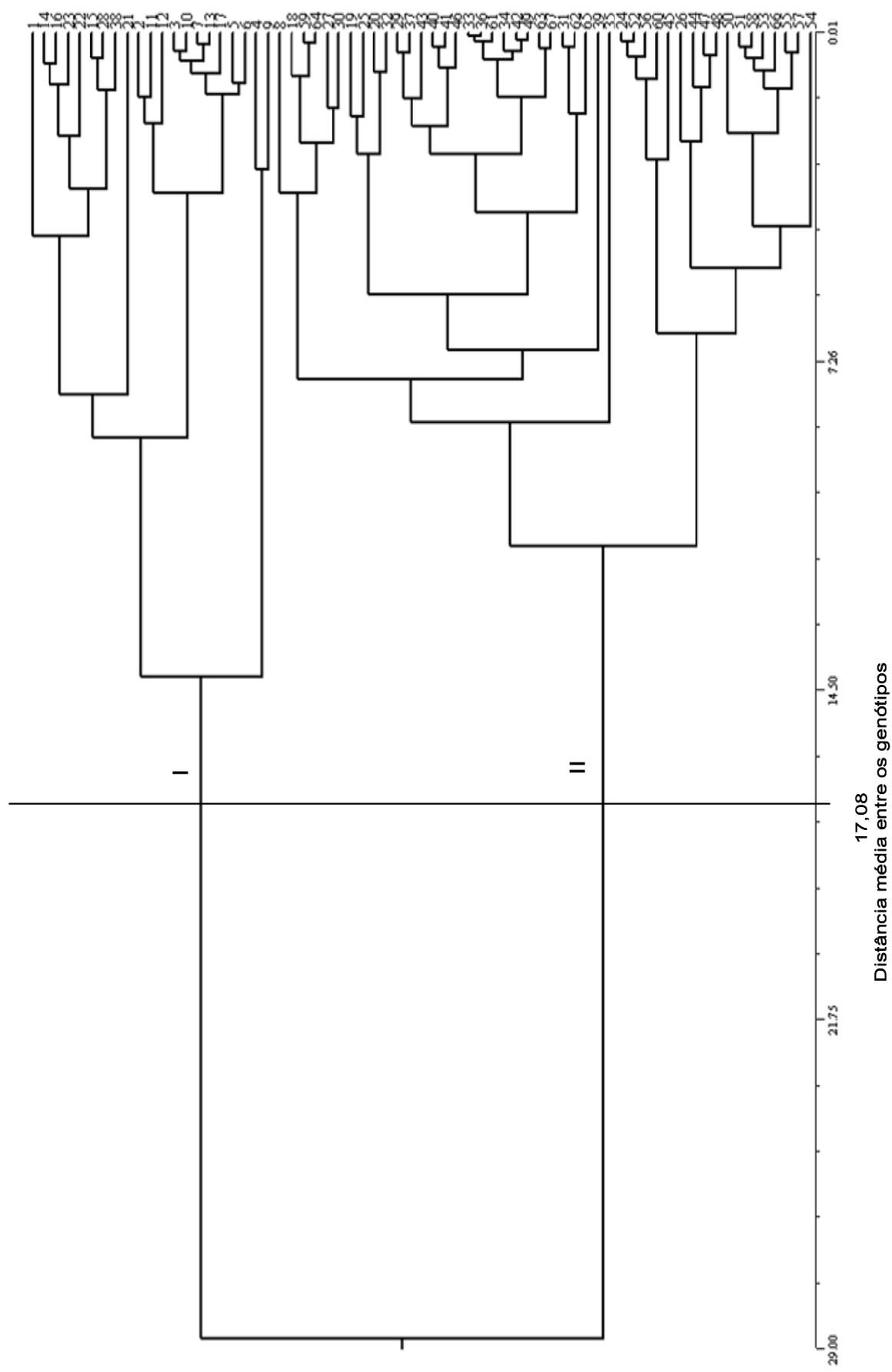


Figura 8 - Dendrograma obtido a partir da análise dos dados morfológicos do sistema radicular do sistema de agrupamento UPGMA. O coeficiente de correlação subespécie *indica*, por meio da distância de Mahalanobis e o método de agrupamento UPGMA. O coeficiente de correlação cofenética ( $r$ ) foi de 0, 69. FAEM/UFPel, Pelotas/RS, 2008.

Para a subespécie *japonica temperado*, a análise da similaridade baseada nos dados dos caracteres do sistema radicular, propiciou a formação de 4 grupos, quando foi utilizada a distância média (12,34) como critério para a definição dos agrupamentos (Figura 9). Os grupos formados foram: grupo I formado por 33 genótipos, onde se encontram alguns genótipos mais contrastantes com as maiores médias para os caracteres NR (2, 1, 11,10), MSPR (13,17,29,3,7,6,9,5,27) e as menores médias para CRP (22,10,12,1,2,24,25,4). O grupo II formado pela maioria dos genótipos (61), onde se encontram os genótipos mais contrastantes com maiores médias para CRP (42, 82, 92, 91, 87, 62, 90,44), CRS (35, 74, 36, 46, 34, 77,43) e as menores médias para NR (44, 87, 36, 68, 91, 73, 43, 90,76) e MSPR (63,52,69,70,77,96,59,97,55). O grupo III é formado por apenas dois genótipos, onde apresentam maiores médias para CRP (42,89), e as menores médias para CRS (42,89), e o grupo IV com apenas um genótipo (85) que apresenta uma das maiores médias para NR e uma das menores médias para CRS.

