

VARIABILIDADE PARA CARACTERES MORFOLÓGICOS EM MUTANTES DE ARROZ

Variability for morphological traits in mutated rice

Andreza Figueirola Martins¹, Paulo Dejalma Zimmer², Antonio Costa de Oliveira³,
Fernando Irajá Félix de Carvalho³, Eduardo Alano Vieira⁴, Marcos Fontoura de Carvalho⁵,
Luís Fernando Martins⁶, Filipa Stone da Fonseca⁶

RESUMO

O arroz é uma cultura amplamente cultivada em todo o mundo. Além da importância econômica e social, essa espécie possui atributos biológicos que a tornam modelo para a pesquisa básica. Nos últimos anos pelo menos três projetos de sequenciamento foram anunciados gerando informações valiosas. Mutantes constituem-se numa importante ferramenta para estudos de ação, função e regulação gênica. Este trabalho objetivou-se a mensurar o efeito da indução de mutação com Co⁶⁰, sobre caracteres agrônômicos em famílias M₃ derivadas da cultivar BRS 7 “Taim”. Sementes de 186 famílias e da cultivar BRS “Taim”, foram semeadas no campo e avaliadas para estatura de planta, ciclo, número de panículas, número de afilhos e índice de afilhos férteis. Para a separação das famílias realizou-se uma análise multivariada e teste de agrupamento de médias, utilizando o método de Scott-Knott. Pela similaridade genética e o teste de Scott-Knott constatou-se variação entre famílias para todos os caracteres avaliados, sendo que três famílias (M₃ 149, M₃ 152 e M₃ 165) foram superiores para pelo menos quatro características.

Termos para indexação: Mutação, *Oryza sativa*, caracteres agrônômicos.

ABSTRACT

Rice is a major worldwide-cultivated crop. Besides it's the economical and social importance, this species have biological features that make it a model for basic studies. In the last years at least three sequencing project were announced generating valuable information. Mutants may be a powerful tool to study gene action, function and regulation. The goal of this study was to measure radiation effects on agronomical traits M₃ mutated families derived from the rice cultivar BRS 7 “Taim”. Seeds from 186 M₃ families and from the cultivar BRS 7 “Taim”, were sowed in the field and evaluated for plant height, cycle, tiller number, panicle number and panicle per tiller. For genotype separation a multivariate analysis and the Scott-Knott test were performed. Genetic similarity and Scott-Knott tests have show a great variation among families for all traits evaluated, but three families (M₃149, M₃152 and M₃165) were superior for at least four traits.

Index terms: Mutation; *Oryza sativa*; agronomical traits.

(Recebido para publicação em 26 de novembro de 2003 e aprovado em 10 de janeiro de 2005)

INTRODUÇÃO

O arroz é um dos cereais mais cultivados no mundo, ocupando posição de destaque do ponto de vista econômico e social (FAO, 2003). Atualmente, o cereal vem sendo utilizado como modelo para as gramíneas, devido ao seu pequeno tamanho (ARUMUGANATHAN e EARLE, 1991), a sintenia com os demais cereais (BENNETZEN e FREELING, 1993; GALE e DEVOS, 1998) e ao elevado volume de informações geradas pelos diferentes projetos de sequenciamento (PENNISI, 2000; GOFF et al., 2002; YU et al., 2002).

Uma vez que o consumo e o cultivo do arroz se popularizaram, a distribuição para diferentes regiões seguida por seleção de tipos específicos gerou uma extraordinária diversidade varietal no gênero *Oryza* (HARLAND, 1975).

A variabilidade genética constitui-se na essência dos processos evolutivos e do melhoramento vegetal, uma vez que, é imprescindível a presença desta para que a seleção natural e/ou artificial sejam efetivas (JENNINGS et al., 1981). Além da variabilidade genética pré-existente no germoplasma, é possível a adição de variabilidade por meio de mutações artificiais, recombinações gênicas, transformação genética e mutações somaclonais. Há mais de 50 anos, diferentes estratégias estão sendo utilizadas neste sentido, e muitos cultivares de arroz foram produzidos a partir de mutações induzidas e/ou seleção de constituições genéticas a partir de populações mutantes. Em muitos casos, uma mutação pontual pode corrigir ou melhorar alguns caracteres, permitindo a seleção de constituições genéticas superiores ainda nas primeiras gerações. Esta estratégia foi empregada para alterar a

¹ Bióloga, Doutoranda PPGA / Fitomelhoramento – FAEM/UFPel – Cx. P. 354 – 96010-900 – Pelotas, RS.

