

AValiação DE COMPONENTES DE PRODUÇÃO E PRODUTIVIDADE EM GENÓTIPOS MUTANTES DE ARROZ

ALLISSON FERREIRA RAMIRES¹; RAYMOND JOSEPH²; ANA CAROLINE BASNIAK KONKOL³; LARISSA NEY BASSINI⁴; RUTH ELENA GUZMÁN-ARDILES⁵ ANTONIO COSTA DE OLIVEIRA⁶

¹Universidade Federal de Pelotas – allissonframires@hotmail.com

²Universidade Federal de Pelotas – raymondjoseph509@gmail.com

³Universidade Federal de Pelotas – anacarolinebkonkol@gmail.com

⁴Universidade Federal de Pelotas – larissanbassini@gmail.com

⁵Embrapa CENARGEN – guzard.re@gmail.com

⁶Universidade Federal de Pelotas – acostol@gmail.com

1. INTRODUÇÃO

O arroz (*Oryza sativa* L.) é um dos alimentos mais consumidos no mundo, cultivado em cerca de 150 milhões de hectares, constitui a base alimentar de mais de três bilhões de pessoas (FAOSTAT, 2025). No Brasil, o cereal integra a base da dieta, sendo consumido diariamente por 76,1% da população, com média de 131,4 gramas per capita (IBGE, 2020). O país se destaca como maior produtor fora da Ásia, com a região Sul responsável por aproximadamente 70% da produção nacional. Além de sua importância econômica, o cereal possui papel estratégico na segurança alimentar, pois apresenta preço acessível em comparação a outros grãos (SOSBAI, 2022).

A produtividade da cultura depende de componentes como o número de panículas por área, o número de espiguetas por panícula e a massa de grãos (MARCHEZAN et al., 2005). Esses parâmetros são amplamente utilizados como referência em programas de manejo e melhoramento, por estarem diretamente relacionados ao potencial produtivo da cultura (SOSBAI, 2022).

Contudo, o melhoramento enfrenta o desafio em desenvolver genótipos superiores, pois a base genética estreita das cultivares de elite vem limitando a obtenção de materiais mais produtivos e resilientes a estresses bióticos e abióticos (VIANA et al., 2019). Nesse contexto, a mutação induzida tem se consolidado como uma estratégia eficiente para ampliar a variabilidade genética e possibilitar a seleção de genótipos superiores (TULMANN-NETO et al., 2011). Alguns estudos tem indicado incremento na produtividade de arroz nos mutantes induzidos por raios gama (KATO et al., 2020), entretanto, dentro de uma mesma dose de radiação, o efeito é dependente da cultivar original (ALI et al., 2015).

Diante disso, o presente trabalho teve como objetivo identificar genótipos mutantes de arroz derivados da cultivar BRS Pampeira com desempenho superior quanto à produtividade.

2. METODOLOGIA

Foram avaliados 29 genótipos, sendo 28 linhagens mutantes da geração M7 e a cultivar BRS Pampeira (Pam), que originou os mutantes utilizada como testemunha. As linhagens avaliadas foram: m8, m55, m76, m82, m136, m152, m153, m189, m236, m269, m301, m336, m398, m444, m456, m492, m524, m566, m603, m635, m705, m804, m870, m919, m964, m966, m1010, m1051 e Pam.

O experimento foi conduzido durante a safra 2023/2024, na Estação Experimental Terras Baixas da Embrapa Clima Temperado, localizada no município

de Capão do Leão – RS. A unidade experimental foi constituída por linhas de 0,5 m de comprimento, com espaçamento de 0,20 m entre linhas, e o delineamento adotado foi o de blocos ao acaso (DBC). Todas as práticas de manejo seguiram as recomendações técnicas para a cultura do arroz irrigado (SOSBAI, 2022).

As variáveis analisadas foram: número de panículas por planta (NPAN), obtido por contagem manual do total de panículas por planta; número de espiguetas férteis por panícula (NEF), determinado pela contagem manual das espiguetas férteis e produtividade por panícula (PTPAN), calculada pela soma do peso dos grãos férteis de três panículas, utilizando balança de precisão. Todas as variáveis foram avaliadas a partir de três plantas por bloco, sendo os resultados expressos em unidades (uni) para NPAN e NEF e em gramas (g) para PTPAN.

Os dados foram submetidos à análise de variância (ANOVA), e as médias comparadas pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade, utilizando o software RStudio (RStudio Team, 2020).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os dados foram considerados normais pelo teste de Shapiro-Wilk. A análise de variância (Tabela 1) mostrou diferenças significativas entre os genótipos para NPAN, NEF e PTPAN ao nível de 5% pelo teste F, indicando variabilidade genética em relação à testemunha BRS Pampeira (Pam). Os coeficientes de variação variaram de 18,79% a 21,50%, valores aceitáveis para experimentos de campo com arroz irrigado.

Tabela 1 – Análise de variância do número de panículas (NPAN), número de espiguetas férteis (NEF) e peso de panícula (PTPAN) em genótipos mutantes de arroz. CGF/UFPEL, 2025.

FV	GL	Quadrado médio		
		NPAN	NEF	PTPAN
Genótipos	28	23,84	354,78	1,89
Blocos	2	8,38	577,24	2,45
Resíduos	59	11,62	139,69	0,83
Média	–	20,18	55,91	4,23
Valor F		2,05*	2,54*	2,28*
CV%	–	18,79	21,50	20,58

FV: Fonte de Variação; GL: Graus de Liberdade; QM: Quadrado Médio; CV%: Coeficiente de Variação; *Significativo ao nível de 5% pelo teste F.