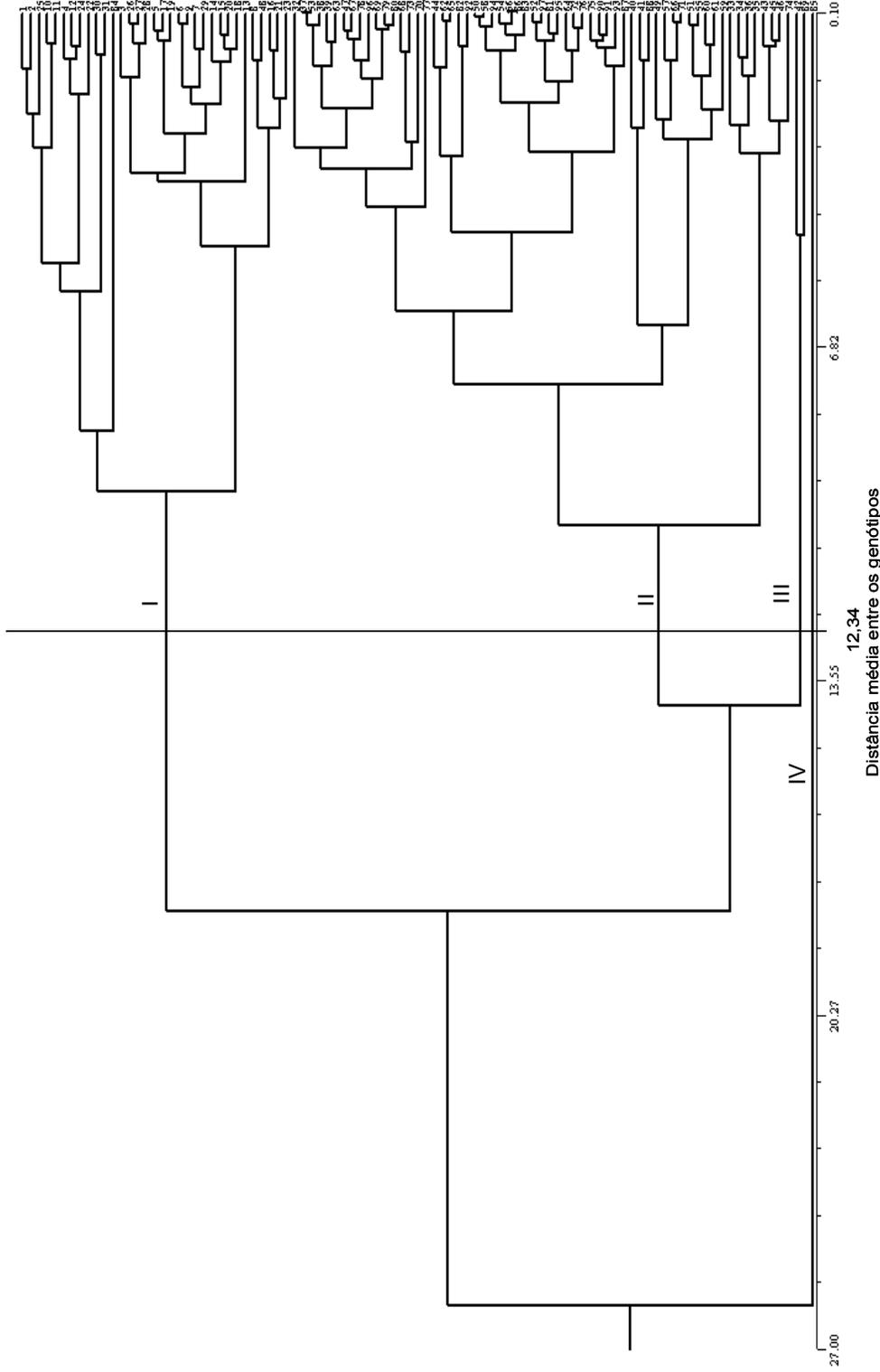


Figura 9 - Dendrograma obtido a partir da análise dos dados morfológicos do sistema radicular de 97 genótipos da subespécie *japonica temperado*, por meio da distância de Mahalanobis e o método de agrupamento UPGMA. O coeficiente de correlação cofenética ( $r$ ) foi de 0, 70. FAEM/UFPel, Pelotas/RS, 2008

Para a subespécie *japonica tropical*, a distância média entre os genótipos apresentou valor de 12,45 (Figura 10), sendo utilizada como critério para a definição dos agrupamentos, propiciou a formação de três grupos distintos: o grupo I é formado por oito genótipos onde apresentam as maiores médias para MSPR (5, 4,1), NR (2) e menores médias para CRP (2). O grupo II é o maior e é composto por 27 genótipos, as maiores médias para os caracteres CRP (27,10), CRS (29,20) e NR (19); e as menores médias para CRP (24,19), CRS (26,25,34), NR (10,27,34) e MSPR (32,11,27). E o grupo III composto por apenas um genótipo, encontra-se mais distante dos demais e apresenta as maiores médias para os caracteres CRP (28), CRS (28) e NR (28).

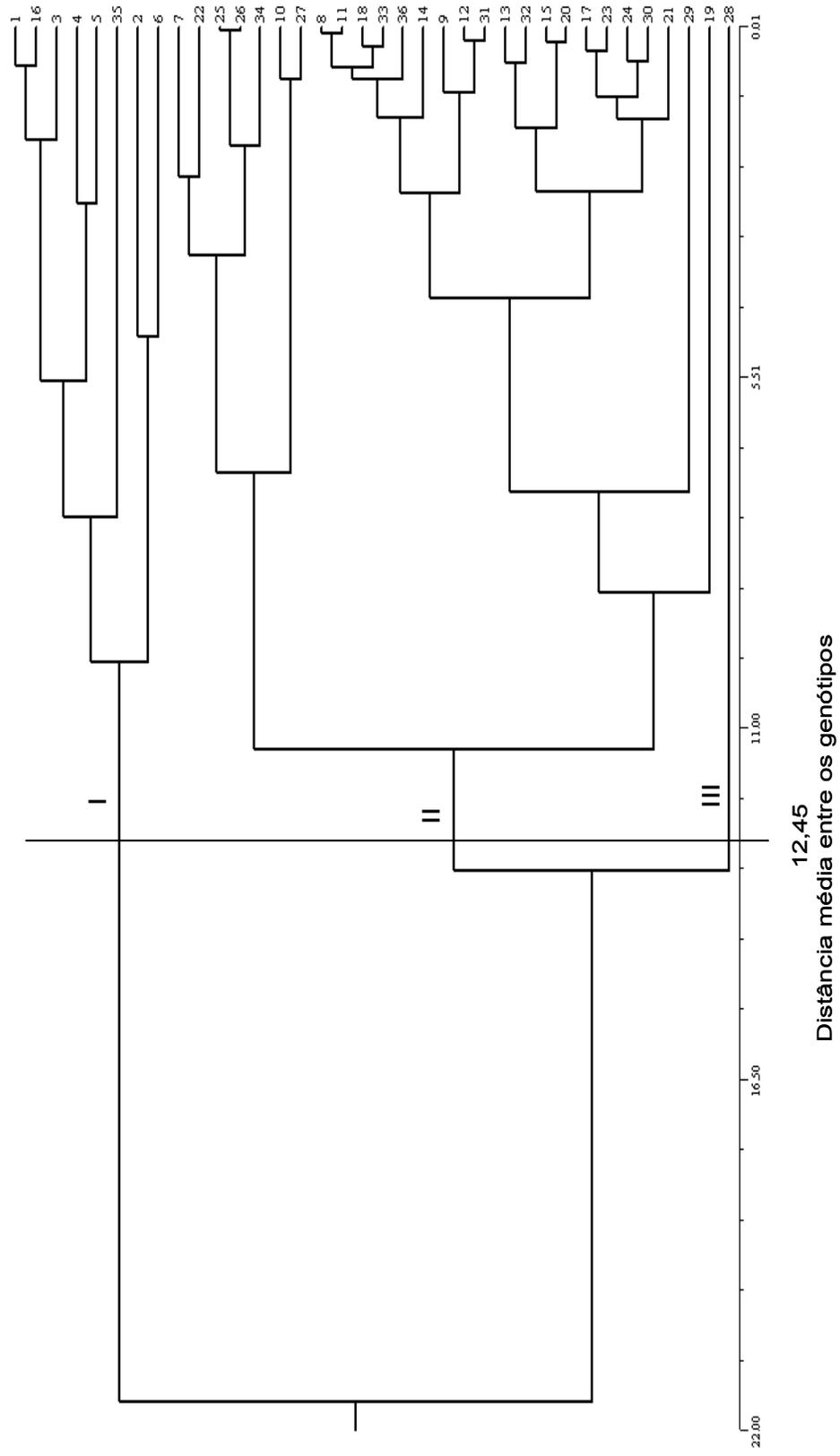


Figura 10 - Dendrograma obtido a partir da análise dos dados morfológicos do sistema radicular de 36 genótipos da subespécie *japonica tropical*, por meio da distância de Mahalanobis e o método de agrupamento UPGMA. O coeficiente de correlação cofenética ( $r$ ) foi de 0,69. FAEM/UFPEl, Pelotas/RS, 2008.

Na tabela 10, estão apresentados os resultados das correlações genotípicas e fenotípicas dos caracteres de raiz com os demais caracteres avaliados para cada uma das subespécies estudadas.

Podemos observar, para a subespécie *indica* que para o caráter CRP as associações significativas foram com EP, CSF e CC, sendo apenas a última de sentido positivo. Estas associações indicam a existência de causas comuns de variação entre estes caracteres, sugerindo que fatores atuantes no aumento de um, estão pelo menos em parte, determinando a diminuição e/ou aumentando os outros.

Para o caráter CRS nesta subespécie não houve associações fenotípicas significativas, entretanto, para as correlações genéticas este apresentou associação significativa e positiva com MSPA. Esta associação indica que com o aumento do crescimento da raiz secundária, é possível que exista também um aumento significativo no teor de matéria seca da parte aérea. O que pode ser atribuído ao fato de que quanto maior o comprimento da raiz secundária maior será a área de absorção de nutrientes, de modo que esta contribuirá para o aumento da acumulação destes elementos na parte aérea da planta.

Quanto ao caráter NR, este apresentou elevada magnitude de correlação (genotípica e fenotípica) com EP, CSF, além de correlação genotípica significativa e negativa com CPF e CC, sugerindo a possibilidade de realizar a seleção indireta para NR através do caráter CSF que foi de elevada magnitude. Revelando que com um maior número de raízes, por consequência haverá uma maior área de absorção de nutrientes e também ocorrerá uma melhor fixação da planta podendo evitar o acamamento, além de proporcionar uma maior estatura de plantas e um maior comprimento da segunda folha. Quanto aos caracteres CPF e CC, a associação negativa pode ter sido em virtude de que com um maior número de raízes secundárias ocorrerá maior consumo das reservas da semente, que seriam necessárias e responsáveis por um maior comprimento da primeira folha e do coleóptilo.