² Engenheiro Agrônomo Dr. C & T de Sementes – FAEM/UFPel.

³ Engenheiro Agrônomo PhD. Prof. Adjunto Fitotecnia/FAEM/UFPel. – Cx. P. 354 – 96010-900 – Pelotas, RS – acostol@terra.com.br

⁴ Engenheiro Agrônomo Doutorando PPGA/Fitomelhoramento – FAEM/UFPel – Cx. P. 354 – 96010-900 – Pelotas, RS.

⁵ Acadêmico de Agronomia, FAEM/UFPel - Bolsista de Iniciação Científica FAPERGS

⁶ Engenheiro Agrônomo Mestrando PPGA/Fitomelhoramento – FAEM/UFPel – Cx. P. 354 – 96010-900 – Pelotas, RS.

freqüência de alguns genes desprezíveis pela manifestação de caracteres no cultivar de trigo IAC-24, permitindo a seleção de pelo menos oito linhagens que mantiveram as características originais e variaram para caracteres como estatura e tolerância aos patógenos (TULMANN-NETO et al., 1995). Em triticale, a indução de mutação foi tão eficiente na redução do carácter estatura de planta quanto às produzidas por meio de cruzamentos artificiais (PANDINI et al., 1997).

Utilizou-se a indução de mutação com ^{60}Co para gerar variabilidade genética na cultivar de arroz BRS 7 “Taim”, que pertence ao grupo moderno (filipino) e caracteriza-se por apresentar plantas com folhas curtas e eretas, com estatura média ao redor de 80 cm, alta capacidade de afilamento, com ciclo biológico (na zona sul do estado do Rio Grande do sul) de 125-130 dias da emergência a maturação completa e sensibilidade ao frio, principalmente, na fase reprodutiva (NUNES e TERRES, 2002). Na geração M_2 , 623 mutantes foram selecionados para diferentes caracteres, dentre eles estatura e ciclo (ZIMMER et al., 2003).

O objetivo deste trabalho foi mensurar o efeito da irradiação Co^{60} , sobre os caracteres estatura, ciclo, número de afilhos, número de panículas e índice de afilhos férteis, em 186 famílias M_3 de arroz derivadas da cultivar BRS 7 “TAIM”.

MATERIAL E MÉTODOS

População

As famílias utilizadas neste estudo foram selecionadas na geração M_2 , a partir de uma população mutante obtida da cultivar de arroz BRS 7 “Taim”, no ano agrícola 2001/2002. Foram selecionadas plantas para os caracteres estatura e ciclo (ZIMMER et al., 2003). O critério de seleção foi o de identificar e selecionar cerca de 0,5% das plantas que mais se distanciaram do padrão (variedade de origem), para cada carácter estudado. Após a colheita das sementes M_3 , as mesmas foram secas, identificadas e armazenadas.

Ensaio de campo

Para os ensaios a campo, foi empregado o sistema de cultivo mínimo, de acordo com as recomendações técnicas para a cultura do arroz irrigado (SOSBAI, 2003). As sementes de cada família M_3 foram semeadas no campo experimental da Palma, pertencente à Universidade Federal de Pelotas, no Município do Capão do Leão, na primeira semana de janeiro de 2003. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados com três repetições.

Cada um dos 186 tratamentos constituiu-se por uma linha de 2,0 m de comprimento, com 20 plantas e com espaçamento de 0,15 m entre linhas e 0,10 m entre plantas dentro da linha. A cultivar BRS 7 – Taim foi utilizado como padrão (M_0).

Coleta e análise dos dados

As famílias M_3 e a cultivar BRS 7 “Taim” foram avaliadas para os caracteres estatura, ciclo, número de afilhos, número de panículas e o índice de afilhos férteis. Coletou-se dados de dez plantas por repetição, com descarte das cinco primeiras e as cinco últimas plantas de cada linha, totalizando 30 plantas por família. A estatura foi determinada pelo comprimento entre a base do colmo até a extremidade da panícula principal, 21 dias após o florescimento de 50% das plantas, em cada repetição. O ciclo foi determinado pelo número de dias decorridos desde a emergência até a maturação de 50% das plantas, em cada repetição. O número de afilhos e o número de panículas por planta foram determinados em cada repetição, dos quais foram estimados o índice de afilhos férteis.

Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância, segundo o delineamento em blocos casualizados com três repetições. A partir das médias das variáveis realizou-se o teste de agrupamento de médias desenvolvido por Scott e Knott (1974).

