

UNIVERSIDADE FEDERAL DE PELOTAS
Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel
Programa de Pós-Graduação em Agronomia



Dissertação

**Mapeamento de regiões genômicas associadas a caracteres de raízes
em genótipos de arroz**

Gabriel Brandão das Chagas

Pelotas, 2023

Eng. Agr. Gabriel Brandão das Chagas

Mapeamento de regiões genômicas associadas a caracteres de raízes em genótipos de arroz

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: Luciano Carlos da Maia, Dr. – FAEM/UFPeI

Co-orientadores: Camila Pegoraro, Dra. – FAEM/UFPeI

Pelotas, 2023

Universidade Federal de Pelotas / Sistema de Bibliotecas
Catalogação na Publicação

C433m Chagas, Gabriel Brandão das

Mapeamento de regiões genômicas associadas a caracteres de raízes em genótipos de arroz / Gabriel Brandão das Chagas ; Luciano Carlos da Maia, orientador ; Camila Pegoraro, coorientadora. — Pelotas, 2023.

72 f.

Dissertação (Mestrado) — Agronomia, Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Universidade Federal de Pelotas, 2023.

1. *Oryza sativa* l. 2. Comprimento de raiz. 3. Peso seco de raiz. 4. Estudo de associação genômica ampla. I. Maia, Luciano Carlos da, orient. II. Pegoraro, Camila, coorient. III. Título.

CDD : 633.18

Elaborada por Maria Beatriz Vaghetti Vieira CRB: 10/1032

Gabriel Brandão das Chagas

Mapeamento de regiões genômicas associadas a caracteres de raízes
em genótipos de arroz

Dissertação aprovada, como requisito parcial para obtenção do grau de Mestre
em Ciências, Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Faculdade de
Agronomia Eliseu Maciel, Universidade Federal de Pelotas.

Data da defesa: 25 de agosto de 2023

Banca examinadora:

Dr. Luciano Carlos da Maia (Orientador)
Doutora em Ciências pela Universidade Federal de Pelotas

Dra. Gabriela Magalhães da Fonseca
Doutora em Ciências pela Universidade Federal de Pelotas

Dr. Antônio Costa de Oliveira
Doutor em Genética pela Purdue University

“Dedico esse trabalho a minha família, a todos os meus amigos e colegas e a todas as pessoas que me ajudaram de forma direta e indireta nessa etapa da minha vida.”

Agradecimentos

Agradeço a minha mãe, Nivia Raquel Brandão das Chagas, por ter me guiado no caminho da vida sempre com sabedoria e educação, pelas orações e pelas palavras de incentivos.

Agradeço ao meu pai, Francisco das Chagas Filho, por todo o apoio oferecidos nessa jornada, pelos os diversos discursos sobre a importância do estudo nas nossas vidas.

Agradeço minha namorada Larissa, pelos incentivos, companheirismo, apoio e paciência.

Agradeço a toda minha família e amigos de Codó e Cidelândia, pelas palavras de encorajamento e incentivos, pelos momentos felizes que eu vive com vocês.

Agradeço a todos os amigos e colegas que encontrei no CGF, muito obrigado pelas conversas divertidas e incentivos, que tornaram as nossas obrigações mais prazerosas.

Agradeço ao meu orientador, Luciano Carlos da Maia, pelas orientações, ensinamentos e ter aceitado me receber como orientado.

Agradeço a minha co-orientadora, Camila Pegoraro, pelas orientações, paciência, esclarecimentos e pelos conhecimentos passados.

Agradeço à FAEM - UFPEL, pelos excelentíssimo corpo docente oferecido e ter me concedido a oportunidade de participar um pouco da sua grandiosa história.

Agradeço também à EMBRAPA, pela a ajuda e encaminhamento de parte da pesquisa e a Capes pelo fomento da bolsa.

RESUMO

CHAGAS, G. B. **Identificação de regiões genômicas associadas a características de raízes em genótipos brasileiros de arroz** Orientador: Luciano Carlos da Maia. 2023. 72 f. Dissertação (Mestrado em ciências – área de concentração: Fitomelhoramento) - Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS, 2023.

O arroz é um alimento básico para grande parte da população mundial, especialmente para as pessoas de menor renda. Especificamente no Brasil, essa cultura representa um papel importante em termos de consumo, produção e economia. Nos últimos anos a produtividade e a produção total do arroz atingiram um platô em alguns países, enquanto que a população segue aumentando, representando um desafio para os pesquisadores e melhoristas. A produtividade é determinada pelos componentes de rendimento, que são os principais alvos do melhoramento genético. Outro parâmetro chave para o rendimento do arroz é o sistema radicular, visto que é responsável pela captação de água, assim como pela absorção e transporte de nutrientes do solo, além de outras funções diretamente ligadas à produtividade. Elucidar a base molecular das características de raiz em arroz é uma das estratégias para auxiliar os melhoristas de plantas a superar os desafios e alcançar o objetivo final. Dentro desse contexto, o objetivo desse estudo foi mapear regiões do genoma responsáveis pelo comprimento e peso seco de raiz em arroz. Foi empregada a técnica mapeamento associativo com 7098 marcadores SNPs (polimorfismo de nucleotídeo único) em uma coleção de 188 genótipos de arroz utilizados no Brasil. Foram encontrados seis marcadores SNPs para comprimento de raiz e três marcadores para peso seco de raiz. Para comprimento de raiz foram encontrados genes que codificam o fator de transcrição MYB, Cinamil álcool desidrogenase e Cdk ativadora de quinase. Para peso seco de raiz foram identificados genes que codificam celulose sintase, proteína de transferência de lipídeos, quinase citoplasmática e dedo zinco associado com tolerância à seca.

Palavras-chave: *Oryza sativa* L.; comprimento de raiz; peso seco de raiz; estudo de associação genômica ampla.

Abstract

CHAGAS, G. B. **Identification of genomic regions associated with root characteristics in Brazilian rice genotypes** Advisor: Luciano Carlos da Maia. 2023. 72 f. Dissertation (Master of Science – concentration area: Phytoimprovement)– Graduate Program in Agronomy, Department of Crop Science, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS, 2023.

Rice (*Oryza sativa* L.) is a staple food for more than half of the world's population, especially for low-income people. In Brazil, this crop plays an important role in terms of consumption, production and economy. In recent years, yield and total rice production have reached a plateau in some countries, while population continues to increase, representing a challenge for researchers and breeders. Yield is determined by its components, which are the main targets of genetic improvement. Root system is another key parameter for rice yield, as it is responsible for uptake water. This trait also acts on absorption and transportation of nutrients from soil, in addition to other functions directly linked to yield. Understanding molecular basis of root traits in rice is one of the strategies to help plant breeders overcome challenges and reach the ultimate goal. Within this perspective, the objective of this research was to map genome regions responsible for root dry weight and length in rice. Genome-wide association study was applied using 7098 SNPs (single nucleotide polymorphism) markers and a collection of 188 rice genotypes grown in Brazil. Six SNPs markers for root length and three markers for root dry weight were detected. Genes encoding MYB transcription factor, Cinnamyl Alcohol Dehydrogenase and Cdk-Activating Kinase, among others, were found associated to root length. Amidst the genes related to root dry weight, those encoding Cellulose synthase, Lipid Transfer Protein, Receptor-Like Cytoplasmic Kinase and CCCH-type zinc finger protein associated to drought tolerance were identified.