Tabela 10 – Coeficientes de correlações fenotípica e genotípica entre os caracteres (CRP) Comprimento da Raiz Principal, (CRS) Comprimento da Raiz Secundária, (NR) Número de Raízes, (MSPR) Matéria seca da Parte Radicular, (EP) Estatura de Planta, (CPF) Comprimento da Primeira Folha, (CSF) Comprimento da Segunda Folha, (CC) comprimento do coleótilo; (IPF) Inserção da Primeira Folha, (MSPA) Matéria Seca da Parte Aérea, dentro de cada uma das subespécies estudadas FAEM/UFPEL. Pelotas, 2008.

<b>Correlações Genotípicas e Fenotípicas para subespécie <i>indica</i> (67 genótipos)</b>							
		<b>EP</b>	<b>CPF</b>	<b>CSF</b>	<b>CC</b>	<b>IPF</b>	<b>MSPA</b>
<b>CRP</b>		-0.25*	0.17 <sup>ns</sup>	-0.29*	0.41*	0.06 <sup>ns</sup>	-0.16 <sup>ns</sup>
<b>CRS</b>	<b>F</b>	0.18 <sup>ns</sup>	0.05 <sup>ns</sup>	0.15 <sup>ns</sup>	0.04 <sup>ns</sup>	0.12 <sup>ns</sup>	0.03 <sup>ns</sup>
<b>NR</b>		0.52*	-0.15 <sup>ns</sup>	0.61*	-0.16 <sup>ns</sup>	0.04 <sup>ns</sup>	0.09 <sup>ns</sup>
<b>MSPR</b>		0.83*	-0.26*	0.79*	-0.26*	0.44*	-0.37*
		<b>EP</b>	<b>CPF</b>	<b>CSF</b>	<b>CC</b>	<b>IPF</b>	<b>MSPA</b>
<b>CRP</b>		-0.28	0.16 <sup>ns</sup>	-0.32*	0.47*	0.04 <sup>ns</sup>	0.26
<b>CRS</b>	<b>G</b>	0.21 <sup>ns</sup>	0.08 <sup>ns</sup>	0.17 <sup>ns</sup>	-0.01 <sup>ns</sup>	0.15 <sup>ns</sup>	0.25*
<b>NR</b>		0.69*	-0.25*	0.76*	-0.25*	-0.01 <sup>ns</sup>	0.17 <sup>ns</sup>
<b>MSPR</b>		0.87*	-0.34*	0.83*	-0.35*	0.47*	-0.53*
<b>subespécie <i>japonica temperado</i> (97 genótipos)</b>							
		<b>EP</b>	<b>CPF</b>	<b>CSF</b>	<b>CC</b>	<b>IPF</b>	<b>MSPA</b>
<b>CRP</b>		-0.23	0.41*	-0.33*	0.51*	0.22	0.48
<b>CRS</b>	<b>F</b>	0.18 <sup>ns</sup>	-0.01 <sup>ns</sup>	0.25*	-0.06 <sup>ns</sup>	0.04 <sup>ns</sup>	0.16 <sup>ns</sup>
<b>NR</b>		0.47*	-0.36*	0.55*	-0.45*	0.01 <sup>ns</sup>	-0.28*
<b>MSPR</b>		0.76*	-0.14 <sup>ns</sup>	0.70*	-0.03 <sup>ns</sup>	0.45*	-0.50*
		<b>EP</b>	<b>CPF</b>	<b>CSF</b>	<b>CC</b>	<b>IPF</b>	<b>MSPA</b>
<b>CRP</b>		-0.29*	0.52*	-0.38*	0.59*	0.25*	0.65*
<b>CRS</b>	<b>G</b>	0.18 <sup>ns</sup>	-0.01 <sup>ns</sup>	0.27*	-0.09 <sup>ns</sup>	0.01 <sup>ns</sup>	0.16 <sup>ns</sup>
<b>NR</b>		0.58*	-0.57*	0.67*	-0.63*	-0.05 <sup>ns</sup>	-0.44*
<b>MSPR</b>		0.83*	-0.19 <sup>ns</sup>	0.75*	-0.06 <sup>ns</sup>	0.52*	-0.68*
<b>subespécie <i>japonica tropical</i> (36 genótipos)</b>							
		<b>EP</b>	<b>CPF</b>	<b>CSF</b>	<b>CC</b>	<b>IPF</b>	<b>MSPA</b>
<b>CRP</b>		-0.17 <sup>ns</sup>	0.09 <sup>ns</sup>	-0.27 <sup>ns</sup>	0.51*	0.24 <sup>ns</sup>	-0.01 <sup>ns</sup>
<b>CRS</b>	<b>F</b>	0.26 <sup>ns</sup>	-0.20 <sup>ns</sup>	0.33*	0.02 <sup>ns</sup>	0.20 <sup>ns</sup>	0.15 <sup>ns</sup>
<b>NR</b>		0.27 <sup>ns</sup>	0.02 <sup>ns</sup>	0.34*	-0.23 <sup>ns</sup>	0.05 <sup>ns</sup>	-0.03 <sup>ns</sup>
<b>MSPR</b>		0.73*	-0.15 <sup>ns</sup>	0.59*	-0.20 <sup>ns</sup>	0.54*	-0.21 <sup>ns</sup>
		<b>EP</b>	<b>CPF</b>	<b>CSF</b>	<b>CC</b>	<b>IPF</b>	<b>MSPA</b>
<b>CRP</b>		-0.22 <sup>ns</sup>	0.11 <sup>ns</sup>	-0.29 <sup>ns</sup>	0.66*	0.26 <sup>ns</sup>	0.30 <sup>ns</sup>
<b>CRS</b>	<b>G</b>	0.37*	-0.19 <sup>ns</sup>	0.47*	0.08 <sup>ns</sup>	0.23 <sup>ns</sup>	0.80*
<b>NR</b>		0.26 <sup>ns</sup>	-0.13 <sup>ns</sup>	0.38*	-0.42*	-0.06 <sup>ns</sup>	-0.45*
<b>MSPR</b>		0.82*	-0.22 <sup>ns</sup>	0.65*	-0.25 <sup>ns</sup>	0.62*	-0.75*

\* Significativo; <sup>ns</sup> Não significativo a 5% de probabilidade de erro pelo teste t.

O caráter MSPR apresentou elevadas associações fenotípicas e genotípicas, significativas para todos os caracteres, sendo significativa e positiva para EP, CSF, e IPF, e significativa e negativa para CPF, CC e MSPA. Este resultado pode estar associado a uma maior absorção de nutrientes pelas raízes com uma distribuição não uniforme para todos os componentes da planta. Esta elevada associação apresentada entre MSPR e os demais caracteres indica que podemos utilizar esses para seleção indireta para o caráter raiz.

Para a subespécie *japonica temperado*, pode-se observar que para o caráter CRP houve associação fenotípica e genotípica com todos os caracteres, sendo para os caracteres CPF, CC e MSPA correlações com valores elevados e de sinal positivo. Este resultado pode estar associado com o aumento da absorção de nutrientes pela raiz principal e sua distribuição para as demais áreas da planta. Esse resultado concorda com os obtidos por FREITAS et al (2006), que avaliaram a absorção de P, Mg, Ca e K e tolerância de genótipos de arroz submetidos a estresse por alumínio em sistemas hidropônicos. Deste modo, os dados do presente trabalho possibilitam inferir que é possível selecionar plantas de arroz indiretamente por meio da avaliação do caráter comprimento de raízes.

Em relação ao caráter CRS, pode-se observar que este apresentou associação significativa fenotípica e genotípica com CSF e para os demais caracteres não houve associação significativa. Este resultado permite inferir que em relação ao tipo de raiz (primária e secundária), o tipo primária é a que apresenta a maior correlação com os caracteres avaliados no presente trabalho.

No que se refere ao caráter NR, pode-se observar que este apresentou associação fenotípica e genotípica com todos os demais caracteres avaliados, com exceção do IPF. Contudo, notou-se que o caráter NR teve correlação positiva apenas com o caráter EP e CSF. Deste modo, isto sugere que quanto maior o número de raízes secundárias maior será a estatura da planta, ao menos para esses genótipos quando submetidos a esta mesma condição de cultivo hidropônico, a qual por sua vez terá maior área fotossintetizante, que por consequência produzirá mais fotoassimilados que poderão ser translocados para o crescimento das raízes. Pois, de acordo com

SANT'ANA (2000) para o crescimento das raízes são necessários carboidratos provenientes da parte fotossintetizante da brotação.

