

## CORRELAÇÃO ENTRE CARACTERES DE IMPORTÂNCIA AGRONÔMICA EM LINHAGENS DE ARROZ IRRIGADO

JULIANA NUNES MARQUES DIAS<sup>1</sup>; JENNIFER LUZ LOPES<sup>2</sup>; ANTÔNIO COSTA DE OLIVEIRA<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal de Pelotas 1 – [juliana.dias1@yahoo.com](mailto:juliana.dias1@yahoo.com) 1

<sup>2</sup>Universidade Federal de Pelotas – [jenniferlopesagronomia@gmail.com](mailto:jenniferlopesagronomia@gmail.com)

<sup>3</sup>Universidade Federal de Pelotas – [acostol@gmail.com](mailto:acostol@gmail.com)

### 1. INTRODUÇÃO

O arroz (*Oryza sativa* L.) é considerado o alimento mais importante consumido diariamente por mais da metade da população mundial, este cereal desempenha papel fundamental na segurança alimentar e combate à desnutrição (IRRI, 2022). Para atender à crescente demanda pelo aumento populacional, os programas de melhoramento genético desempenham papel estratégico na seleção de genótipos com alto potencial produtivo e que possuam caracteres de interesse agrônomo (STRECK et al., 2018). Quando um caractere possui baixa herdabilidade ou é de complexa mensuração e a de um outro caractere correlacionada é alta, o conhecimento das correlações desempenham um papel fundamental para mensurar o grau de associação entre essas variáveis, e avaliar o quanto a alteração de uma variável pode influenciar na outra, o que é de grande relevância para o melhorista (ROCHA et al., 2020). À análise de correlação linear e o entendimento das suas magnitudes tornam-se essenciais nos programas de melhoramento genético, pois possibilitam a seleção indireta dos caracteres de interesse, o que pode levar a progressos mais rápidos do que a seleção direta do caractere desejado (CRUZ, REGAZZI e CARNEIRO, 2012).

Dentro deste contexto, o objetivo deste estudo foi estimar a correlação linear entre caracteres de importância agrônoma avaliados em linhagens endogâmicas recombinantes de arroz irrigado, oriundas do cruzamento entre as cultivares comerciais BRS Querência e BRS Bojuru.

### 2. METODOLOGIA

O presente estudo foi realizado no campo experimental da Estação Experimental Terras Baixas (ETB) da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa Clima Temperado), situada no município do Capão do Leão, Rio Grande do Sul (RS) Brasil, no ano agrícola de 2018/2019. Foram avaliadas 65 linhagens endogâmicas recombinantes de arroz na geração segregante F<sub>7</sub>, o delineamento empregado foi o de blocos aumentados, onde as testemunhas foram os genitores BRS Querência (*Oryza sativa* L. spp. *indica*) e BRS Bojuru (*Oryza sativa* L. spp. *japonica*). A parcela experimental foi composta por uma linha de 2 m de comprimento com espaçamento de 0,30 m entre as linhas, cada linha foi composta por 10 plantas. A densidade de semeadura utilizada foi de 50 sementes aptas por m<sup>2</sup>, realizada de forma manual. A adubação de base foi de 300 kg ha<sup>-1</sup> de N-P-K (05-20-20) e 60 kg ha<sup>-1</sup> de uréia, aplicada no início do afileamento. A irrigação por inundação foi constante até a maturação dos genótipos, sendo que, a lâmina de água variou entre 7,5 e 10 cm de altura. A submersão ocorreu 30 dias após a emergência das plântulas de arroz. Os tratamentos culturais de pragas, doenças

e plantas daninhas foram realizados de acordo com a SOSBAI (2018). Foram avaliadas dez plantas por unidade experimental e os seguintes caracteres fenotípicos: estatura de planta (EST) (cm), número de panículas por planta (NPP) (un), comprimento de panículas (COMPAN) (cm), número de espiguetas férteis por panícula (NEFP) (un), número de espiguetas estéreis por panícula (NEEP) (un), massa de 100 sementes (MCS) (g), e, massa total de sementes produzidos por planta (MTEFP) (g). Os componentes de parâmetros de variância foram obtidos usando o software Selegen REML/BLUP (RESENDE, 2016), modelo 76 (blocos aumentados, genótipos, uma planta por parcela, um local, testemunha fixa). A análise de Deviance foi analisado o modelo com os valores de herdabilidade ( $h^2$ ) para cada característica, subtraindo-os e confrontando-os com o valor qui-quadrado a 5% de probabilidade (RESENDE, 2007). Posteriormente, com os valores genotípicos obtidos ( $\mu + g$ ), foram estimadas as correlações de Pearson, a fim de demonstrar as associações entre os caracteres estudados. As análises foram realizadas utilizando os softwares Selegen REML/BLUP (RESENDE, 2016) e R versão 4.1.2 (R CORE TEAM, 2021).