Keywords: *Oryza sativa* L.; root length; root dry weight; genome wide association study.

Lista de Figuras

Figura 1. Três maiores produtores do Brasil, segunda dados da Conab, (2023).	12
Figura 2. Adaptada de SOSBtenhAI, (2018).	17
Figura 3. Gráfico Manhattan plot mostrando valor de $-\text{Log}_{10}(P)$ vs. Posição de cada SNP nos cromossomos para comprimento de raiz em uma coleção de arroz cultivada no Brasil. RL = comprimento de raiz, do inglês <i>root length</i>	32
Figura 4. Gráfico Manhattan plot $-\text{Log}_{10}(P)$ vs. Posição dos marcadores SNP no cromossomo, associados com peso seco de raiz em uma coleção de arroz cultivada no Brasil. RDW = peso seco de raiz, do inglês <i>root dry weight</i>	34

Lista de Tabelas

Tabela 1. Ciclo de crescimento da planta de arroz proposta por COUNCE et al., 2000.	14
Tabela 2. Marcadores SNP associados com comprimento de raiz e peso seco de raiz em uma coleção de arroz cultivada no Sul do Brasil.	32
Tabela 3. Anotação de genes no RGAP e RAP-DB em 20kb (10 kb de cada lado) dos SNPs mapeados para comprimento de raiz em uma coleção de arroz cultivada no Sul do Brasil	38
Tabela 4. Anotação de genes no MSU e RAP-DB em 20kb (10 kb de cada lado) dos SNPs mapeados para peso seco de raiz em uma coleção de arroz cultivada no Sul do Brasil.	39

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	12
2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	13
2.1 Importância socioeconômica do Arroz	13
2.2 Origem e caracterização botânica	15
2.3 O genoma do Arroz	17
2.4 Importância de raízes	18
2.4.1 Importância da caracterização do sistema radicular	18
2.5 Métodos convencionais de melhoramento em Arroz	20
2.5.1 Introdução de germoplasma exótico	22
2.5.2 Método genealógico	23
2.5.3 Método da população	23
2.5.4 Métodos modificados	23
2.5.5 Seleção recorrente	24
2.5.6 Retrocruzamento	25
2.6 Uso de marcadores moleculares para seleção assistida no melhoramento	25
2.7 Mapeamento associativo GWAS	26
2.7.1 Filtragem dos Marcadores	27
2.7.2 Fenotipagem	28
3. MATERIAL E MÉTODOS	31
3.1 Genotipagem	31
3.2 Filtragem dos dados de genotipagem	31
3.3 Matriz de parentesco	32
3.4 Fenotipagem	32
3.5 Análise de dados de fenotipagem	32
3.6 Obtenção de BLUPs (Best Linear Unbiased Prediction)	33
3.7 Mapeamento associativo - GWAS - <i>genome-wide association study</i>	33
3.8 Identificação de genes	33
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	35
4.1 Genes associados com comprimento e peso seco de raiz	38
5. CONCLUSÃO	45
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	46

1. INTRODUÇÃO

O arroz (*Oryza sativa* L.) é consumido todos os dias por mais da metade da população mundial e contribui com 20% do suprimento de energia alimentar, o que o torna uma das culturas mais importantes do mundo (FAO, 2023). Além da segurança alimentar global, o arroz também está associado ao crescimento econômico, emprego, estabilidade social e paz regional (RAHMAN; ZHANG, 2023). No Brasil o arroz é um dos principais componentes da dieta, sendo consumido por toda população, independentemente do nível socioeconômico (TOLEDO et al., 2022). O Brasil é o nono maior produtor de arroz do mundo, sendo o principal produtor fora do continente asiático (USDA, 2023).

Diferentes estudos têm demonstrado o ganho genético para produtividade de arroz alcançado pelos programas de melhoramento ao longo dos anos. No entanto, pesquisas apontam para uma lacuna entre a projeção do crescimento populacional e a produtividade do arroz (KUMAR et al., 2021; RAHMAN; ZHANG, 2023). Esse cenário é decorrente da estagnação da produtividade das novas cultivares, que parece ter ocorrido devido aos processos de seleção artificial (domesticação e melhoramento) e a base genética estreita dos genitores utilizados em blocos de cruzamento (ROY; SHIL, 2020). O uso de tecnologias genômicas integradas é uma das estratégias necessárias para superar o platô do rendimento do arroz e com isso fechar a lacuna entre a produtividade e as demandas da população crescente (KUMAR et al., 2021).

O rendimento de grãos em arroz é determinado pelo número de panículas por planta, número de grãos por panícula e peso de grãos (GUNASEKARAN et al., 2023). Dessa forma, os programas de melhoramento têm focado principalmente nessas características. No entanto, outro parâmetro chave para o rendimento do arroz é o sistema radicular (DENG et al., 2020), visto que é responsável pela captação de água (KAYSAR et al., 2022), assim como pela absorção e transporte de N e uso direto de outros nutrientes do solo (XIN et al., 2021), além de outras funções diretamente ligadas à produtividade (DENG et al., 2020; KIM et al., 2020; KAYSAR et al., 2022). Estudos sugerem que o aumento da produtividade do arroz pode ser alcançado pela manipulação de características morfológicas e fisiológicas das raízes (XIN et al., 2021). Por isso,

os programas de melhoramento passaram a incluir características de raízes no processo de seleção.

Entender a base molecular do desenvolvimento das raízes através da triagem de características do sistema radicular em germoplasma de arroz é fundamental para auxiliar os melhoristas no desenvolvimento de cultivares superiores (ZHANG et al., 2020). O mapeamento associativo (*genome-wide association studies* - GWAS) tem sido aplicado com sucesso para analisar a base genética de características agronômicas em arroz. O GWAS utiliza dados de fenotipagem e de genotipagem para identificar de forma eficiente os locos associados à característica de interesse (XU et al., 2020). Diferentes estudos já aplicaram GWAS para identificar genes associados com características de raiz em arroz (COURTOIS et al., 2013; XU et al., 2020; ZHANG et al., 2020; XIANG et al., 2022; HANLON et al., 2023), porém, nunca usando germoplasma brasileiro.

Dentro desse contexto, esta pesquisa teve por objetivo mapear regiões do genoma associadas com comprimento e peso seco de raízes em plantas de arroz na fase maturação fisiológica de grãos, usando uma coleção de genótipos cultivados no Brasil.