Para MSPR, os caracteres que apresentaram associação significativa foram EP, CSF, IPF e MSPA, sendo este último com sinal negativo para correlação genotípica e fenotípica, possivelmente as condições de cultivo utilizadas no presente trabalho não tenham sido adequadas para que este caráter (MSPR) apresentasse correlação positiva com a parte aérea, embora às condições utilizadas fossem aquelas recomendadas pela literatura (SANT'ANA et al., 2003).

Em relação à subespécie *japonica tropical*, verificou-se que para o caráter CRP apresentou elevada associação fenotípica e genotípica apenas com CC. Este resultado confirma a alta correlação existente entre o CRP e o CC, pois nas duas subespécies de arroz, (*indica* e *japonica temperado*) acima apresentados, também mostraram associação deste caráter com o CC.

Quanto ao caráter CRS houve associação fenotípica apenas com CSF, e genotípica com EP, CSF e MSPA. Notou-se também que este tipo de caráter não possibilitou a formação de correlação significativa com um grande número de caracteres utilizados para avaliação nas três subespécies utilizadas neste trabalho.

Para o caráter NR a associação fenotípica ocorreu apenas com CSF e a associação genotípica com CSF, CC e MSPA. Isto sugere que o NR é influenciado pela parte aérea e o contrário é verdadeiro, ou seja, que as raízes para crescerem necessitam de carboidratos vindos da parte aérea, por consequência o aumento das raízes causou uma maior captação de nutrientes para a parte aérea. Este comportamento também foi notado na subespécie *japonica temperado*.

Em relação ao caráter MSPR, este apresentou associação fenotípica positiva com EP, CSF e IPF, enquanto que a genotípica ocorreu com EP, CSF, IPF e negativa com MSPA; esta correlação negativa entre MSPR e MSPA já era esperado, pois nas subespécies *indica* e *japonica temperado* este tipo de correlação também já havia ocorrido.

Na figura 11A pode-se observar que, para o caráter CRP as três subespécies apresentaram uma variabilidade semelhante, sendo os maiores comprimentos

encontrados nas subespécies *indica* e *japonica temperado* (19 cm). Quanto ao caráter CRS, a maior variabilidade foi apresentada pelos genótipos da subespécie *japonica temperado*, já para os genótipos da subespécie *indica* apresentaram menor variabilidade (Figura 11B). Os genótipos que possuem raízes (principal e secundária) mais compridas poderão apresentar maior tolerância aos períodos de estiagem, pois estas raízes poderão absorver a água das camadas mais inferiores do solo. Entretanto, recentes pesquisas com *Arabidopsis* têm evidenciado que as plantas com raízes pequenas quando cultivadas em condições de estresse hídrico ativam genes que promovem o crescimento das raízes (LEE et al., 2005).

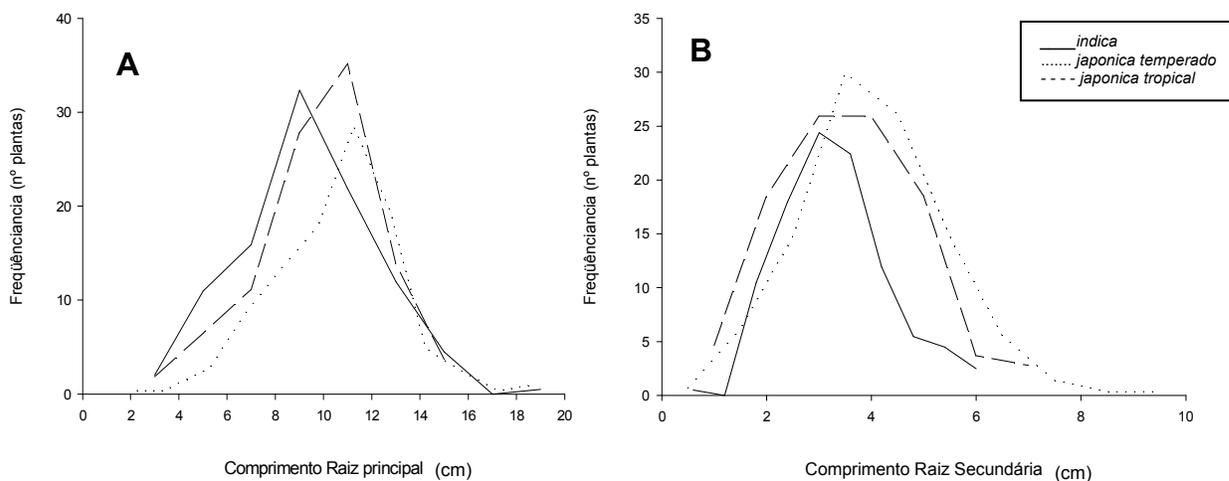


Figura 11 - Distribuição de freqüência para os caracteres comprimento de raiz principal (CRP) (A) e comprimento de raiz secundária (CRS) (B) dos genótipos *indica*, *japonica temperado*, *japonica tropical*. FAEM/UFPel, Pelotas/RS, 2008.

Em relação ao caráter estatura da planta, pode-se observar na figura 12 que a maior variabilidade foi encontrada na subespécie *indica*. Nota-se também que a menor variabilidade ocorreu com as plântulas da subespécie *japonica temperado*. As plantas de maior porte terão por conseqüência uma maior área fotossintetizante, e isto possibilitará uma maior quantidade de fotoassimilados que poderão ser distribuídos para a manutenção e crescimento do sistema radicular. De acordo com THALER & PAGÈS (1998), para que ocorra o alongamento das raízes é necessário não só a ativação dos genes responsáveis pelo crescimento deste órgão, como também se faz

necessário o suprimento de carboidratos, os quais são provenientes da parte área da planta.

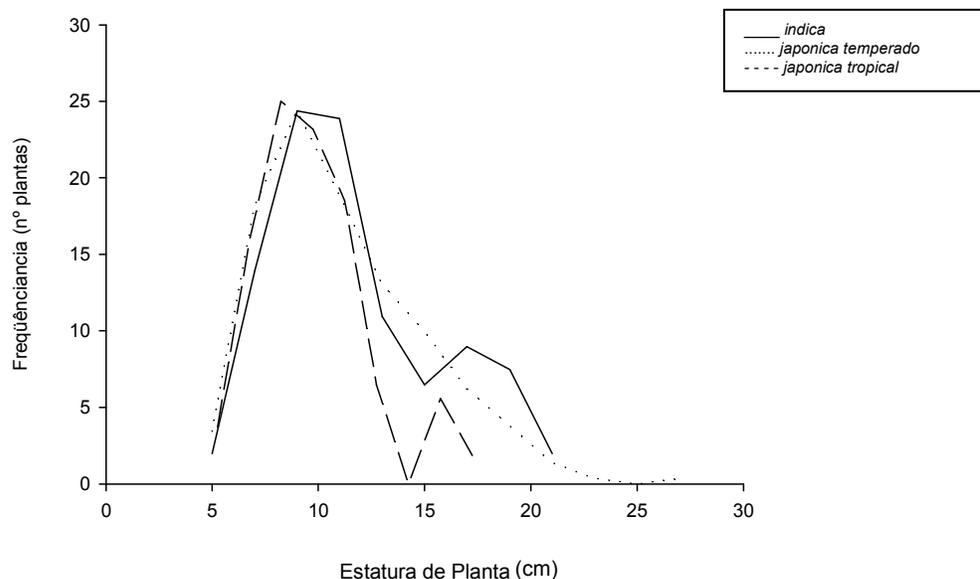


Figura 12 - Distribuição de freqüências para o caráter estatura de planta (EP) dos genótipos *indica*, *japonica temperado*, *japonica tropical*. FAEM/UFPel, Pelotas/RS, 2008.

A análise de distribuição de freqüência do número de raízes evidencia que dentre os genótipos avaliados, o que apresentou a maior variabilidade foram os genótipos da subespécie *japonica temperado*. Observou-se também que a menor variabilidade ocorreu com genótipos da subespécie *japonica tropical* (Figura 13). O número de raízes formadas, sejam secundárias ou adventícias, tem sua inicialização governada pela ativação de genes. O número de genes do arroz conhecidos que estão envolvidos no enraizamento são poucos, contudo, vários avanços para a compreensão dos genes envolvidos no enraizamento foram feitos em *Arabidopsis* (HEMSLEY, et al., 2005).

