

DISTÂNCIAS GENÉTICAS ENTRE LINHAGENS DE ARROZ DE TERRAS ALTAS PERTENCENTES AO ENSAIO DE VALOR DE CULTIVO E USO

Gabriel Noronha Moretti¹; Karen Eduarda do Lago²; Tereza Cristina de Oliveira Borba³;
Lucimara Cruz de Souza⁴; Flávia Barbosa Silva Botelho⁵.

Palavras-chave: *Oryza sativa* L., melhoramento genético, diversidade genética.

Introdução

A cultura do arroz (*Oryza sativa* L.) é amplamente cultivada e consumida em todo o mundo, configurando-se como um dos cereais mais populares. Trata-se de um alimento básico essencial, desempenhando um papel fundamental ao fornecer subsistência diária para milhões de pessoas (FAO, 2025). Além disso, o arroz constitui uma das principais fontes de energia e de diversos nutrientes essenciais, como proteínas, vitaminas e minerais (De Mello Cesar, 2024). Sua relevância é ainda mais acentuada pelo fato de contribuir diretamente para a segurança alimentar e nutricional de mais da metade da população mundial (Gibson, 2024).

Existem dois sistemas de cultivo para a cultura do arroz: o arroz irrigado e o arroz de terras altas, também denominado arroz de sequeiro (Wander; Silva; Ferreira, 2021). As projeções indicam que a safra brasileira de arroz 2024/25 será 11,4% superior à de 2023/24, e está estimada em 11,8 milhões de toneladas (CONAB, 2025). Esse crescimento é impulsionado, sobretudo, pela alta rentabilidade do setor e pela expressiva expansão da área cultivada de arroz de terras altas, especialmente por sua inserção em sistemas de produção tecnificados que utilizam sucessão de culturas irrigadas por pivô central, permitindo elevadas estimativas de produtividades de grãos (De Castro; Ferreira; Silva, 2022). Entre as safras 2023/24 e 2024/25, espera-se, com o aumento da área plantada, um incremento de aproximadamente 88,3 mil toneladas na produção nacional, com destaque para Minas Gerais, onde a área cultivada deve crescer 93%, e Goiás, com aumento de 45% (CONAB, 2025).

Para enfrentar o desafio de manter e elevar a produção de arroz, o melhoramento genético se destaca como uma das estratégias mais eficazes. Nesse cenário, desde 1975, o Programa de Melhoramento Genético de Arroz de Terras Altas da Universidade Federal de Lavras (UFLA), atua em parceria com a EPAMIG e a EMBRAPA Arroz e Feijão, desenvolvendo cultivares adaptadas às condições edafoclimáticas do estado de Minas Gerais.

A variabilidade genética corresponde à matéria-prima em programas de melhoramento, sendo essencial para que melhoristas realizem a seleção e o desenvolvimento de novos genótipos. Assim, objetivou-se estimar a diversidade genética presente nas linhagens elites do Programa de Melhoramento Genético de Arroz de Terras Altas da UFLA, afim de gerar dados que possam ser utilizados para agrupar genótipos distintos de forma que haja homogeneidade dentro dos grupos e heterogeneidade entre os grupos formados, e direcionar a tomada de decisões no programa, como na seleção de genitores para gerar blocos de cruzamentos, ou até mesmo orientar a eliminação de linhagens muito similares nos ensaios.

Material e Métodos

O experimento foi realizado com 27 genótipos pertencentes aos ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU) do Programa de Melhoramento Genético de Arroz de Terras Altas da Universidade Federal de Lavras (UFLA), conduzidos durante as safras 2023/2024 e 2024/2025.