2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 Importância socioeconômica do Arroz

O arroz é uma das três principais culturas alimentares, é um alimento básico para mais da metade da população mundial, e aumentar seu rendimento é o principal objetivo da criação (YAN et al, 2023). A nível mundial, o arroz atingiu uma produção de 503,27 milhões de toneladas na safra de 2022/23, isso, devido a amplitude de cultivo, visto que o mesmo é cultivado em todos os continentes, tendo o continente asiático como líder do ranking de produção mundial com 90% da produção (USDA, 2023).

Já no Brasil, o arroz é cultivado em praticamente todas as regiões do país, e é um cereal que apresenta elevada importância socioeconômica sendo uma das principais fontes de energia da população brasileira, além de ser responsável por ser a fonte de carboidrato mais acessível para todas as classes sociais e econômicas (MENDES; PEREIRA; CAMPOS, 2022). O maior estado brasileiro

produtor de arroz atualmente, é o Rio Grande do Sul, que é responsável por 70% da produção juntamente com seus 183 municípios produtores, seguido por Santa Catarina e Tocantins (SOSBAI, 2023). E por isso, a compreensão dos fatores e mecanismos responsáveis pela variabilidade da produção de arroz no estado torna-se fundamental para a segurança alimentar no Brasil.

Produção Nacional de Arroz

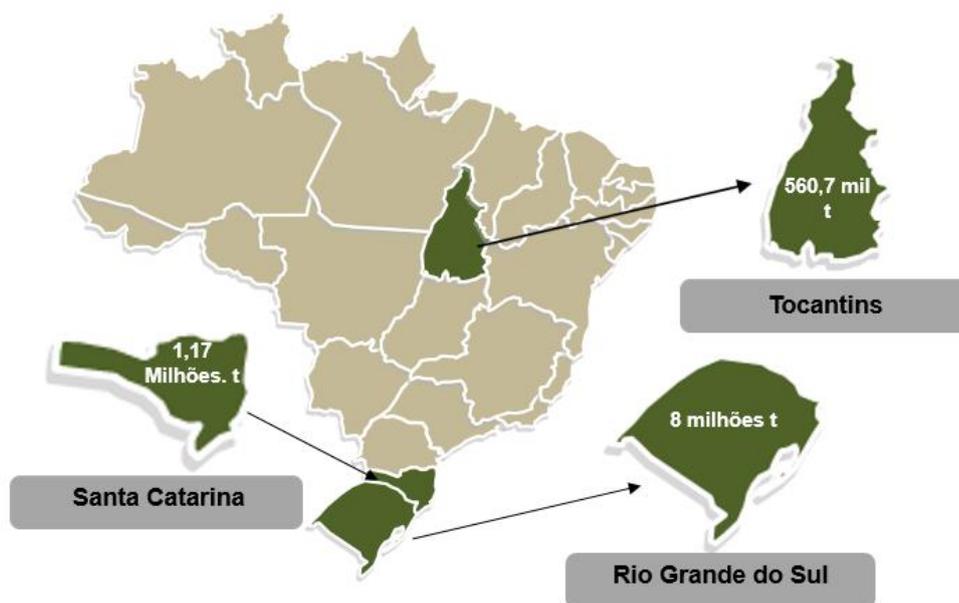


Figura 1 - Três maiores produtores de arroz no Brasil, safra 2022/2023.

Fonte: Conab, (2023)

Até o último levantamento registrado pela Conab, 2023, o Brasil produziu 10.033,6 mil toneladas de arroz, menos 7% que a safra passada, com produtividade média de 6.777 kg ha⁻¹, mais 1,7% que na safra passada e 1.480,5 mil ha de área de plantio, menos 8,5% que na safra passada. E esta redução é reflexo principalmente da estimativa de significativa redução de área em meio à reduzida rentabilidade projetada para o setor, com a menor atratividade financeira do setor orizícola em relação às culturas concorrentes por área, como a soja e o milho (CONAB, 2023).

O consumo do arroz é considerado uma alimentação estratégica, quando se refere a segurança alimentar, devido o seu valor nutricional, e principalmente pela forma de atuação na renda de populações de variado poder aquisitivo, o

que impulsiona a constante busca por alternativas eficazes para o incremento no rendimento (SOSBA, 2023).

2.2 Origem e caracterização botânica

Evidências arqueológicas e arqueobotânicas mostram que a domesticação do arroz cultivado começou na Ásia, mais especificamente, no Vale do Yangtze na China, aproximadamente 8.000 a 8.500 anos atrás (HIGHAM; LU, 1998; FULLER et al., 2006). O arroz pertence ao filo das angiospermas e é uma gramínea herbácea anual, autógama, da classe das monocotiledôneas, Ordem das *Poales*, Família *Poaceae*, subfamília *Oryzoideae*, tribo *Oryzae* e Gênero *Oryza*. O gênero *Oryza* possui 25 espécies, das quais 23 são silvestres e duas são cultivadas: *O. sativa*, de origem asiática, e *Oryza glaberrima* S., de origem africana (GONZÁLES, 1985; VAUGHAN; MORISHIMA, 2003; RICE DIVERSITY PROJECT, CORNELL UNIVERSITY, U.S.A).

A principal espécie cultivada de arroz é *O. sativa* possui grande importância na nutrição humana e animal, sendo assim, um alimento mundialmente consumido. É uma espécie diploide com $x = 12$ cromossomos ($2n = 2x = 24$ cromossomos). Por influência dos meios evolutivos e de domesticação que levou a espécie *O. sativa* a ser dividida em três principais subespécies, *indica*, *japonica* e *javanica*. As subespécies, *indica*, *japonica* e *javanica* se diferenciam por uma série de características fisiológicas, genéticas e morfológicas (CHANDRARATNA, 1964; WATANABE, 1997).

O arroz *O. sativa* é a principal espécie cultivada, tendo como suas principais subespécies a *indica* e *japônica*, as quais possuem alta diversidade genética entre si. Fenotipicamente, o grupo *indica* possui alta capacidade de perfilhamento, colmos longos, ciclo tardio, folhas longas e decumbentes, e seus grãos são mais longos e finos, tendo seu sistema de cultivo no Brasil predominantemente irrigado, enquanto a subespécie *japônica* apresenta capacidade de perfilhamento média, colmos curtos e rígidos, folhas estreitas com coloração verde-escura, com seus grãos mais curtos e de formato arredondado, e o seu ciclo geralmente mais curto cujo sistema de cultivo no Brasil é predominantemente de sequeiro (STONE; PINHEIRO, 1998; KHUSH, 1997).