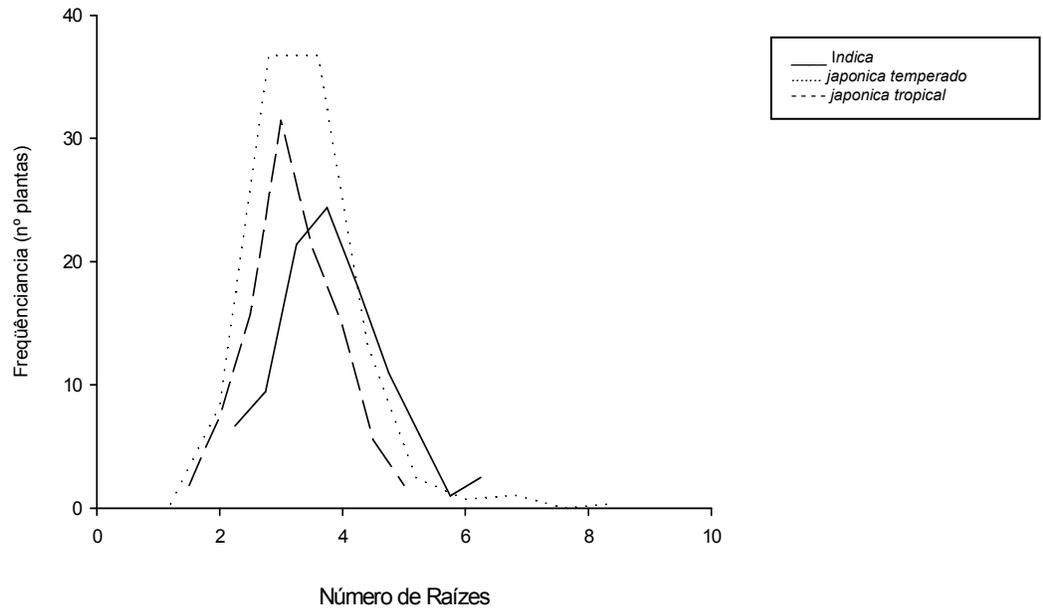


Figura 13 - Distribuição de freqüência para o caráter número de raízes (NR) das plântulas dos genótipos *indica*, *japonica temperado*, *japonica tropical*. FAEM/UFPel, Pelotas/RS, 2008.

Na figura 14A, observa-se que a maior variabilidade para o caráter comprimento da primeira folha ocorreu nas plântulas do genótipo *japonica temperado*, nota-se também que os genótipos da subespécie *indica* apresentaram variabilidade semelhante, e a menor variabilidade foi apresentada pelos genótipos da subespécie *japonica tropical*. Em relação ao caráter comprimento da segunda folha, observou-se um comportamento similar ao anterior, ou seja, os genótipos das subespécies *indica* e *japonica temperado*, apresentaram maior variabilidade (Figura 14B). As folhas possuem uma função muito importante no desenvolvimento inicial da planta, pois a partir do momento que as reservas existentes na semente vão tornando-se escassas, a retomada do crescimento dependerá dos produtos fotossintetizados. Deste modo, quanto maior a folha maior será a capacidade fotossintética e por conseqüência maior a quantidade de fotoassimilados para o crescimento da planta (TAIZ & ZEIGER, 1998).

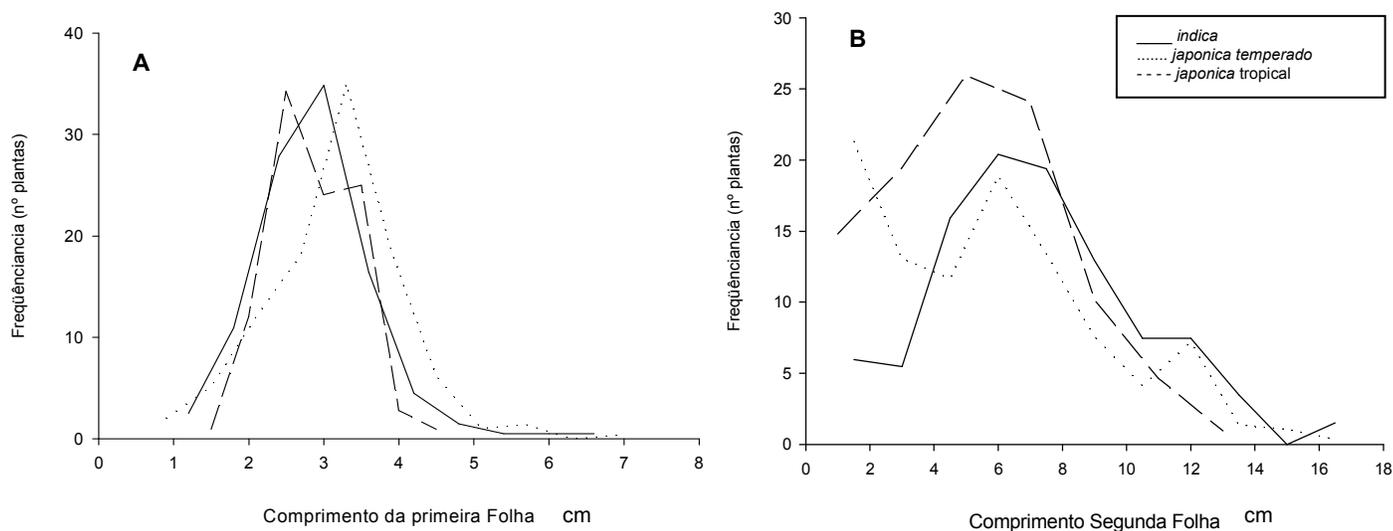


Figura 14 - Distribuição de freqüência para os caracteres comprimento da primeira folha (CPF) (A) e comprimento da segunda folha (CSF) (B) dos genótipos *indica*, *japonica temperado*, *japonica tropical*. FAEM/ UFPel, Pelotas/RS, 2008.

Quanto ao caráter comprimento do coleóptilo, pode-se observar na figura 15A que as plantas do genótipo *japonica temperado* apresentaram maior variabilidade e que nos genótipos das subespécies *indica* e *japonica tropical* a variabilidade foi muito semelhante. Em relação ao caráter inserção da primeira folha, nota-se mais uma vez que o genótipo da subespécie *japonica temperado* apresentou maior variabilidade relação aos demais (figura 15B).

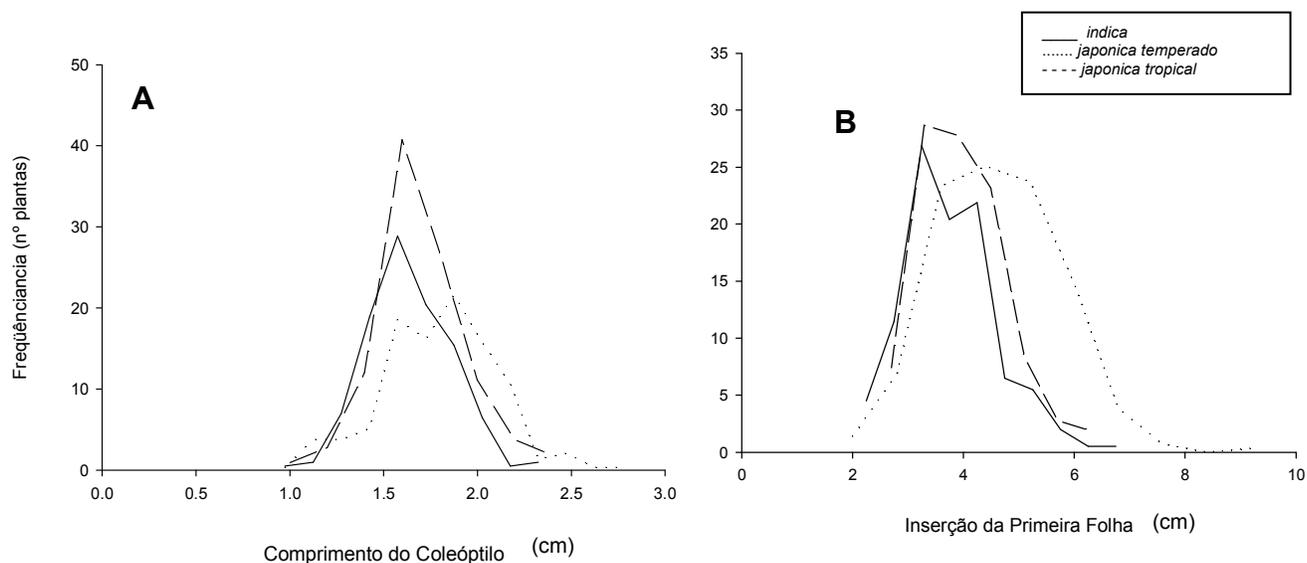


Figura 15 - Distribuição de freqüência para os caracteres comprimento do coleóptilo (CC) (A) e inserção da primeira folha (IPF) (B) dos genótipos *indica*, *japonica temperado*, *japonica tropical*. FAEM/ UFPel, Pelotas/RS, 2008.