Posteriormente, foi realizada análise multivariada para a separação das famílias, utilizando a análise de agrupamento pelo método de Tocher (RAO, 1952), baseado na distância generalizada D^2 de Mahalanobis. A contribuição relativa de cada variável na determinação da dissimilaridade genética foi detectada por meio da metodologia proposta por Singh (1981). Todas as análises estatísticas foram realizadas com a utilização do programa computacional Genes (CRUZ, 2001).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Diferenças significativas ($p < 0,05$) entre as famílias M_3 e a cultivar BRS 7 “Taim”, ocorreram para todos os caracteres estudados (Tabela 1). O coeficiente de variação foi de 3,98% para o carácter ciclo e até 33,44% para o carácter número de panículas. Os maiores coeficientes de variação obtidos para os caracteres número de afilhos, número de panículas e o índice de afilhos férteis, podem ser devidos à ocorrência de freqüência superior de mutações nos locos que controlam estes caracteres, em relação aos locos controladores dos demais caracteres estudados, o que manteve uma maior segregação dentro de cada família para

os mesmos. Além disto, a maior magnitude evidenciada para os coeficientes de variação destes caracteres, demonstra uma maior necessidade de controle de técnicas experimentais (aumento no número de plantas por parcela e do número de repetições), uma vez que foram avaliadas apenas 10 plantas por parcela, a fim de possibilitar maior confiabilidade nos resultados.

Os resultados obtidos pelo teste de agrupamento de médias de Scott-Knott, para os cinco caracteres estudados estão inclusos nas Tabelas 2, 3, 4, 5, e 6, que evidenciaram expressiva variabilidade genética entre as famílias avaliadas. Verificou-se que, para todos os caracteres, ocorreram famílias com médias significativamente diferentes do padrão (BRS 7 “Taim”).

Em relação ao caráter estatura de planta, ocorreu a formação de três grupos pelo teste de agrupamento de médias de Scott-Knott. O grupo A: formado por 92 famílias

(49,19%) com estatura média superior à da cultivar padrão (M_0). As famílias deste grupo apresentaram médias que variaram de um valor máximo de 64,66 cm (família M_3 1) a um mínimo de 55,10 cm (família M_3 36). Em contrapartida, o grupo B, formado por 52 famílias (27,87%) com estatura média significativamente igual à apresentada pelo cultivar padrão, apresentou médias que variaram de 55,10 cm (família M_3 125) até 52,22 cm (família M_3 176), sendo a média da cultivar padrão de 54,04 cm. O grupo C formado por 43 famílias (22,91%) com médias inferiores ao padrão. Neste grupo a estatura variou de 51,88 cm (família M_3 6) até 46,21 cm (família M_3 22; Tabela 2). As famílias do grupo C apresentaram estatura média significativamente inferior ao padrão, estabelecendo a hipótese da possibilidade de ter ocorrido alteração da constituição genética dos indivíduos para redução da estatura, quando se utiliza agente mutagênico.

TABELA 1 – Resumo das análises de variância dos cinco caracteres avaliados nas 186 famílias M_3 de arroz e na cultivar de origem BRS 7 “Taim”. UFPEL, 2003.

Caracteres	Quadrados médios		Média	Coeficiente de variação (%)
	Tratamento	Erro		
Estatura	38,44*	10,16	55,12	5,78
Ciclo	3 7,85*	10,96	83,17	3,98
Nº Afilhos	15,41*	4,11	7,42	27,32
Nº Panículas	6,05*	1,90	4,12	33,44
Índice de afilhos férteis	0,06*	0,01	0,57	22,73
Graus de liberdade	186	372		

* diferença significativa ao nível de 5% de probabilidade de erro pelo teste F.

TABELA 2 – Diferentes grupos de famílias mutantes de arroz estabelecidos para o caráter estatura de planta. Capão do Leão, UFPEL, 2003.

Grupo	Estatura de planta *		Identificação da família M_3 (ordem decrescente em função da média)
	Maior média por família	Menor média por família	
A	64,66	55,22	1,61,151,154,143,122,113,112,123,145,140,129,144,137,142,114,121,128,3,132,30,139,111,141,2,169,147,136,83,89,59,4,152,60,92,82,117,133,162,157,126,170,149,46,90,58,88,66,67,118,107,127,56,124,91,97,146,150,42,134,78,62,85,64,73,167,104,109,11,96,110,168,34,135,158,103,161,95,98,184,159,174,115,138,105,25,155,148,183,156,87 e 36
B	55,10	52,10	125,171,52,84,131,79,99,160,186,76,45,172,119,102,26,101,80,65,116,120,43,86,185,74,182,187(“Taim”),153,39,130,55,5,16,77,163,18,24,181,69,15,108,47,93,12,75,179,180,10,63,173,27,31 e 176
C	51,88	46,21	6,164,29,35,48,100,28,106,32,178,50,81,23,33,38,51,57,49,165,40,44,68,17,53,41,166,94,54,70,177,9,72,7,71,8,21,14,37,20,175,13,19 e 22

*Famílias pertencentes ao mesmo grupo não diferem significativamente pelo teste de Scott-Knott, a 5% de probabilidade de erro.