O arroz é uma cultura amplamente cultivada em todo o globo e sob diferentes condições, como irrigação, terras baixas de sequeiro, terras altas de sequeiro e ecossistemas propensos a inundações (KUSH, 1997). Estima-se que mais de 4.120.000 cultivares de arroz e acessos de germoplasma foram reconhecidos em todo o mundo (SONG et al., 2021). Como uma das principais culturas domesticadas no mundo, e com sua grande disseminação de cultivo, a diversidade do arroz se torna cada vez mais importante para o ganho morfológico e genético da cultura, visto a grande importância na adaptação aos diversos e complexos ambientes de cultivos.

O plantio do arroz é preferencial em regiões de clima quente e úmido. De acordo com Cruz (2010), a radiação solar, temperatura e oferta hídrica apropriada, são os requisitos fundamentais para que a planta demonstre seu máximo potencial em todo o seu ciclo de desenvolvimento. A cadeia de crescimento da planta de arroz é dividida em três subperíodos, baseado no desenvolvimento no estágio de plântula, período vegetativo e o reprodutivo (COUNCE; KEISLING; MITCHELL, 2000).

Tabela 1 - Ciclo de crescimento da planta de arroz proposta por COUNCE et al., 2000.

Estádios de desenvolvimento de plântula	
S0 -	Semente seca de arroz
S1 -	Emergência do coleóptilo ou radícula
S2 -	Emergência do coleóptilo e radícula
S3 -	Emergência do prófalo do coleóptilo
Estádios de desenvolvimento vegetativo	
V01 -	Colar formado na primeira folha do colmo principal
V02 -	Colar formando na segunda folha do colmo principal
V03 -	Colar formando na terceira folha do colmo principal
V04 -	Formação do colar da 4ª folha no colmo principal
V05 -	Formação do colar da 5ª folha no colmo principal
V06 -	Formação do colar da 6ª folha no colmo principal
V07 -	Formação do colar da 7ª folha no colmo principal
V08 -	Formação do colar da 8ª folha no colmo principal
V09 -	Formação do colar da 9ª folha no colmo principal
V10 -	Formação do colar da 10ª folha no colmo principal
V11 -	Formação do colar da 11ª folha no colmo principal
V12 -	Formação do colar da 12ª folha no colmo principal
V13 -	Formação do colar da 13ª folha no colmo principal

 Estádios de desenvolvimento reprodutivo

R0 -	Iniciação da panícula
R1 -	Diferenciação da panícula
R2 -	Elongação da panícula (emborrachamento)
R3 -	Saída da panícula
R4 -	Antese
R5 -	Elongação da cariopse até o fim da casca
R6 -	Enchimento do grão
R7 -	Pelo menos um grão da panícula do colmo principal apresenta casca amarela
R8 -	Pelo menos um grão da panícula do colmo principal apresenta casca marrom
R9 -	Todos os grãos que atingiram o estágio R6 apresentam casca marrom

Fonte: COUNCE et al., 2000.

2.3 O genoma do Arroz

O arroz possui 11 tipos diferentes de genoma, das quais cinco são tetraploides ($n = 24$: BBCC, CCDD, HHJJ, HHKK e KKLL) e seis são diploides ($n = 12$: AA, BB, CC, EE, FF e GG). As duas espécies cultivadas de arroz, *O. sativa* e *O. glaberrima*, são diploides e com genoma do tipo AA (AMMIRAJU et al., 2010; STEIN, et al., 2018). Entre as gramíneas de importância econômica, como o sorgo, aveia, milho, cevada e trigo, o genoma do arroz é o que apresenta o menor tamanho, e também por ser diploide é considerado um genoma modelo para estudos em monocotiledôneas, em comparação com a *Arabidopsis* que é modelo para as dicotiledôneas (ARUMUNAGATHAN; EARLE, 1991).

Inicialmente, o material genético do arroz foi sequenciado de forma cem por cento independente, com as subespécies *japônica* e *índica* nos trabalhos de Goff et al. (2002) e Yu et al. (2002). De acordo com o Rice Genome Annotation Project, os dados mais recentes indicam que o genoma do arroz possui entre 384,2 a 386,5 Mb, usando como base a cultivar Nipponbare, consideras-se 96,7% a 97,1% de cobertura do genoma, além de terem sido identificados mais de 37.544 genes (INTERNATIONAL RICE GENOME SEQUENCING PROJECT, 2005; KAWAHARA et al., 2013).

O grande acúmulo de informações detalhadas sobre a estrutura e função de genes associados a características de interesse foi impulsionado pelo sequenciamento do genoma do arroz, que possibilitou o desenvolvimento de um

número quase ilimitado de marcadores baseados em DNA, podendo ser aplicados em caracterização única, construção de mapa de ligação, mapeamento associativo e análises de QTLs.

2.4 Importância de raízes

As raízes são responsáveis pela fixação da planta no solo, absorção de água e nutrientes, influenciando o crescimento e a produtividade (KAWAI et al., 2022). Adicionalmente, a raiz pode produzir e transmitir catalisadores fisiológicos, além de distribuir compostos de transdução de sinal de ocorrência natural, como fitohormônios, proteínas e RNAs (KAYSAR et al., 2022).

O sistema radicular também pode controlar a magnitude do ângulo da folha, aumentando o índice de área foliar, favorecendo ventilação e transmissão de luz, melhorando a fotossíntese e conseqüentemente a produtividade. A taxa fotossintética está relacionada com o número de panículas, número de espiguetas por panícula, enchimento e peso de grãos (DENG et al., 2020). O sistema radicular também atua na percepção e resposta a estresses bióticos e abióticos (MENG et al., 2019).

2.4.1 Importância da caracterização do sistema radicular

As raízes são as principais construções responsáveis pela absorção de água e nutrientes do solo, o que é essencial para o crescimento e desenvolvimento saudável e vigoroso das plantas, é incumbido da tarefa de sustentação da planta e também são sintetizadoras de hormônios vegetais, como citocinina e outros metabólicos secundários, portanto, de acordo com Nardini, Salleo e Tyree (2002), melhorar as características das raízes serve para aumentar a absorção de umidade do solo e manter uma alta produtividade. No caso específico do arroz, que é uma das principais culturas alimentares do mundo, as características de raiz são de extrema importância para garantir a produtividade e sustentabilidade da cultura.

O arroz como uma planta herbácea tem um sistema radicular composto por raízes grossas, que incluem as raízes primárias, que se originam dos sistemas seminais (radícula), raízes do mesocótilo (que raramente se desenvolvem) e raízes nodais (adventícias). Raízes grossas fornecem

amarração das plantas no solo que determinam a profundidade da raiz, arquitetura e profundidade de penetração nas camadas do solo (HENRY et al., 2011).