Em relação à massa seca das raízes, pode-se observar que as plantas do genótipo *japonica temperado* apresentaram a maior variabilidade (figura 16A). Entretanto, para a massa seca da parte aérea, notou-se que os genótipos da subespécie *japonica tropical* apresentaram a maior variabilidade (figura 16B). Os dados do presente trabalho possibilitaram inferir que ocorreu uma relação entre o comprimento das raízes (primária e secundária) e a massa seca, ou seja, quanto maior o comprimento das raízes maior será a massa seca da raiz no genótipo *japonica temperado*. Entretanto, não houve essa mesma relação entre a matéria seca e número de raízes formadas para essa subespécie.

Contudo, esse comportamento observado entre a matéria seca e o comprimento ou número de raízes poderá apresentar variações em outras cultivares, pois cada cultivar poderá apresentar-se diferente em função da constituição genética e a interação com o meio ambiente.

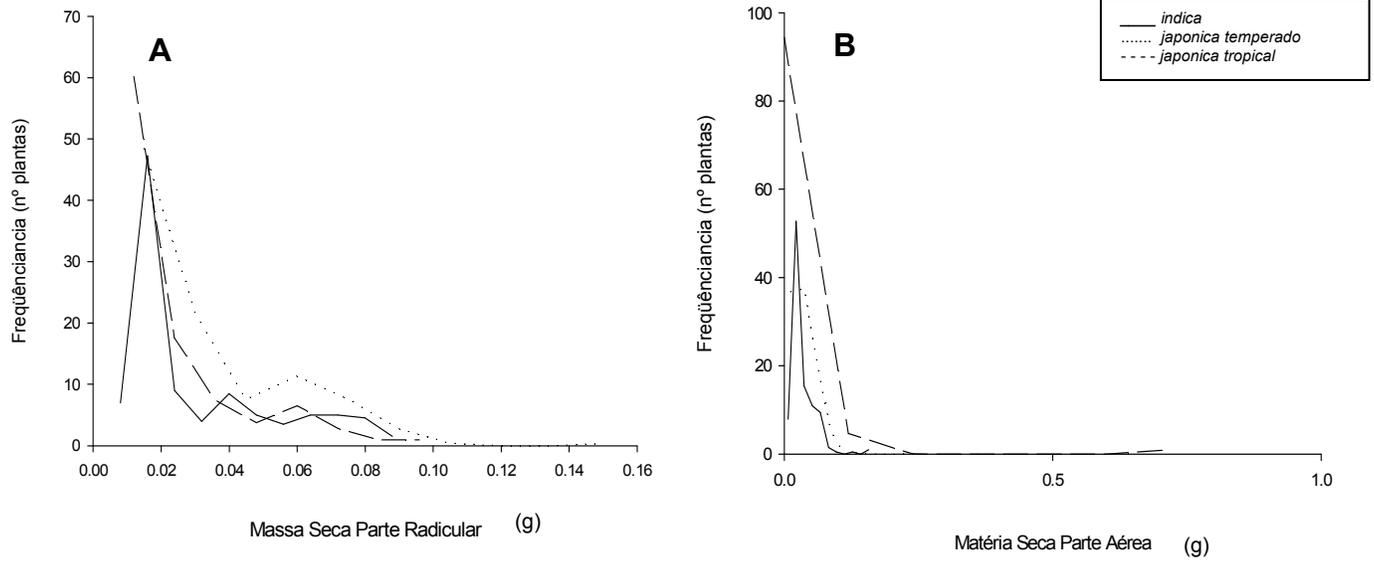


Figura 16 - Distribuição de freqüência para os caracteres matéria seca da parte radicular (MSPR) (A) e matéria seca da parte aérea (MSPR) (B) dos genótipos *indica*, *japonica temperado*, *japonica tropical*. FAEM/UFPel, Pelotas/RS, 2008.

## 4 CONCLUSÕES

A partir dos resultados obtidos no presente trabalho pode-se inferir que:

- 1) Os genótipos mais dissimilares, considerando todos os caracteres fenotípicos, foram: TETEP e BR IRGA 409 (*indica*), EEA 405, JASMINE e EEA 404 (*japonica temperado*) e BRS AROMA (*japonica tropical*);
- 2) Os genótipos mais dissimilares considerando somente os caracteres associados ao sistema radicular foram: CL. 1278 e CPACT – CA 1-2298-5 (*indica*), GOYAKUMANGOKO, ARROZ AMARELO e CATETINHO/BOLINHA (*japonica temperado*) e BRS COLOSSO e NEW BONNET (*japonica tropical*);
- 3) O caráter estatura de plântula (EP) apresentou correlação negativa com comprimento da raiz principal (CRP) para as três subespécies e correlação positiva com os demais caracteres avaliados para o sistema de raízes (comprimento da raiz secundária (CRS), número de raízes (NR) e matéria seca da parte radicular (MSPR));
- 4) É possível identificar genótipos contrastantes para os principais caracteres do sistema de raízes. Como exemplo, os genótipos Ligeirão (*indica* – contrastante superior) e Farroupilha (*japonica temperado* – contrastante inferior) são bons candidatos a genitores de uma população de mapeamento para caracteres associados ao sistema de raízes;
- 5) A subespécie *japonica temperado* apresentou maior variabilidade para a maioria dos caracteres (comprimento da raiz secundária (CRS), número de raízes (NR), comprimento da primeira folha (CPF), comprimento da segunda folha (CSF), comprimento do coleóptilo (CC), inserção da primeira folha (IPF), massa seca da parte radicular (MSPR)), enquanto que as subespécies *indica* (estatura de plântula (EP)) e *japonica tropical* (massa seca da parte aérea (MSPA)) apresentaram maior variabilidade apenas em um caráter cada uma.

## 5 CONSIDERAÇÕES FINAIS

A avaliação fenotípica de plântulas de arroz das subespécies *indica*, *japonica temperado* e *japonica tropical* em hidroponia, seguida da análise dos dados referentes aos caracteres estudados (CRP, CRS, NR, CPF, CSF, IPF, CC, EP, MSPA e MSPR), pelos métodos adotados possibilita a seleção de genótipos contrastantes, os quais poderão ser utilizados em futuros trabalhos de cruzamento visando obter populações geneticamente superiores.

Além disto, poderá ser desenvolvido, para dar seqüência a este trabalho o cultivo destes genótipos em outros ambientes como casa de vegetação e/ou campo, visando comparar com os dados obtidos neste trabalho.

## 6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABADIE, T.; CORDEIRO, C.M.T.; FONSECA, J.R.; ALVES, R.B.N.; BURLE, M.L.; BRONDANI, C.; RANGEL, P.H.N.; CASTRO, E.M.; SILVA, H.T.; FREIRE, M.S.; ZIMMERMANN, J.P. Construção de uma coleção nuclear de arroz para o Brasil. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, 129-136, 2005.

ASSIS, T. F.; TEIXEIRA, S. L. ENRamento de plantas lenhosas. In: TORRES, A. C.; CALDAS, L. S.; BUSO, J. A. **Cultura de tecidos e transformação genética de plantas**. Brasília: Embrapa-SPI/ Embrapa-CNPQ, 1998. v.1, p.261-296.

ABE, J.; MORITA, S. Growth direction of nodal roots in rice – its variation and contribution to root - system formation. **Plant and Soil**, v.165, n 2, p. 333-337, 1994.

BAO, Y.; KOST, B.; CHUA, N. Reduced expression of  $\alpha$ -tubulin genes in *Arabidopsis thaliana* specifically affects root growth and morphology, root hair development and root gravitropism. *The Plant Journal*, v. 28, n.2, p. 145-157, 2001.