TABELA 3 – Diferentes grupos de famílias mutantes de arroz estabelecidos para o caráter ciclo. Capão do Leão, UFPel, 2003.

Ciclo*			
Grupo	Maior média por família	Menor média por família	Identificação da família M ₃ (ordem decrescente em função da média)
A	90,33	83,00	171,187("Taim"),141,111,81,21,172,101,11,178,165,38,40,19,177,131,49,47,37,42,82,52,139,173,50,46,140,170,39,143,110,105,18,36,45,80,83,150,107,20,17,16,15,106,185,164,84,176,169,179,44,180,115,112,182,166,48,35,138,117,109,108,71,31,175,57,148,129,127,114,79,174,55,161,123,96,72,156,116,163,43,86,160,137,113,142,54,100,34,118,51,41,23,7,87,58,53,155,136,78,77,144,85,70,13,10 e 6
B	82,72	79,00	59,130,168,186,102,22,120,67,26,12,9,183,56,103,126,76,145,159,135,60,147,157,119,66,27,14,167,89,158,75,73,94,154,181,132,97,33,24,146,25,88,74,125,32,134,95,124,104,98,162,8,133,68,65,28,184,1,69,30 e 29
C	78,66	74,70	2,5,149,4,128,99,64,93,153,122,152,121,63,91,90,151,92,61 e 62
D	66,50	66,50	3

*Famílias pertencentes ao mesmo grupo não diferem significativamente pelo teste de Scott-Knott, a 5% de probabilidade de erro.

TABELA 4 – Diferentes grupos de famílias mutantes de arroz estabelecidos para o caráter número de afilhos. Capão do Leão, UFPel, 2003.

Número de afilhos*			
Grupo	Maior média por família	Menor média por família	Identificação da família M ₃ (ordem decrescente em função da média)
A	21,84	21,84	125
B	15,73	15,73	140
C	13,5	8,31	45,137,126,50,80,138,83,51,122,18,149,55,46,65,142,124,82,145,78,165,43,157,73,113,76,131,152,49,151,85,52,163,38,128,47,42,110,56,111,160,134,105,174,20,48,161,141,154,30 e 35
D	8,23	3,87	171,107,39,129,34,139,164,162,156,44,98,112,187("Taim"),59,153,150,132,29,168,146,121,97,57,88,184,92,25,143,169,67,79,170,181,81,1,167,147,26,41,108,11,136,101,12,159,86,172,58,71,74,178,60,24,13,127,17,106,93,115,183,89,148,114,166,84,75,62,133,72,19,94,130,15,158,32,90,117,16,33,104,96,23,77,70,186,21,173,69,109,37,61,155,14,3,54,66,36,91,64,40,182,68,102,31,116,144,100,185,177,87,2,63,179,5,4,99,123,180,9,53,95,7,10,176,103,22,118,27,6,28,175,119,135,120 e 8

*Famílias pertencentes ao mesmo grupo não diferem significativamente pelo teste de Scott-Knott, a 5% de probabilidade de erro.

Para o caráter ciclo, o teste de agrupamento de médias de Scott-Knott evidenciou a formação de quatro grupos, demonstrando alterações de ciclo pelos efeitos da mutação. Sendo o grupo A formado por 105 famílias e a cultivar padrão (56,68%). O ciclo mais longo encontrado neste grupo foi de 90,33 dias (família M₃ 171) e o menor 83,00 dias (família M₃ 6), enquanto que a cultivar padrão completou seu ciclo com 90 dias. O grupo B foi formado por 61 famílias (32,62%) com médias de ciclo entre 82,72

dias (família M₃ 59) e 79,00 (família M₃ 29). O grupo C por sua vez, reuniu 19 famílias M₃ (10,55%) com ciclos médios que variaram de 78,66 dias (família M₃ 2) até 74,70 dias (família M₃ 62). O grupo D foi formado por uma família com ciclo médio de apenas 66,05 dias (família M₃ 3) (Tabela 3). O caráter ciclo pode ser determinante na produção de arroz no Rio Grande do Sul, pois cultivares com ciclo longo normalmente sofrem com estresse por frio na fase reprodutiva (CRUZ e MILACH, 2000). O desenvolvimento

de cultivares com constituições genéticas que resultou em ciclo menor pode amenizar os efeitos causados por estresses bióticos e até abióticos, uma vez que cultivares com ciclo reduzido permanecem por um período menor de tempo no campo, minimizando os efeitos prejudiciais do frio e dos patógenos.