¹ Mestrando, Universidade Federal de Lavras, Caixa Postal 3037, CEP 37200-900, Lavras – MG, gabriel.moretti1@estudante.ufla.br

² Mestranda, Universidade Federal de Lavras, karen.lago1@estudante.ufla.br

³ Doutora, Embrapa Arroz e Feijão, tereza.borba@embrapa.br

⁴ Doutora, Universidade Federal de Lavras, lucimara.cruz@ufla.br

⁵ Doutora, Universidade Federal de Lavras, flaviabotelho@ufla.br

Para a realização das análises moleculares, as linhagens foram cultivadas em bandejas em casa de vegetação na UFLA, e conduzidas até o ponto ideal para coleta foliar. Posteriormente, o DNA foi extraído no Laboratório de Genética Molecular da UFLA, seguindo o Protocolo de Extração de DNA Genômico, baseado no Doyle e Doyle com modificações propostas pelo Instituto Agronômico de Campinas (IAC). Todos materiais foram quantificados por meio do Nanodrop Lite Plus, e em seguida, alíquotas foram enviadas para o Laboratório de Biotecnologia da Embrapa Arroz e Feijão, para a amplificação por PCR em três painéis multiplex de microssatélites (SSR), cada um contendo oito marcadores moleculares distintos. A genotipagem foi realizada por eletroforese capilar no sequenciador 3500xL, seguida da análise dos fragmentos pelo software GeneMapper.

Os dados moleculares foram registrados com base nos polimorfismos dos produtos de PCR, resultando em uma matriz de codificação dos genótipos individuais, considerando o número de alelos (1, 2, 3, ... n) em cada locus. A partir dessa matriz numérica, foi calculado para cada locus de microssatélite os seguintes parâmetros: variabilidade genética, número de alelos por locus (A), heterozigosidade observada (Ho) e esperada (He), e o conteúdo de informação de polimorfismo (PIC). As distâncias genéticas (dissimilaridade genética) entre os pares de acessos foram estimadas com base no complemento do índice ponderado. A análise de agrupamento foi realizada usando o Método de Grupo de Pares Não Ponderados com Média Aritmética (UPGMA). Por fim, a matriz de dissimilaridade genética obtida foi utilizada para gerar análise gráfica do dendrograma. O ponto de corte do dendrograma a ser estudado, será estabelecido de acordo com o método de Mojena (1977), com valor de $k = 1,25$. Todas essas análises serão realizadas com o programa software estatístico R (R Core Team, 2024).

Resultados e Discussão

Dos 24 marcadores SSR utilizados para as análises, 22 amplificaram, e ao todo 81 alelos foram identificados, indicando a presença de diversidade entre as 27 linhagens elites (Tabela 1).

Tabela 1. Parâmetros genéticos estimados para cada loco de microssatélite avaliado nas linhagens de arroz de terras altas.

Loco	A	He	Ho	F	PIC
4653	7	0.81	0.22	0.73	0.78
OG10	3	0.22	0.00	1.00	0.21
OG106	5	0.63	0.22	0.65	0.57
OG44	4	0.59	0.22	0.63	0.55
RM07	2	0.10	0.04	0.65	0.10
RM103	4	0.64	0.15	0.76	0.58
RM11	4	0.62	0.12	0.81	0.54
RM14	2	0.24	0.00	1.00	0.21
RM171	2	0.11	0.12	-0.06	0.10
RM204	7	0.76	0.12	0.85	0.73
RM207	4	0.63	0.12	0.82	0.56
RM210	7	0.67	0.19	0.72	0.64
RM222	4	0.56	0.24	0.57	0.51
RM229	3	0.44	0.19	0.56	0.38
RM231	3	0.55	0.15	0.73	0.46
RM248	2	0.26	0.00	1.00	0.23
RM252	1	0.00	0.00	1.00	0.00
RM253	4	0.61	0.15	0.76	0.54
RM263	3	0.33	0.15	0.53	0.30

RM287	2	0.07	0.00	1.00	0.07
RM309	2	0.43	0.11	0.74	0.34
RM38	6	0.72	0.26	0.64	0.68
Média	-	0.45	0.13	0.72	0.41

Onde: A = Número de alelos, He = Heterozigosidade esperada, Ho = Heterozigosidade observada, F = Índice de fixação, PIC = Conteúdo de informação polimórfica.

Fonte: Do autor (2025).