BARKLEY, K.P., AND GREACEN, E.L. Mechanical resistance as a soil factor influencing the growth of roots and underground shoots. **Adv. Agron.** 19, 1-43, 1967.

BREYNE, P.; DREESEN, R.; CANNOOT, B.; ROMBAUT, D.; VANDEPOELE, K.; ROMBAUTS, S.; VANDERHSEGHEN, R.; INZE., D.; ZABEAU, M. Quantitative cDNA-AFLP analysis for genome-wide expression studies. **Mol Gen Genomics**, v.269, p. 173-179, 2003.

BÖHME, K.; LI, Y.; CHARLOT, F.; GRIERSON, C.; MARROCCO, K.; OKADA, K.; LALOUE, M.; NOGUE, F. The Arabidopsis COW1 gene encodes a phosphatidylinositol transfer protein essential for root hair tip growth. **The Plant Journal**, v. 40, p. 686–698, 2004.

CAMARGO, O.C. de; OLIVEIRA, O.F. Tolerância de cultivares de trigo a diferentes níveis de alumínio em solução nutritiva e no solo. **Bragantia**. v.40, p.21-23, 1981.

CANNELL, R.Q. Soil aeration and compaction in relation to root growth and soil management. **Appl. Biol.** 2, 1-86, 1977.

CARVALHO, F.I.F. et al. **Estimativas e implicações da correlação no melhoramento vegetal**. Pelotas UFPel, 142p. 2004.

CONCENÇO, G.; LOPES, N.F.; MORAES, D.M.; ANDRES, A.; MELO, P.T.B.S. Rice seedling and plant development as affected by increasing rates of penoxsulam under controlled environments. **Planta Daninha**, v.24, n.1, p.131-139, 2006.

COUPLAND, R.T., AND JOHNSON, R.E. Rooting characteristics of native grassland species in Saskatchewan. **Journal of Ecology**. 53, 475-507, 1965.

DARIO, G.J.A.; NETO, D.D.; MARTIN, T.N.; BONNECARRÉRE, R,A,G,; MANFRON, P.A.; FAGAN, E,B.; CRESCO, P.E.N. Influência do uso de fitoreguladores no crescimento do arroz irrigado. **Revista da Faculdade de Zootecnia, Veterinária e Agronomia**, v.11, n.1, p.183.194, 2004.

DALRYMPLE, D.G. **Development and spread of high-yielding rice varieties in development countries**. Washington, Agency for Development, 1986. 117p.

DREW, M.C., AND SAKER, L.R. Nutrient supply and the growth of the seminal root system in barley. II. Localized compensatory increases in lateral root growth and rates of nitrate uptake when nitrate supply is restricted to only part of the root system. **Journal of Experimental Botany**. 26, 79-90, 1975.

DORNELLES, A.L.C.; CARVALHO, F.I.F. de; FEDERIZZI, L.C. SERENO, M.J.C. de M.; AMARAL, A.; MITTELMANN, A. Avaliação simultânea para tolerância ao alumínio e sensibilidade ao ácido giberélico em trigo hexaplóide. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.32, n.9, p.893-896, 1997.

FAGERIA, N. K.; BARBOSA FILHO, M. P. Avaliação preliminar de cultivares de arroz irrigado para maior eficiência de utilização de nitrogênio. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 17, n. 12, p. 1709- 1712, dez. 1982.

FAO - **FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF UNITED NATION**. FAOSTAT Database Results. Rome (Itali): 2006. Capturada em 19 de agosto de 2006. On line. Disponível na internet: <http://apps.fao.org/page/form?collection=Production>.

FITTER, A.H. Characteristics and Functions of Root Systems. In: WAISEL, Y.; ESHEL, A.; KAFKAFI, U. **Plant roots: The hidden half**. 3ª Edition, Marcel Dekker, New York, p. 15-32, 2002.

FITTER, A.H., NICHOLS, R., AND HARVEY, M.L. Root system architecture in relation to life history and nutrient supply. **Functional Ecology**. 2, 345-351, 1988.

FITTER, A.H. An architectural approach to the comparative ecology of plant root systems. **New Phytol**, p.61-77, 1987.

FLORES, H.E, DAI, Y.R, CUELLO, J. L. MALDONA-MENDOZA, I.E, LOYOLA-VARGAS, V.M., Green roots-photosynthesising end photoautotrophy in an underground plant organ. **Plant Physiol**, v.101, p. 363-371, 1993.

FOREMAN, J.; DEMIDCHIK, V.; BOTHWELL, J. H.F.; MYLONA, P.; MIEDEMA, H.; TORRES, M.A.; LINSTEAD, P.; COSTA, S.; BROWNLEE, C.; JONES, J.D.G.; DAVIES, J.D.M.; DOLAN, L. Reactive oxygen species produced by NADPH oxidase regulate plant cell growth. **Nature**, v. 422, p. 442–446, 2003.

FORTIN, M.-C., AND POFF, K.L. Thermotropism by primary roots of maize. **Plant Physiology**. 93, 40s, 1990.

FRACARO, A.A.; PEREIRA, F.M. Distribuição do sistema radicular da goiabeira 'Rica' produzida a partir de estaquia herbácea. **Revista Brasileira de Fruticultura**. v. 26, n 1, p. 183-185, 2004.

FREITAS, F.A.; KOPP, M.M.; SOUSA, R.O.; ZIMMER, P.D.; CARVALHO, F.I.F.; OLIVEIRA, A.C.; Absorção de P, Mg, Ca e K e tolerância de genótipos de arroz submetidos a estresse por alumínio em sistemas hidropônicos. **Ciência Rural**, v.36, n.1, 2006.

GAO, S., PAN, W.L., KOENIG, R.T. Integrated root system age in relation to plant nutrient uptake activity. **Agronomy Journal** v.90, p. 505-510, 1998.

GOMES, A. da S.; MAGALHÃES JR. de, A.M. Arroz irrigado no sul do Brasil. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2004, 899p.

GRACE, J. Plant Response to Wind. Academic Press; London, 1977.

GRANT, C.A., FLATEN, D.N., TOMASIEWICZ, D.J. SHEPPARD, S.C. A importância do fósforo no desenvolvimento inicial da planta. **Informações Agrônomicas**, n 95, p. 1-5, 2001.

HEMSLEY, P.A.; KEMP, A.C.; GRIERSON, C.S. The TIP GROWTH DEFECTIVE1 S-Acyl transferase regulates plant cell growth in Arabidopsis. **The Plant Cell**, v. 17, p. 2554-2563, 2005.

IBGE - **Fundação Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística**. Censo agropecuário: Rio Grande do Sul - 2006. Capturado em 19 agosto. 2006. Online. Disponível na Internet: <http://www.sidra.ibge.gov.br/bda/tabela/protabl.asp?z=t&o=1&i=P>.

KENRICK, P. The origin of roots. In: WAISEL, Y.; ESHEL, A.; KAFKAFI, U. **Plant roots: The hidden half**. 3ª Edition, Marcel Dekker, New York, p. 1-13, 2002.

KLINGER, A. BOTHE, H. WRAY, V. MARSHNER, H. Identification of a yellow pigment found in maize roots upon mycorrhizal colonization. *Phytochemistry*, v.38. p.53-55, 1995.

KOSOLA, K.R, EISSENSTAT, D.M, GRAHAM, J.H.; Root demography of mature citrus trees: the influence of *Phytophthora nicotianae*. *Plant Soil*, v.171, p.283-288, 1995.

Lee, J.; Levesque, M.; Benfey, P. N. High-Throughput RNA isolation technologies. new tools for high-resolution gene expression profiling in plant systems. **Plant Physiology**, v.138, p. 585-590, 2005.

LIAO, H., RUBIO, G., YAN, X., CAO, A., BROWN, K., LYNCH, J.P. Effect of phosphorus availability on basal root shallowness in common bean. **Plant and Soil**, v. 232, p. 69-79, 2001.

LONDO, J.P.; CHIANG, Y.C.; HUNG; K.H.; CHIANG, T.Y.; SCHAAL, B.A. Phylogeography of Asian wild rice, *Oryza rufipogon*, reveals multiple independent domestications of cultivated rice, *Oryza sativa*. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v.103, n.25, p.9578-9583, 2006.

MACMILLAN, K., EMRICH, K., PIEPHO, H.P., MULLINS, C.E., PRICE, A.H. Assessing the importance of genotype x environment interaction for root traits in rice using a mapping population. I: a soil-filled box screen. **Theor Appl Genet** v.113, p. 977-986, 2006.