O agrupamento de médias pelo teste de Scott-Knott (Tabela 2) mostrou que a Pam foi classificada entre os genótipos de menor desempenho para as três variáveis analisadas. Para NPAN, a cultivar testemunha apresentou média de 14,00, enquanto mutantes como m804, m1010 e m153 atingiram 23,11, 21,45 e 21,44 panículas, respectivamente, sendo alocados no grupo superior.

Por outro lado, a cultivar Pam apresentou média de 46,89 para NEF, enquanto os mutantes m456, m603 e m398 registraram 73,25, 71,52 e 69,96, permanecendo no grupo superior e demonstrando ganhos expressivos em relação à testemunha.

Quanto a PTPAN, a Pam obteve média de 3,69 g, inferior a genótipos como m804, m398 e m603, que apresentaram 5,81 g, 5,68 g e 5,59 g, respectivamente, todos classificados no grupo superior.

Tabela 2 - Agrupamento de genótipos mutantes de arroz quanto a número de panículas (NPAN), número de espiguetas férteis (NEF) e peso de panícula (PTPAN), com base no teste de Scott-Knott (5%). CGF/UFPeI, 2025.

Genótipo	NPAN	NEF	PTPAN
m804	23,11 A	69,26 A	5,81 A
m1010	21,45 A	50,70 B	3,98 B
m153	21,44 A	56,41 B	4,78 A
m705	21,33 A	43,85 B	3,66 B
m524	21,22 A	59,94 A	3,84 B
m269	21,00 A	55,56 B	5,21 A
m152	20,22 A	56,63 B	4,33 B
m136	20,11 A	52,71 B	4,51 A
m492	20,00 A	55,37 B	4,66 A
m603	20,00 A	71,52 A	5,59 A
m964	19,44 A	40,06 B	3,14 B
m55	18,55 A	35,89 B	3,24 B
m236	18,45 A	32,34 B	2,87 B
m566	18,33 A	43,79 B	3,59 B
m966	18,00 B	51,48 B	4,32 B
m444	17,89 B	64,70 A	4,33 B
m189	17,67 B	47,04 B	3,97 B
m301	17,17 B	56,93 B	4,54 A
m8	17,11 B	65,56 A	5,12 A
m82	16,78 B	51,91 B	4,39 B
m76	16,67 B	62,28 A	4,99 A
m635	16,56 B	48,28 B	4,06 B
m870	16,11 B	67,11 A	5,57 A
m456	15,89 B	73,25 A	4,93 A
m336	14,61 B	56,24 B	4,81 A
m1051	14,22 B	66,74 A	5,21 A
Pam	14,00 B	46,89 B	3,69 B
m398	13,55 B	69,96 A	5,68 A
m919	12,09 B	53,00 B	4,30 B

Médias seguidas pela mesma letra, na coluna, não diferem estatisticamente pelo teste de Scott-Knott ($p \leq 0,05$).

Esses resultados confirmam que a mutagênese ampliou a variabilidade genética, permitindo a seleção de genótipos superiores em relação à cultivar original. Entre os destaques, m804, m603 apresentaram desempenho consistente em múltiplos componentes. Os mutantes m398, m456 e m870 foram superiores em NEF e PTPAN, já m524 em NPAN e NEF e, por último, m153, m269, m136 e m492

tanto em NPAN como em PTPAN. Assim, esses são potenciais candidatos para programas de melhoramento voltados ao incremento do rendimento de grãos.

4. CONCLUSÕES

A mutagênese induzida ampliou a variabilidade genética da cultivar BRS Pampeira, evidenciada pelas diferenças nos componentes de produção e produtividade entre os genótipos avaliados.

Os resultados evidenciam que os mutantes avaliados são uma fonte promissora de variabilidade para programas de melhoramento voltados ao incremento do rendimento de grãos.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

FAO. Food and Agriculture Organization of the United Nations. **FAOSTAT: Crops and livestock products**. Rome: FAO, 2025. Disponível em: <https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL>. Acesso em: 23 ago. 2025.

SOCIEDADE SUL-BRASILEIRA DE ARROZ IRRIGADO - SOSBAI. **Arroz irrigado: Recomendações técnicas da pesquisa para o Sul do Brasil**. SOSBAI, 2022.

IBGE – INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. **Pesquisa de orçamentos familiares 2017-2018: análise do consumo alimentar pessoal no Brasil**. Rio de Janeiro: IBGE, 2020. Disponível em: <https://biblioteca.ibge.gov.br/index.php/biblioteca-catalogo?view=detalhes&id=2101742>. Acesso em: 23 ago. 2025.

TULMANN NETO, A. et al. Genetic improvement of crops by mutation techniques in Brazil. **Plant Mutation Reports**, v. 2, n. 3, p. 24-37, 2011.

VIANA, V. E. et al. Mutagenesis in rice: the basis for breeding a new super plant. **Frontiers in Plant Science**, v. 10, p. 1326, 2019. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2019.01326>. Disponível em: <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fpls.2019.01326/full>. Acesso em: 23 ago. 2025.

MARCHESAN, E. et al. Análise de coeficiente de trilha para os componentes de produção em arroz. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 35, n. 5, p. 1027-1033, 2005.

R CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing**. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2025. Disponível em: <https://www.r-project.org/>. Acesso em: 23 ago. 2025.

KATO, Hiroshi; LI, Feng; SHIMIZU, Akemi. The selection of gamma-ray irradiated higher yield rice mutants by directed evolution method. **Plants**, v. 9, n. 8, p. 1004, 2020.

ALI, Hafsa et al. Effects of gamma radiation on crop production. In: **Crop production and global environmental issues**. Cham: Springer International Publishing, 2015. p. 27-78.