A heterozigosidade observada-Ho (0,1255) foi inferior a esperada-He (0,4537), o conteúdo de informação de polimorfismo (PIC) médio apresentou o valor de 0,4127, e o coeficiente de endogamia (F) de 0,7233 (Tabela 1). Todas essas informações indicam a presença de uma grande quantidade de locos em homozigose, o que é fundamental uma vez que o ensaio de Valor de Cultivo e Uso (VCU) se encontra na geração F_{4:8}, e a cultura do arroz, por se tratar de uma espécie autógama utiliza-se comercialmente linhagens.

A partir dos dados gerados foram calculadas as distâncias genéticas (dissimilaridade genética) entre os pares de acessos, gerando uma matriz. Por meio da análise de agrupamento empregando o Método de Grupo de Pares Não Ponderados com Média Aritmética (UPGMA) foi gerada a análise gráfica do dendrograma (Figura 1).

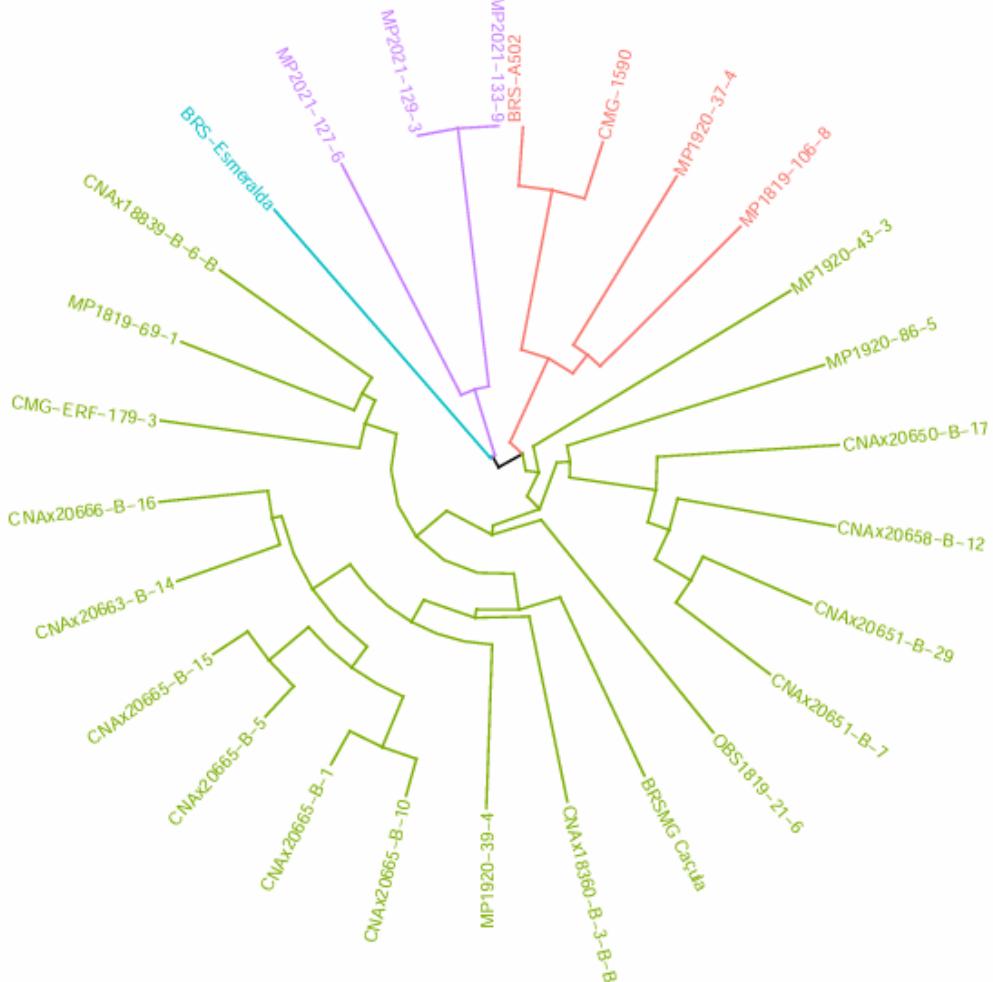


Figura 1. Dendrograma representativo da dissimilaridade genética das 27 linhagens elites de arroz de terras altas, obtido pelo método UPGMA utilizando o programa R, formando 4 grupos pelo método de Mojema (ponto de corte=64,08%).