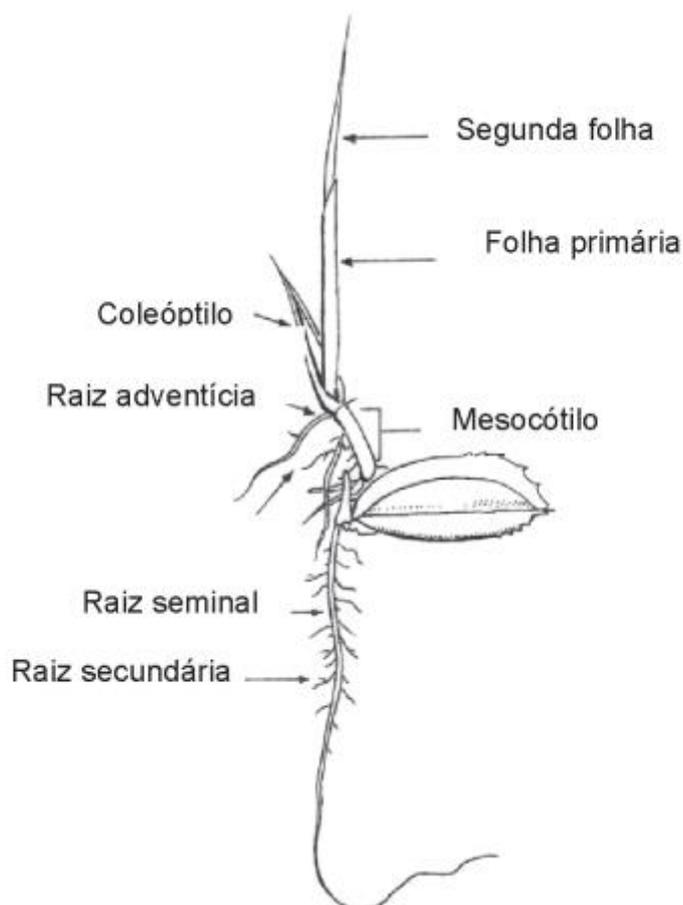


Figura 2 - Imagem representando plântula de arroz demonstrado os tipos de raiz.
Fonte: SOSBAI, (2018).

O componente principal do sistema radicular do arroz é formado pelas raízes adventícias, onde normalmente de cada nó da planta floresce de quatro a vinte cinco raízes primárias, as mais encorpadas tendem a crescer em profundidade, já as raízes com diâmetro tendem a ficar nas camadas mais superficiais. Yoshida (1981), informa que, a raízes primárias à medida que se desenvolvem, ramificam-se em secundárias, terciárias, podendo ir até sexta ordem, com diâmetro gradualmente menor, reduzindo de 1 até 0,04 mm. As características do sistema radicular variam de acordo com os genótipos, bem como as condições ambientais em que as plantas estão expostas (GALLI; TERRES; GASTAL, 1985)

Durante o seu desenvolvimento as raízes apresentam mudanças morfológicas e nos seus processos fisiológicos, incluindo a divisão celular e alongação da raiz primária, formação da raiz lateral e dos pelos radiculares (TAKEHISA et al., 2012). O desenvolvimento do sistema radicular das plantas de arroz, pode influenciar no cultivo para fatores genéticos como também por fatores ambientais, como também de forma positiva ou negativa no crescimento da planta. Isso incluir variações na dinâmica da distribuição de assimilados entre diferentes órgãos durante o crescimento e o desenvolvimento das plantas, bem como a disponibilidade de água e nutrientes (NTANOS; KOUTROUBAS, 2002)

Gamuyao et al. (2012), desenvolveu em sua pesquisa uma superexpressão do gene, *PSTOL1 - PHOSPHORUS-STARVATION TOLERANCE 1*, em uma variedade de arroz, o que levou ao aumento do comprimento e da biomassa do sistema radicular, esse gene codifica uma proteína quinase envolvida em processos que levam ao aumento da superfície radicular. Quando essas variedades foram cultivadas em solos pobres de nutrientes, observaram-se aumentos em torno de 60% na produtividade, a consequência da maior superfície de contato da raiz, promoveu uma maior captação de nutrientes do solo. A arquitetura da raiz também pode ser modificada pela alteração da expressão do gene *DRO1 - Deeper Rooting 1*, que está associado ao gravitropismo positivo, alongamento celular e consequentemente maior profundidade do sistema radicular (UGA et al. 2013).

Apesar de importante, os sistemas radiculares das culturas ainda permanecem como alvo pouco explorado para melhorias no rendimento e na produtividade das culturas (NELSON et al., 2012). Isto porque, de acordo. BONSER, LYNCH e SNAPP (1996) a disponibilidade de nutrientes, água e características do solo, influenciam na arquitetura radicular, alterando o ângulo de crescimento das raízes em relação à gravidade, dificultando assim, estudos fenológicos sobre a mesma.

2.5 Métodos convencionais de melhoramento em Arroz

Os programas oficiais de melhoramento genético da cultura de arroz no Brasil iniciaram – se em 1937, no Instituto Agrônômico de Campinas (IAC), em São Paulo, e em 1938, no Instituto Rio Grandense do Arroz (IRGA), no Rio Grande do Sul (BOTELHO, 2018). É possível perceber que a muitos anos os programas de melhoramento genético do arroz (*O. sativa*) no Brasil, vem trabalhando para sempre possibilitar o lançamento de cultivares com potencial produtivo cada vez mais elevado (STRECK et al., 2017; BOTELHO, 2018). Esses variados programas sempre visam a obtenção de genótipos com maior resistência a doenças, mais tolerantes a variações ambientais, maior qualidade de grãos e cultivares mais tolerantes ao acamamento, sempre com o objetivo de atender ao mercado consumidor e as exigências e necessidades do produtor.

Como o melhoramento de plantas em um todo é um processo muito caro, que exige tempo, trabalho e investimento, ter conhecimento sobre os vários métodos de seleção é importante em cada tomada de decisão. As as consequências, podem levar a uma perda irreversível a curto prazo ou até mesmo a longo prazo, de todo o trabalho já exercido. Os programas tradicionais de melhoramento genético de arroz utilizam, de maneira geral métodos que maximizam a endogamia no desenvolvimento de novas linhagens (SOARES et al., 2004).

Esses métodos continuam a desempenhar um papel crucial no cultivo do arroz, mesmo com os avanços na biotecnologia e a introdução de variedades geneticamente modificadas. Apesar dos consideráveis progressos no germoplasma melhorado, persistem desafios e limitações notáveis. Isso deve, em parte, ao uso frequente de genitores geneticamente semelhantes em programas de melhoramento, o que pode se tornar as cultivares modernas mais suscetíveis a insetos e doenças. Em face dessas dificuldades, as variedades tradicionais ganham destaque, uma vez que podem ser empregadas para a transferência de genes de tolerância por meio de cruzamentos de tolerâncias utilizando técnicas de melhoramento convencional, com o propósito de fortalecer as cultivares comerciais (XU et al., 2020).

Nos programas de melhoramento de arroz os principais métodos de seleção de plantas usados são: introdução de germoplasma exótico, método genealógico, método da população, métodos modificados, hibridação, seleção recorrente e retrocruzamento.