Quanto ao caráter número de afilhos verifica-se a formação de quatro grupos pelo teste de agrupamento de

médias de Scott-Knott (Tabela 4). O caráter número de afilhos é importante no melhoramento de plantas, uma vez que quanto mais afilhos apresentar uma planta, maior é a possibilidade da mesma formar panículas e conseqüentemente de produzir. Entretanto, um valor muito elevado para o caráter pode causar desuniformidade de maturação e por conseqüência prejudicar a qualidade dos grãos do arroz no beneficiamento. Quanto a este caráter as

TABELA 5 – Diferentes grupos de famílias mutantes de arroz estabelecidos para o caráter número de panículas. Capão do Leão, UFPel, 2003.

Número de panículas*			
Grupo	Maior média por família	Menor média por família	Identificação da família M ₃ (ordem decrescente em função da média)
A	9,61	6,79	157,152,154,151,164,156,165,160,149,168,161,163,83 e 162
B	6,43	5,07	18,170,153,82,55,45,169,126,171,30,159,76,167,52,122,178,184,150,59,172,181,42,166, 187 ("Taim"),49,1,25 e 158
C	4,83	1,92	48,38,46,56,183,35,67,73,29,41,51,131,20,132,62,155,121,113,26,24,7596,145,105,107,89,134,50,173,142,23,186,128,111,137,58,16,179,79,102,43,110,180,74,32,34,33,177,92,17,19,78,63,101,64,68,140,97,174,65,80,27,86,176,124,90,81,85,39,84,112,98,11,71,40,47,129,57,60,70,109,36,99,94,118,182,66,72,12,114,69,141,143,119,185,5,15,133,93,91,138,61,136,175,125,37,117,104,14,120,108,13,144,4,44,106,21,88,77,2,54,87,31,127,3,123,146,22,100,116,7,139,53,9,10,135,130,28,115,6,147,103,8 95 e148

*Famílias pertencentes ao mesmo grupo não diferem significativamente pelo teste de Scott-Knott, a 5% de probabilidade de erro.

TABELA 6 – Diferentes grupos de famílias mutantes de arroz estabelecidos para o caráter índice de afilhos férteis . Capão do Leão, UFPel, 2003.

Índice de afilhos férteis*			
Grupo	Maior média por família	Menor média por família	Identificação da família M ₃ (ordem decrescente em função da média)
A	0,96	0,62	157,164,154,168,156,170,152,162,169,159,178,166,161,158,160,172,153,155,27,179,180,163,167,151,119,183,181,102,176,177,165,120,62,184,96,63,118,30,173,171,150,1,24,175,23,25,64,59,186,68,149,89,16,75,41,33,32,67,40, 187 ("Taim"), 29, 99, 19, 18, 132, 82,58 e 26
B	0,60	0,29	76,74,5,121,52,36,83,66,182,109,55,90,42,185,101,48,79,35,17,91,70,20,92,72,86,84,122,135,71,22,69,114,107,94,4,126,105,49,131,56,144,133,148,73,61,37,117,38,93,81,60,15,97,11,134,14,110,21,113,128,34,2,123,104,87,54,136,100,12,7,3,31,112,98,8,111,46,6,45,57,10,174,53,129,13,141,28,142,39,145,65,9,143,106,77,43,85,108,124,78,51,103,130,88,127,47,137,116,95,80,50,44,146,147,140,138,115 e139

*Famílias pertencentes ao mesmo grupo não diferem significativamente pelo teste de Scott-Knott, a 5% de probabilidade de erro.

famílias M₃125 e M₃140 apresentaram as maiores médias. Isto evidencia que nessas famílias, assim como nas famílias do grupo C, tenham ocorrido mutações no sentido de aumentar o número de afilhos nas plantas. Plantas com menor número de afilhos poderão ser promissoras, mediante ao aumento da densidade de plantio e a otimização da utilização dos fotoassimilados.

Utilizando o número de panículas, as famílias foram ordenadas em três grupos pelo teste de agrupamento de médias de Scott-Knott (Tabela 5). Os resultados evidenciaram redução do número médio de panículas por planta nos genótipos avaliados. No entanto, 14 famílias destacaram-se por apresentar número médio de panículas por planta superior a da cultivar padrão. Sendo que este caráter está fortemente relacionado com a produtividade (MORAIS et al., 1998).