Fonte: Do autor (2025).

A partir da análise do dendograma e da dissimilaridade genética, que se refere ao grau de diferença genética entre indivíduos, foi possível identificar e classificar as linhagens em grupos. As menores e maiores distâncias observadas, respectivamente, foram entre “MP2021-129-3” e “MP2021-133-9”, e entre “MP2021-127-6” e “OBS1819-21-6”, sendo esses, os pares de indivíduos geneticamente mais semelhantes e os mais distintos, na devida ordem, de acordo com a amplificação que eles apresentaram.

Além disso, cabe ressaltar o agrupamento das cultivares CMG 1590 e BRS A502 no mesmo grupo genético. A primeira foi recém-desenvolvida pelo MelhorArroz UFLA, e a segunda, lançada pela Embrapa Arroz e Feijão, e atualmente consolidada no mercado como a cultivar de arroz de terras altas mais semeada no Brasil, tornando-se uma referência por apresentar alto potencial produtivo, precocidade, resistência às principais doenças que acometem a cultura, e uma qualidade de grãos premium, atendendo as exigências do produtor rural, da indústria beneficiadora e do consumidor final.

Conclusões

Há diversidade genética entre as 27 linhagens elites dos Ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU) do Programa de Melhoramento Genético de Arroz de Terras Altas da UFLA. Fato que permite a seleção de materiais distintos geneticamente para recomendação, contrastantes e complementares para realização de blocos de cruzamentos.

Agradecimentos

À CAPES, CNPq e FAPEMIG.

Referências

BORBA, TC de O. et al. Análise da variabilidade genética de variedades tradicionais de arroz (*Oryza sativa* L.) através de marcadores moleculares microssatélites. 2003.

BORBA, TC de O. et al. Association mapping for yield and grain quality traits in rice (*Oryza sativa* L.). *Genetics and molecular biology*, v. 33, p. 515-524, 2010.

BORBA, TC de O. et al. Microsatellite marker-mediated analysis of the EMBRAPA Rice Core Collection genetic diversity. *Genetica*, v. 137, n. 3, p. 293-304, 2009.

BORÉM, A.; CAIXETA, E. T. Marcadores moleculares. 3. ed. Viçosa: UFV, 2016.

CASTRO, A. P. de; FERREIRA, C. M.; SILVA, R. S. Arroz em sistemas sustentáveis sob pivô central. Brasília, DF: Embrapa, 2022.

CONAB. Acompanhamento da Safra Brasileira: Grãos, safra 2024/2025, quinto levantamento. Companhia Nacional de Abastecimento, 2025. Disponível em: Acesso em: 02 de março de 2025.

DE MELLO CESAR, Aline Veroneze. Nutrição e Dietética: Um percurso pela história, nutrientes e fases da vida. Freitas Bastos, 2024.

FAO. Employment and Income. In: Fourth edition - Rice Almanac. [S.I.]: International Rice Research Institute; Rome: Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO), 2025.

GIBSON, Marina Lobo et al. O agronegócio brasileiro: em prol da segurança alimentar mundial. 2024.

POWELL, Wayne; MACHRAY, Gordon C.; PROVAN, Jim. Polymorphism revealed by simple sequence repeats. *Trends in plant science*, v. 1, n. 7, p. 215-222, 1996.

R CORE TEAM. R: A language and environment for statistical computing, 2024.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. A. B. P; SOUZA, E. A.; GONÇALVES, F. M. A.; SOUZA, J. C. Genética na Agropecuária – 6ª edição. Lavras, MG: Editora UFLA, 2021.

WANDER, Alcido Elenor; SILVA, OF da; FERREIRA, Carlos Magri. O arroz e o feijão no Brasil e no mundo. Arroz e feijão: tradição e segurança alimentar, p. 81-100, 2021.