2.5.1 Introdução de germoplasma exótico

As introduções de germoplasma vegetal exótico sempre envolvem riscos, entretanto, quando realizadas de forma correta, apresentam vantajosas fontes para a diversificação das cultivares e para o melhoramento genético, e conseqüentemente, para o desenvolvimento da agricultura, sobretudo nos países com grande diversidade de clima e solo como é o caso do Brasil (JUNIOR; BLUMER, 2006).

Grande parte dos produtos que compõem a tabela de alimentos básicos da dieta do brasileiro, não é originária do Brasil, foram trazidos de outros países e introduzidos no Brasil através do método de Introdução de germoplasma exótico. Alguns exemplos de espécies que se adaptaram as nossas condições edafoclimáticas são o arroz, feijão, soja e trigo alguma frutíferas e hortaliças exóticas. Desta maneira, é possível observa o quanto a agricultura brasileira tem se beneficiado com a introdução de germoplasma de diversas espécies vegetais que propiciaram ao país, o desenvolvimento de pesquisas e a obtenção de novas cultivares, mais produtivas e com características agronômicas de interesse (ABRASEM, 2022).

Os métodos de introdução de plantas são divididos em duas categorias: 1) introdução de populações segregantes e 2) introdução de cultivares. Na primeira consiste na implementação de matéria de gerações segregantes, normalmente da geração F2 a F4, como alguns alelos dessas gerações ainda se encontram em heterozigose, essas populações tem como vantagem a possibilidade de se direcionar as condições do ambiente (CORDEIRO, 2008).

Já na segunda categoria, acontece a introdução de genótipos já desenvolvidos em outras regiões ou país, seja para uso direto pelos produtores ou como fonte de variabilidade para utilização em cruzamentos. Em sua pesquisa, Borém (1997), relata que em regiões de cultivos não tradicionais, a introdução de cultivares ou genótipos constitui uma alternativa importante para a expansão de uma nova cultura, pois é um método rápido de recomendar uma cultivar.

2.5.2 Método genealógico

É um método muito utilizado na cultura do arroz, o método genealógico também é conhecido como pedigree. Tem como principal objetivo a seleção de plantas individuais tendo início na geração F2, as quais são mantidas individualmente e semeadas em linhas para a formação das famílias na geração F3. De agora em diante, todas as gerações futuras serão efetuadas a seleção das melhores famílias e das plantas dentro de cada uma dessas famílias.

Esses procedimentos serão repeditos sucessivamente até a geração F5 ou F6, onde boa parte dos locos do genoma da planta estarão em homozigose, momento em que são identificadas as melhores linhagens que irão participar de experimentos de avaliação de rendimento (RAMALHO; SANTOS; ZIMMERMANN, 1993; BORÉM, 1997). A variabilidade genética dentro das famílias diminui com o avanço das gerações e isso pode ser facilmente visto, analisando o que acontece com os componentes de variação genética e o aumento do grau de endogamia.

2.5.3 Método da população

Também conhecido como *Bulk*, esse método funciona da seguinte forma: A partir da geração F2, as plantas são colhidas em conjunto é usada uma pequena amostra de sementes para a obtenção da população F3. O processo se repete por várias gerações, quando o *bulk* é “aberto”, ou seja, são colhidas plantas individuais, que darão origem às famílias para serem avaliadas em experimentos com repetição, até serem identificadas as melhores linhas puras.

Essas deverão, então, comprovar a sua superioridade nos experimentos regionais de competição de linhagens. Deve-se ter atenção, pois como o acréscimo na proporção de homozigotos no decorrer das gerações é menor, não há vantagem em se fazer mais a abertura do *bulk*, já que boa parte dos locos estarão em homozigose (RAMALHO et al., 2012).

2.5.4 Métodos modificados

De acordo com Cordeiro (2008), os métodos modificados têm como base para referência o método genealógico e/ou o método da população e foram criados como novos caminhos para seleção, visando melhorar a eficiência da seleção. Nos métodos modificados existe dois principais que têm sido mais utilizados, são os descendentes de uma única semente, conhecido como SSD (*Single Seed Descent*) e o método do “*bulk*” dentro de famílias (ABREU, 1997)

Single Seed Descent (SSD) – compreende basicamente a ascensão de gerações ainda segregantes, já a partir da geração F₂, pegando como base uma única semente de cada planta de uma população. Esse procedimento é incessantemente repetido até que as plantas atinjam a homozigose desejada. Assim cada planta da geração F₂, representará uma linhagem homozigota ao final do processo de seleção. Uma vantagem desse método é que não há perda da variabilidade presente na geração F₂, uma desvantagem é que com a perda de um indivíduo se perde toda a representatividade da planta F₂ (RAMALHO et al., 2012).

Método do “*bulk*” dentro de famílias é um método que avalia a derivação dentro das famílias F₂, associando os dois procedimentos padrões da condução das famílias segregantes em plantas autógamas, que são o método genealógico e o “*bulk*”. Nesse método, as plantas da geração F₂ são colhidas de forma individuais e as famílias F₂:3 são semeadas em linhas isoladas. Esse processo se repete até a geração F₂:6, quando então são selecionadas visualmente os melhores indivíduos dentro de cada família para continuar a seleção (CORDEIRO, 2008). Com esse método, a variabilidade entre as plantas da geração F₂ é mantida. Nesse processo a seleção poderá atuar apenas dentro das famílias, e a perda por amostragem será restrita apenas a que ocorre dentro das famílias (ROSAL, 1999).

2.5.5 Seleção recorrente

De acordo com Cordeiro (2008), a seleção recorrente é um processo sistemático de seleção de indivíduos dentro de uma população geneticamente heterogênea seguido da recombinação dos indivíduos selecionados para formar uma nova população. Esse processo de seleção é repetido ao longo de vários ciclos, com cada geração se tornando cada vez mais próxima em relação às

características desejáveis. Esse processo é chamado de seleção recorrente porque a seleção é repetida várias vezes ao longo de várias gerações.

2.5.6 Retrocruzamento

Esse método envolve o cruzamento de um genótipo que apresenta uma característica desejável com outro genótipo que tem a característica recorrente, ou seja, a variedade original sem a característica desejável (DAROS et al., 2004). O método de retrocruzamento conserva todos os caracteres favoráveis da cultivar-elite junto com o traço desejado da linha do doador.

A troca de características desejadas de um genitor doador para um genitor receptor, ou recorrente acontece da seguinte forma: Na geração F1 do cruzamento inicial, ocorre a retrocruzada com o genitor recorrente para recuperar as características originais, sem perder a característica desejada adquirida pelo doador. Esse processo é repetido algumas vezes, com a seleção de plantas portadoras do gene desejado (SOUZA, 2001).

2.6 Uso de marcadores moleculares para seleção assistida no melhoramento

Os Marcadores moleculares são definidos por Turchetto-Zolet et al., (2017) como uma parcela exclusiva de DNA que representa as diferenças ao nível genético, que possibilita fazer dedução direta sobre a diversidade genética entre os indivíduos ao nível de gene.