Quanto ao índice de afilhos férteis, verificou-se a formação de dois grupos pelo teste de agrupamento de média de Scott-Knott (Tabela 6). O grupo A foi formado por 67 famílias (36,36%) mais a padrão, com médias que variaram de 0,96 panícula por afilho (família M₃157) até 0,62 panícula por afilho (família M₃26). No grupo B, encontram-se 119 famílias (63,64%), com médias que variaram de 0,60 afilhos férteis (família M₃76) a 0,29 afilhos férteis (família M₃139). Portanto, a seleção de famílias com constituições genéticas com elevado índice de afilhos férteis, poderá otimizar a utilização da luz solar (fotoassimilados). Neste sentido, as famílias pertencentes ao grupo A, com maior índice de afilhos férteis deverão ser preferidas.

A comparação da cultivar BRS 7 “Taim”, com as famílias mutantes permitiu a identificação de algumas famílias que se destacaram em mais de dois caracteres. O caráter índice de afilhos férteis foi considerado o mais importante para a seleção, desta forma todas as famílias selecionadas apresentaram desempenho superior para este caráter (Tabela 7). Dentre as 14 famílias selecionadas como destaque, as famílias M₃29, M₃68, M₃164 e M₃165 apresentaram estatura inferior ao do padrão. Para o caráter ciclo, as famílias M₃29, M₃68, M₃82, M₃49, M₃152, M₃154, M₃157, M₃162 e M₃168 apresentaram ciclo inferior ao do padrão, enquanto que as famílias M₃82, M₃156, M₃160, M₃161 e M₃164 enquadraram-se no mesmo grupo do padrão. As famílias, M₃82, M₃149, M₃152, M₃154, M₃157, M₃160, e M₃161, apresentaram maior número de afilhos do que a padrão, enquanto que as famílias M₃29, M₃68, M₃156, M₃162, M₃164, e M₃168 encontraram-se no mesmo grupo do padrão. As famílias que se destacaram quanto ao número de panículas, foram M₃149, M₃152, M₃154, M₃156, M₃157, M₃160, M₃161, M₃162, M₃164, M₃165 e

M₃168. Para o índice de afilhos férteis todas as famílias selecionadas permaneceram no grupo da cultivar BRS 7 “Taim”, sendo que dentre as famílias selecionadas três (M₃149, M₃152 e M₃165) foram superiores para quatro dos cinco caracteres avaliados e merecem destaque especial (Tabela 7).

As famílias M₃164 e M₃165 apresentaram baixa estatura e também se destacaram em maior número de panículas (Tabela 7), sugerindo que para estas famílias a mutação atuou sobre as regiões genômicas responsáveis pelos dois caracteres, que estes processos estejam sob regulação gênica contrastante (positiva/negativa) ou ainda pode ser reflexo da ocorrência de pleiotropia entre os genes mutados para estes caracteres. Um simples reflexo da partição da energia na formação de palha/panícula também não pode ser descartado. Causas comuns de variação podem atuar sobre estes dois caracteres, sugerindo que fatores atuantes no aumento do número de afilhos também atuem sobre a diminuição do porte da planta (SUNDIN et al., 2002).

As famílias M₃29 e M₃68 apresentaram baixa estatura e ciclo curto, sugerindo a ocorrência de alterações genéticas ocasionadas por mutação em genes que controlam estes caracteres. Valores alterados para estatura e ciclo foram observados para o padrão. Na época adequada de cultivo, a cultivar “Taim” atinge estatura acerca de 80 cm (NUNES e TERRES, 2002), valor muito superior aos encontrados neste estudo. Esta discrepância pode ser decorrente do fato do experimento ter sido conduzido fora da época ideal do cultivo do arroz. Da mesma forma, o ciclo médio da cultivar de origem é de 130 dias em condições normais de cultivo, entretanto, no presente estudo a padrão apresentou um ciclo de apenas 90 dias.

Análise Multivariada: método de Tocher

Os cinco caracteres avaliados foram utilizados no cálculo da dissimilaridade genética, uma vez que todos expressaram diferenças significativas ($p < 0,05$) entre as famílias avaliadas (Tabela 1). Todos os caracteres aferidos apresentaram uma participação semelhante na estimativa das distâncias genéticas entre as famílias estudadas, o que pode ser observado na Tabela 8, onde os valores de S.j e S.j% dos diferentes caracteres foram muito próximos, ou seja, cada caráter foi responsável por cerca de 20% da dissimilaridade genética estimada entre as famílias.