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

MAHALL, B.E., AND CALLAWAY, R.M. Root communication among desert shrubs. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA** 88,874-876, 1991.

MILACH, S. C. K. Principais tipos de marcadores moleculares e suas características. In: Milach, S. C. K. (ed) **Marcadores Moleculares em Plantas**. Porto Alegre, Universidade Federal do Rio grande do Sul, 1998, p. 17-28.

MAGALHÃES JÚNIOR, A.M.; TERRES, A.L.; FAGUNDES, P.R.; FRANCO, D.F.; ANDRES, A. Aspectos genéticos, morfológicos e de desenvolvimento de plantas de arroz irrigado. In: **Arroz Irrigado no Sul do Brasil**. Brasília, Embrapa Informação Tecnológica. p. 97-118, 2004.

MATSUO, T. Origin and differentiation of cultivated rice. In MATSUO,T. et al.. (Ed.) **Science of the Rice Plant: Genetics**. Tokyo: Food and Agriculture Policy Research Center, 1997. v.3, p. 69-111.

MÜLLER, S.; FUCHS, E.; OVECKA, M.; WYSOCKA-DILLER, J.; BENFEY, P.N.; HAUSER, M. Two new loci, pleiade and hyade, implicate organ specific regulation of cytokinesis in Arabidopsis. **Plant Physiology**, v. 130, p.312-324, 2002.

NIELSEN, K.L.; LYNCH, J.P.; JABLOKOW, A.G.; CURTIS, P.S. Carbon cost of root systems: an architectural approach. **Plant Soil**, v.165, p.161-169, 1994.

OSMONT, K.S.; SIBOUT, R.; HARDTKE, C.S. Hidden branches: developments in root system architecture. **Plant Biology**, v. 58, p. 93-113, 2007.

PARKER, J.S.; CAVELL, A.C.; DOLAN, L.; ROBERTS, K.; GRIERSON, C.S. Genetic interactions during root hair morphogenesis in Arabidopsis. **Plant Cell**, v. 12, p.1961-1974, 2000.

PEREIRA, J.A. **Cultura do arroz no Brasil: subsídios para a sua história**. Teresina, Embrapa Meio-Norte, 2002, 226p.

PINHEIRO, B. da S. **Morfologia e crescimento da planta de arroz**. Goiânia, EMBRAPA-CNPAP, 1998. Não paginado. Palestra apresentada no I Curso Internacional de Melhoramento Genético de Arroz, Goiânia, mar. 1998.

PRICE, A.H.; CAIRNS, J.E.; HORTON, P.; JONES, H.G.; GRIFFITHS, H. Linking drought-resistance mechanisms to drought avoidance in upland rice using a QTL approach: progress and new opportunities to integrate stomatal and mesophyll responses. **Journal of Experimental Botany**, v.53, p. 989-1004, 2002.

**RAO, R.C. Advanced statistical methods in biometric research. New York: John Wiley, 1952. 390p.**

RIEGER, M; LITVIN, P. Root system hydraulic conductivity in species with contrasting root anatomy. *J Exp Bot.* v.50, p.201-209,1999.

RODRIGUES, L.R.F.; ANDO, A. Caracterização e avaliação de três grupos de arroz-de-sequeiro de diferentes procedências por meio da sensibilidade á radiação gama. **Bragantia**, v.61, n.1, p.17-23, Campinas, 2002.

ROHLF, J. NTSYS-pc. **Numerical taxonomy and multivariate analysis system.** Version. 2.1. New York: Exeter, 2001. Software.

ROUDIER, F.; SCHINDELMAN, G.; DESALLE, R.; BENFEY, P. The COBRA family of putative GPI-Anchored proteins in Arabidopsis. A new fellowship in expansion. **Plant Physiology**, v. 130, p. 538-548,2002.

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

SCHACHTMAN, D.P., REID, R.J., AYLING, S.M. Phosphorus uptake by plants: From soil to cell. Update on Phosphorus Uptake. **Plant Physiol**, v.116, p. 447-453, 1998.

SHARP, R.E. Interaction with ethylene: changing views on the role of abscisic acid in root and shoot growth responses to water stress. **Plant Cell Environ**, v.25, p. 211-222, 2002.

SOKAL, R.R.; ROHLF, F.J. The comparison of dendrogramas by objective methods. **Taxon**, v.11, n.1, p.30-40, 1962.

TAIZ, L.; ZEIGER, E. **Plant Physiology**. 2 ed. Palo Alto,Readward City : The enjamin/Cummings, 1998. 564p.

THALER, P.; PAGÉS, L. Modelling the influence of assimilate availability on root growth and architecture. **Plant and Soil**, v.201, p. 307-320, 1998.

THAKUR, R. B. Performance of summer rice to varying levels of nitrogen. **Indian Journal Agronomy**, New Delhi, v. 38, n. 2, p. 187-190, June, 1993.

WANG, H., INUKAI, Y., YAMAUCHI, A. Root development and nutrient uptake. **Plant Sciences**, v.25, n 3, p. 279-301, 2006.

YOSHIDA, K.; IMAIZUMI, N.; KANEKO, S.; KAWAGOE, Y.; TAGIRI, A.; TANAKA, H.; NISHITANI, K.; KOMAE, K. Carbohydrate binding module of a rice endo- $\beta$ -1,4-glycanase, OsCel9A, expressed in auxin-induced lateral root primordia, is post translationally truncated. **Plant Cell Physiology**, v. 47, n 11, p. 1555-1571, 2006.

YU, P.T., STOLRY, L.H., AND LETEY, J. Survival of plants under prolonged flooded conditions. **Agronomy Journal**. 61, 844-847, 1969.

## VITA

Claudete Clarice Mistura nascida em 19 de fevereiro de 1971 em Marau/RS. Ingressou na Faculdade de Agronomia "Eliseu Maciel" (FAEM), da Universidade Federal de Pelotas (UFPel) em março de 1995. Foi estagiária no departamento de Fitossanidade – Controle de Plantas Daninhas, no período de março de 2001 a maio de 2002, foi monitora da disciplina de Silvicultura e Paisagismo, no período de junho de 2002 a dezembro de 2003. No ano de 2005 iniciou estágio no Centro de Genômica e Fitomelhoramento recebendo treinamento em Técnicas Moleculares Aplicadas ao Fitomelhoramento, participando de vários congressos e reuniões técnicas de pesquisa. Em março de 2006 ingressou no mestrado da mesma área, sob orientação do professor PhD. Antonio Costa de Oliveira, na área de Fitomelhoramento.

## 8- ANEXOS

8.1 – Variáveis canônicas obtidas de dez caracteres avaliados em três subespécies de arroz. Pelotas, FAEM/UFPeI,2008.

<b>ESCORES EM RELAÇÃO AS VARIÁVEIS CANÔNICAS – <i>indica</i></b>		
<b>VC1</b>	<b>VC2</b>	<b>VC3</b>
-7.72	8.15	7.65
1.28	10.51	6.71
-11.90	10.69	4.92
5.10	13.61	7.02
0.93	6.12	4.43
-6.45	7.52	3.27
-8.33	10.09	4.90
8.87	13.10	8.91
-5.35	9.40	5.85
-4.29	6.99	10.54
-4.36	15.7	4.13
-12.06	10.32	12.28
-13.82	16.58	7.04
<b>ESCORES EM RELAÇÃO AS VARIÁVEIS CANÔNICAS – <i>jap. temperado</i></b>		
44.06	13.54	0.56
10.64	14.33	2.89
3.95	17.48	-0.82
3.47	12.95	-3.78
8.46	8.61	-0.58
5.29	11.06	2.44
-0.06	13.15	3.90
11.37	15.11	1.50
0.79	17.29	0.94
1.16	12.22	0.88
1.73	11.74	-2.21
-3.26	11.35	3.65
5.20	11.15	3.11
-3.08	15.32	2.80
0.26	15.39	0.07
8.75	20.11	1.09
9.02	8.78	1.18
10.94	15.01	3.01
<b>ESCORES EM RELAÇÃO AS VARIÁVEIS CANÔNICAS – <i>jap. tropical</i></b>		
<b>VC1</b>	<b>VC2</b>	
-592.86	-246.61	
-354.57	-181.07	
-1112.29	-290.52	
-1371.8	-160.68	