O uso de marcadores moleculares no processo de melhoramento vegetal, são imensamente valorizados nos campos de pesquisa de base genética, por sua alta capacidade de distinção entre genótipos (GROVER A.; SHARMA P.C., 2016). A possibilidade de identificação das regiões cromossômicas e associação dessas regiões com algumas características de interesse agrônomo, demonstrou ser uma informação fundamental para o melhoramento vegetal. Segundo Cordero-lara (2020), se usado de uma forma eficiente, informações pode revolucionar os programas de melhoramento vegetal nos próximos anos.

A primeira técnica de marcadores molecular relatada para a detecção de diversidade no DNA, foi publicada por Botstein et al. (1980), onde ele fez o relato do uso de marcadores polimorfismo de comprimento de fragmentos de restrição (RFLP), para a construção de mapas genéticos. Com o aperfeiçoamento das ciências biológicas e das técnicas de manipulação em laboratório, as análises de DNA das diversas espécies passaram a integrar de forma rotineira as pesquisas de melhoramento. Essas tecnologias, aliadas às análises de bioinformática e estatística, tornaram possível identificar e genotipar diferentes indivíduos em um único passo, demonstrando assim sua grande importância e impacto na pesquisa de melhoramento.

2.7 Mapeamento associativo GWAS

Análise de ligação e análise de associação são métodos utilizados para identificar locos de características quantitativas (QTLs), e são muito utilizados para estudar raízes em arroz. Muitos QTLs para características de raízes em arroz têm sido identificados pelo método tradicional de mapeamento, utilizando populações bi parentais, como revisado por Xiang et al. (2022). No entanto, com os avanços do sequenciamento nova geração, o mapeamento associativo ou *genome-wide association study* (GWAS) se tornou uma técnica poderosa para estudar a base genética de características quantitativas, e tem sido utilizado com sucesso em arroz. Nessa abordagem, a associação estatística entre características espécie-específica e marcadores SNPs é usada para estudar a associação entre características e os locos (XIANG et al., 2022). Se comparado ao mapeamento de QTLs, o GWAS apresenta maior resolução de mapeamento, maior número de alelos e população de referência mais ampla, como também um menor consumo de tempo. Inúmeros modelos estatísticos podem ser utilizados no GWAS com base em diferentes populações ou número de SNPs, a estrutura da população e as relações genéticas podem ser levadas em consideração (ZHANG et al., 2021). Diferentes estudos de GWAS para características de raízes em arroz já foram conduzidos (revisado por XIANG et al., 2022), porém, não com germoplasma brasileiro.

2.7.1 Filtragem dos Marcadores

Dentre os parâmetros indicados para filtragem dos marcadores, está a queda do desequilíbrio por ligação, do inglês *Linkage disequilibrium decay* – *LD decay*. Usando essa abordagem é identificado apenas um SNP do bloco de ligação associado à característica de interesse. Ou seja, se em determinada região do genoma, dentro da distância do *LD decay*, tiver vários SNPs ligados à característica de interesse, apenas um será mantido na análise.

O desequilíbrio por ligação (*Linkage disequilibrium*) se refere à associação não aleatória entre alelos de diferentes locos (VOS et al., 2017), ou seja, é a diferença entre as frequências alélicas observadas e esperadas se considerar segregação independente. Essa co-segregação pode ser entre locos do mesmo cromossomo (sequências ligadas) ou entre locos de cromossomos diferentes (mantidas por seleção). Durante a meiose, a recombinação tende a misturar o DNA entre os cromossomos, resultando na queda do LD (*LD decay*). Ao longo das gerações (meioses) apenas locos fortemente ligados permanecerão juntos.

O LD e a queda do LD são muito variáveis entre espécies e podem ser afetados por diferentes fatores como acasalamento não aleatório, seleção, mutação, migração, deriva genética e tamanho pequeno da população. Em plantas heterozigotas, de fecundação cruzada, pares de alelos localizados no mesmo haplotipo (ligados na fase de acoplamento) podem apresentar alto valor de LD, com queda de LD (*LD decay*) em função da frequência de recombinação e do número de gerações. O LD entre alelos de diferentes haplotipos (ligados em fases de repulsão) não é facilmente detectado, e o LD cai para um nível baixo devido a segregação independente desses haplotipos. Em plantas de autofecundação, normalmente ocorre menor queda do LD devido ao fundo genético homozigoto, portanto os eventos de recombinação são ineficientes para causar queda do LD. Tem sido mostrado que o LD cai em curta distância (100 a 1500pb) em plantas de fecundação cruzada como milho. Porém, em plantas que se propagam vegetativamente, como cana de açúcar e batata, ocorrem poucos eventos de recombinação, e a queda do LD é mais lenta (maior distância), apesar dessas espécies fazerem fecundação cruzada. Em plantas de autofecundação, como cevada e trigo duro, o LD cai em longa distância.

Entretanto, em populações naturais de plantas que fazem autofecundação, como *Arabidopsis thaliana*, a queda do LD ocorre mais rapidamente (10kb) (VOS et al., 2017).

Para a coleção de arroz estudada, composta por acessos *indica* e *japonica*, foi observado LD decay médio entre os cromossomos de ~100kb. Estudo prévio demonstrou que o LD decay é maior na subespécie *japonica temperada* (>500 kb), seguido pela *japonica tropical* (~150 kb) e *indica* (~75 kb) (MATHER et al. 2007). De maneira geral, pesquisas demonstram que o *LD decay* em arroz cultivado varia de 100 a 200kb (HUANG et al. 2010; MENG et al. 2022).

2.7.2 Fenotipagem

Para maior precisão os dados fenotípicos podem ser transformados em BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*). Esse é um método padrão para estimar efeitos aleatórios em modelos mistos e foi originalmente desenvolvido para estimar o valor genético (*breeding value* - aditividade) para o melhoramento animal (HENDERSON, 1975; PIEPHO et al., 2008). Os primeiros modelos criados por Henderson (1975) tinham como objetivo estimar o valor genético de touros com base nas informações fenotípicas de seus filhos/filhas, netos/netas e demais descendentes, necessitando assim de uma matriz de correlação/covariâncias entre esses indivíduos, obtidas através do cálculo do coeficiente de parentesco. No melhoramento animal o uso desta informação não foi fator limitante, pois, de maneira geral, informações de *pedigree* dos animais sempre foram armazenadas permitindo o cálculo dessas matrizes de parentesco. Por outro lado, no melhoramento vegetal, o cálculo de parentesco sempre foi difícil, principalmente entre autógamias, limitando o uso dessas técnicas no melhoramento de plantas. A partir dos anos 90, o desenvolvimento de marcadores moleculares tornou possível a obtenção de diferentes tipos de estimativas de similaridade genética entre genótipos (PIEPHO et al., 2008; BAUER; REETZ; LÉON, 2006). A genotipagem permitiu a estimativa de parentesco e a sua utilização no cálculo de BLUPs para uso no melhoramento vegetal.