O agrupamento dos genótipos pelo método de Tocher (RAO, 1952), revelou a formação de apenas dois grupos, sendo o Grupo I formado pela família M₃125 e o grupo II pelas demais famílias e a padrão (Tabela 9).

O agrupamento revelou que as mutações, provavelmente, se distribuíram de forma equitativa entre as famílias estudadas, o que não permitiu um acúmulo de mutações em algumas famílias e a formação de muitos grupos de famílias dissimilares entre si e em relação à padrão, quando foram considerados os cinco caracteres aferidos conjuntamente. Apenas a família M₃125 se diferenciou do

grupo formado pelas demais, principalmente, em virtude do seu grande número de afilhos.

Estudos envolvendo caracteres morfológicos serão repetidos e associados à análises moleculares para avaliar o percentual de alterações no genoma e confirmar o potencial das linhagens superiores, como genitores para hibridações artificiais ou como variedades comerciais.

TABELA 7 – Resumo médias das famílias M₃ de arroz que se destacaram em relação a cultivar BRS 7 “Taim” para os caracteres estatura, ciclo, número de afilhos, número de panículas e índice de afilhos férteis. UFPel 2003.

Família	Caracteres				
	Estatura	Ciclo	Nº Afilhos	Nº Panículas	Afilhos férteis
Taim	54,04 ^{b*}	90,00 ^a	7,93 ^d	5,19 ^b	0,64 ^a
29	51,76 ^c	79,33 ^b	7,64 ^d	4,64 ^c	0,64 ^a
68	50,81 ^c	79,66 ^b	5,56 ^d	3,75 ^c	0,67 ^a
82	58,00 ^a	87,00 ^a	10,14 ^c	6,16 ^b	0,62 ^a
149	57,84 ^a	78,31 ^c	10,76 ^c	7,34 ^a	0,67 ^a
152	58,37 ^a	76,98 ^c	9,62 ^c	8,42 ^a	0,83 ^a
154	62,15 ^a	81,33 ^b	8,35 ^c	8,33 ^a	0,92 ^a
156	55,28 ^a	84,31 ^a	8,02 ^d	7,45 ^a	0,90 ^a
157	57,90 ^a	81,66 ^b	9,84 ^c	9,61 ^a	0,96 ^a
160	54,84 ^b	84,00 ^a	8,78 ^c	7,35 ^a	0,81 ^a
161	56,12 ^a	84,33 ^a	8,42 ^c	7,15 ^a	0,82 ^a
162	57,94 ^a	80,31 ^b	8,02 ^d	6,79 ^a	0,83 ^a
164	51,87 ^c	85,64 ^a	8,04 ^d	7,62 ^a	0,94 ^a
165	50,84 ^c	88,33 ^a	9,97 ^c	7,37 ^a	0,73 ^a
168	56,58 ^a	82,68 ^b	7,62 ^d	7,18 ^a	0,91 ^a

TABELA 8 – Contribuição relativa no tocante à dissimilaridade genética (S_j) e em % dos caracteres estatura, ciclo, número de afilhos, número de panículas e índice de afilhos férteis em famílias M₃ de arroz. Capão do Leão UFPel, 2003.

Caracteres	Média	Valor máximo (família)	Valor mínimo (família)	S _j	Valor S _j (%)
Estatura	55,12	64,66 (1)	46,21 (22)	47921,02	21,77
Ciclo	83,17	90,33 (171)	66,5 (3)	42821,51	19,45
Nº Afilhos	7,42	21,84 (125)	3,86 (8)	50303,13	22,85
Nº Panículas	4,12	9,61 (157)	1,92 (148)	39190,22	17,80
Afilhos férteis	0,57	0,96 (157)	0,25 (140)	39834,66	18,10

TABELA 9 – Grupos de genótipos estabelecidos pelo método de Tocher, com base na dissimilaridade expressa pela distância de Mahalanobis e os valores médios, máximos e mínimos dos caracteres avaliados nas famílias M_3 de arroz que compõem cada grupos. Capão do Leão, UFPel, 2003.

Caracteres	Grupo I – padrão e demais famílias		
	Valor médio	Valor mínimo	Valor máximo
Estatura	55,12	46,21	64,66
Ciclo	83,18	66,50	90,33
Nº Afilhos	7,34	3,86	15,73
Nº Panículas	4,13	1,92	9,61
Afilhos férteis	0,57	0,25	0,96
Estatura	55,10	55,10	55,10
Ciclo	80,62	80,62	80,62
Nº Afilhos	21,84	21,84	21,84
Nº Panículas	3,06	3,06	3,06
Afilhos férteis	0,28	0,28	0,28

CONCLUSÃO

A irradiação de sementes da cultivar BRS 7 “TAIM, com Co^{60} , foi eficiente na geração de mutantes para os caracteres estatura, ciclo, número de afilhos, número de panículas e índice de afilhos férteis em arroz.