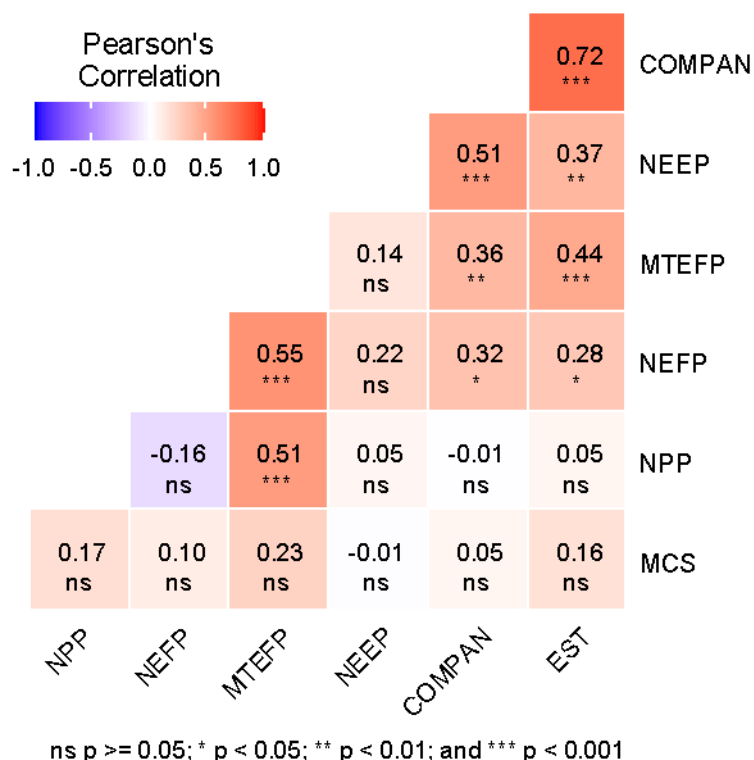
### 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

As correlações apresentadas para os caracteres analisados (Figura 1), em sua maioria foram significativas ( $P \leq 0,05\%$ ,  $P \leq 0,01\%$  e  $P \leq 0,001\%$ ). Houve a formação de 9 correlações significativas entre os caracteres, e o coeficiente de correlação variou de 0,28 (entre NEFP e EST) a 0,72 (entre COMPAN e EST).

A correlação fenotípica mostrou uma associação positiva e significativa entre COMPAN e EST ( $r = 0,72$ ) e MTEFP e EST ( $r = 0,44$ ). Este resultado sugere que a estatura de planta pode ser utilizada para seleção indireta para genótipos com maior comprimento de panícula e mais produtivos, sendo que, a estatura de planta e comprimento de panícula também contribuem para o rendimento da cultura, ainda que não de forma direta (Duan, 2013 ; Shen et al., 2018). A estatura de plantas é um caráter controlado por genes de herança quantitativa, e foi um dos atributos agrônômicos de maior mudança durante o processo de evolução do melhoramento genético ao longo dos últimos 45 anos (STRECK et al., 2018). Por ser um componente importante, está associado a outros como o rendimento de grãos, que neste estudo é a MTEFP, componentes de panícula, resistência ao acamamento e resposta à aplicação do nitrogênio (ROSSO, 2006).

Correlação positiva significativa foi observada entre MTEFP e COMPAN ( $r=0,36$ ), esse resultado é importante uma vez que, o comprimento de panícula (COMPAN) em arroz, é um determinante para o número de espiguetas que podem ser formadas e mantidas na panícula durante a fase reprodutiva (HUANG et al., 2013), que por sua vez, determina diretamente o rendimento do arroz (XING; ZANG, 2010).

Associações positivas e significativas foram observadas entre NEFP e MTEFP ( $r = 0,55$ ) e NPP e MTEFP ( $r=0,51$ ), assim indicando que o principal componente de rendimento da cultura do arroz contribuiu para um aumento de espiguetas por panícula e para um maior número de panículas por planta. Resultados semelhantes a deste estudo já foram descritos, pois a seleção é direcionada para indivíduos com maior número de panículas por plantas, devido à alta relação com o rendimento de grãos (FAGERIA et al., 2007; BABU et al., 2012; ABREU et al., 2016).



**Figura 1.** Análise de correlação de Pearson para os caracteres agrônômicos estatura de planta (EST); número de panículas por planta (NPP); comprimento de panículas (COMPAN); número de espiguetas férteis por panículas (NEFP); número de espiguetas estéreis por panículas (NEEP); massa de cem grãos (MCG) e massa total de espiguetas férteis por planta (MTEFP) para 65 linhagens F<sub>7</sub> de arroz irrigado.

#### 4. CONCLUSÕES

As linhagens em estudo mostraram-se promissoras para o melhoramento, as maiores associações foram observadas entre os caracteres estatura de planta (EST), comprimento de panículas (COMPAN), número de espiguetas férteis por panícula (NEFP) e número de panículas por planta (NPP), que influenciaram significativamente na produtividade (MTEFP), e são importantes na direção da seleção de genótipos superiores de arroz irrigado.

#### 5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABREU, H. K. A.; TEODORO, P. E.; PANTALEÃO, A. A.; CORREA, A. M.; Genetic parameters, correlations and path analysis in upland rice genotypes. **Bioscience Journal**, v.32, n.2, p.354-360, 2016.

BABU, V. R. et al. Correlation and Path Analysis Studies in Popular Rice Hybrids of India. **International Journal of Scientific and Research Publications**, v.2, p.100-110, 2012.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa, MG: Ed. UFV, 2012. 514p.  
DA ROCHA, G.; DA SILVA MENEZES, B.R.; BRAZ, L.A.; LIMA, R.H.P.; ROMEIRO, R.J.C.; MOREIRA, L.B. Características morfoagronômicas na colheita principal e

na soca e análise de trilha em tipos especiais de arroz. **Revista Cultura Agronômica**, Ilha solteira, São Paulo, v. 29, n. 1, p. 38-49, 2020.

DUAN, M., SUN, Z., SHU, L., TAN, Y., YU, D., SUN, X.; YUAN, D. Genetic analysis of an elite super-hybrid rice parent using high-density SNP markers. **Rice**, v.6, n.1, p.1-15, 2013.

FAGERIA, N.K.; SANTOS, A.B. Resposta do arroz irrigado à adubação verde e química no Estado de Tocantins. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, Campina Grande, Paraíba, v. 11, n. 4, p. 387-392, 2007.

HUANG, C.; YANG, W.; DUAN, L.; JIANG, N.; CHEN, G.; XIONG, L.; LIU, Q. Rice panicle length measuring system based on dual-camera imaging. **Computers and Electronics in Agriculture**, v.98, p.158-165, 2013.

IRRI. International Rice Research Institute. **Increase food security**, Los Baños, Filipinas. Disponível em: <<http://irri.org/our-impact/increase-food-security>>. Acesso em: 14 jun. 2022.

SHEN, L., WANG, C., FU, Y., WANG, J., LIU, Q., ZHANG, X., YAN, C., QIAN, Q.; WANG, K. QTL editing confers opposing yield performance in different rice varieties. **Journal of Integrative Plant Biology**, v.60, p. 89-93, 2018.

R CORE TEAM. R: A language and environment for statistical computing. **R Foundation for Statistical Computing**, Vienna, Austria, 2021.

RESENDE, M.D.V. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, p. 330-339, 2016.

ROSSO, A.F. **Caracterização genética e fenotípica para tolerância ao frio e características agronômicas em arroz irrigado**. 2006. 98f. Tese (Doutorado em Fitotecnia) - Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2006.

SOCIEDADE SUL-BRASILEIRA DE ARROZ IRRIGADO (SOSBAI). **Arroz irrigado: recomendações técnicas da pesquisa para o Sul do Brasil**. Cachoeirinha, RS: SOSBAI, p. 205, 2018.

STRECK, E.A.; AGUIAR, G.A.; FACCHINELLO, P.H.K.; PERIN, L.; KRÜGER, T.K.; DE MAGALHÃES J.A.M. Correlations and path analysis for yield components in irrigated rice. **Comunicata Scientiae**, Bom Jesus, Pauí, v. 9, n. 2, p. 154-161, 2018.

XING, Y.; ZHANG, Q.; 2010. Genetic and molecular bases of rice yield. **Annual Review of Plant Biology**, v. 61, p. 421-442, 2010.