AGRADECIMENTOS

Esta pesquisa foi realizada com recursos da FAO/IAEA (International Atomic Energy Agency), Fundação de Amparo a Pesquisa do Estado do Rio Grande do Sul (FAPERGS), do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e da Universidade Federal de Pelotas. Agradecemos ao Centro Regional de Oncologia da UFPel pela irradiação das sementes de arroz que deram origem as famílias utilizadas neste estudo.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ARUMUGANATHAN, K.; EARLE, E. D. Nuclear DNA content of some important plant species. **Plant Molecular Biology Report**, Athens, v. 9, n. 3, p. 208-218, 1991.

BENNETZEN, J.; FREELING, M. Grasses as a single genetic system: genome composition, colinearity and compatibility. **Trends in Genetics**, Oxford, v. 9, n. 8, p. 259-261, 1993.

CRUZ, C. D. **Programa genes**: aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa: UFV, 2001. 648 p.

CRUZ, R. P.; MILACH, S. C. K. Melhoramento genético para tolerância ao frio em arroz irrigado. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 30, n. 5, p. 909-917, 2000.

FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATION. Disponível em: <<http://www.faostat.fao.org>>. Acesso em: 17 jun. 2003.

GALE, M. D.; DEVOS, K. M. Plant comparative genetics after 10 years. **Science**, Washington, v. 282, n. 8, p. 656-659, 1998.

GOFF, S. A.; RICKE, D.; LAN, T. H. A. draft sequence of the rice genome (*Oryza sativa* L. ssp. *japonica*). **Science**, Washington, v. 296, n. 5565, p. 92-100, 2002.

HARLAND, J. R. **Crops and man**. Madison: American Society Agronomic, 1975. 295 p.

JENNINGS, P. R.; COFFMAN, W. R.; KAUFFMAN, H. E. **Mejoramiento de arroz**. Cali: Centro Internacional de Agricultura Tropical, 1981. 237 p.

MORAIS, P. O. et al. Divergência genética entre os genitores da população de arroz irrigado CNA-IRAT 4. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 33, n. 8, p. 1339-1348, 1998.

- NUNES, C. D. M.; TERRES, A. L. A pesquisa com arroz irrigado no Rio Grande do Sul. In: AZAMBUJA, I. V. et al. (Eds.). **Série culturas**: arroz. Porto Alegre: Assembléia Legislativa, 2002. p. 53-74.
- PANDINI, F.; CARVALHO, F. I. F.; BARBOSA NETO, J. F. Plant height reduction in populations of triticale (*X tritico-secale* Wittmack) by induced mutations and artificial crosses. **Brazilian Journal of Genetics**, Ribeirão Preto, v. 20, n. 3, p. 483-488, 1997.
- PENNISI, E. Stealth genome rocks rice researchers. **Science**, Washington, v. 288, n. 5464, p. 239-241, 2000.
- RAO, R. C. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: J. Wiley and Sons, 1952. 390 p.
- SCOTT, A. J.; KNOTT, M. A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, Washington, v. 30, n. 3, p. 507-512, 1974.
- 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, 1981.
- SOCIEDADE SUL-BRASILEIRA DE ARROZ IRRIGADO - SOSBAI. **Arroz irrigado**: recomendações técnicas para da pesquisa para o sul do Brasil. Itajaí, 2003. 126 p.
- SUNDIN, M. F. C. A. et al. Herdabilidade e correlação genética para altura da planta e número de perfilhos em dois níveis de nitrogênio em arroz (*Oryza sativa* L.). **Revista Universidade Rural**, Rio de Janeiro, v. 22, n. 1, p. 25-32, 2002.
- TULMANN-NETO, A. et al. Indução de mutação visando obtenção de resistência a doenças no cultivar de trigo IAC-24. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 30, n. 4, p. 497-504, 1995.
- YU, J. et al. A draft sequence of the rice genome (*Oryza sativa* L. ssp. *indica*). **Science**, Washington, v. 296, n. 5565, p. 79-92, 2002.
- ZIMMER, P. D. et al. Identification of rice mutants (*Oryza sativa* L.) for agronomical and root system traits. **Revista Brasileira de Agrociência**, Pelotas, v. 9, n. 3, p. 195-199, 2003.