Em algumas condições experimentais, podem ser obtidos BLUPs sem as informações de *pedigree*/parentesco. Nestas situações, mesmo na ausência da

matriz de covariâncias/correlações genética entre os genótipos, o BLUP é considerado superior as demais técnicas de comparação de médias em função de uma propriedade descrita como “encolhimento” (*shrinkage*) das predições ajustadas dos tratamentos em torno da média (BAUER; REETZ; LÉON, 2006; DUARTE; VENCOSKY, 2001; ROBINSON, 1991), reduzindo a variância, mas aumentando a acurácia das predições em comparação a métodos de soma de quadrados (ZORIĆ et al., 2022).

Quando BLUPs são analisados na presença de matriz de parentesco, o valor genético de cada indivíduo é predito explorando as relações genéticas com os demais indivíduos e suas informações fenotípicas. Nestas condições, melhores predições são obtidas (informação verbal¹).

O parentesco pode ser definido em termos de coeficiente de correlação (WRIGHT, 1921) ou probabilidade de identidade por descendência (IBD – *identity by descent*) (MALECOT, 1948). Conforme descrito pelos autores Queller, Goodnight (1989), considerando o modelo utilizado, os resultados obtidos nesse estudo podem ser interpretados diretamente como valores de IBD. Identidade por descendência é a herança compartilhada de uma porção idêntica do genoma entre dois indivíduos (STICCA; BELBIN; GIGNOUX, 2021). A IBD também pode ser definida como a probabilidade de que dois indivíduos herdaram duas ou mais cópias do mesmo alelo de um ancestral comum (CONOMOS et al., 2016). Identidade por descendência é diferente da identidade por estado (*identity by state* - IBS), na qual uma porção dos genomas de dois indivíduos pode parecer idêntica, mas não necessariamente devido à recente herança compartilhada (STICCA; BELBIN; GIGNOUX, 2021).

Dois indivíduos geneticamente relacionados (parentes) compartilham ancestrais comuns recentes. Para um par de indivíduos o número de ancestrais comuns e suas distâncias (número de gerações) determinam a extensão (esperada) de parentesco entre eles. Indivíduos parentes têm genótipos mais semelhantes em cada loco porque seus alelos têm maior probabilidade de ibd do que indivíduos não parentes. Dessa forma, eles também tendem a ter uma

¹ Informação fornecida por Dr Luciano Carlos da Maia no curso de pós graduação em Fitomelhoramento, realizados em Pelotas – RS, em julho de 2023.

maior similaridade no fenótipo de uma característica quantitativa (WANG et al., 2017). Quanto mais parentes forem dois indivíduos, maior será a porcentagem de seu genoma com ibd compartilhada, pois compartilham um ancestral comum recente. Ao longo do tempo, devido à recombinação, ocorre a degradação dos segmentos de ibd (STICCA; BELBIN; GIGNOUX, 2021).

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Genotipagem

Uma coleção de 188 genótipos (Anexo 01), de arroz foram genotipados em duas etapas. Para ambas, o DNA foi extraído de folhas de plântulas, usando detergente CTAB (*hexadecyltrimethylammonium bromide*), com protocolo adaptado de Doyle, Doyle (1990). A quantidade, qualidade e integridade do DNA foram determinadas usando espectrofotômetro (*NanoVue™*) e eletroforese em gel de agarose. Posteriormente, as amostras de DNA foram enviadas para o Laboratório de Serviços de Genotipagem do IRRI (*International Rice Research Institute*) e genotipadas usando a plataforma *7K Infinium SNP genotyping platform* (Illumina®) (versão adaptada do *6 K Infinium array*) (THOMSON et al., 2017) usando 7098 marcadores SNP (*single nucleotide polymorphism*).

3.2 Filtragem dos dados de genotipagem

Os dados de genotipagem passaram por duas filtrações. A primeira filtração foi feita no programa TASSEL V.5.2.41 (BRADBURY et al., 2007). Os marcadores foram filtrados de acordo com os parâmetros **Site Min Count: 80%**; **Site Min Allele Freq: 0,05**; **Site Max Allele Freq: 0,95**; **Min Heterozygous Proportion: 0**; **Max Heterozygous Proportion: 0,25**. Os genótipos foram filtrados de acordo com **Min Proportion of Sites Present: 0,8**; **Min Heterozygous Proportion: 0**; **Max heterozygous Proportion: 0,25**.

A segunda filtração, baseada na queda do desequilíbrio de ligação (LD decay), foi executada no programa pLINK (PURCELL et al., 2007). Inicialmente, ainda no programa TASSEL V.5.2.41, foi feito o cálculo do parâmetro r^2 do desequilíbrio de ligação para cada cromossomo, para verificar o nível de LD entre os marcadores SNPs ligados. Em média, foi observado r^2 de 0,5 (distância de LD decay de ~100kb), indicando uma frequência de recombinação de ~0.30. Os dados de genotipagem que passaram pela primeira filtração foram convertidos no programa PGDSpider (LISCHER; EXCOFFIER, 2012) e carregados no programa pLINK considerando r^2 de 0,5.

3.3 Matriz de parentesco

Os dados de genotipagem, que passaram pelas duas filtragens, foram transformados em marcadores codominantes (dados bi-alélicos) utilizando o programa HMPtoCoancestry (MAIA, software não publicado). Os valores transformados foram utilizados para obtenção da matriz de parentesco de acordo com o modelo Queller-Goodnight (QUELLER; GOODNIGHT 1989) no programa Coancestry (WANG, 2011). A matriz gerada no programa Coancestry foi novamente transformada utilizando o programa HMPtoCoancestry.

3.4 Fenotipagem

Uma coleção de 183 genótipos de arroz (*O. sativa*) usados no Brasil foram cultivados no campo da Embrapa Clima Temperado, estação experimental Terras Baixas, localizado em Capão do Leão, Rio Grande do Sul, Brasil, na safra 2021/2022. O cultivo foi feito utilizando sistema irrigado por inundação, e os tratamentos culturais e fitossanitários foram feitos de acordo com as recomendações técnicas para o cultivo do arroz no Sul do Brasil (SOSBAI, 2018).

O desenho experimental foi de blocos ao acaso, com três repetições. Cada genótipo foi semeado em linhas de 1,0 m de comprimento, com espaçamento 0,20 m, e densidade de semeadura de 45 sementes por metro linear. Na fase maturação fisiológica dos grãos foi feita a coleta das raízes. Foram coletadas raízes de três plantas de cada genótipo, de cada repetição, totalizando nove plantas avaliadas em cada genótipo.

Após a lavagem das raízes em água corrente foram feitas medidas de comprimento, utilizando régua graduada. Posteriormente, as raízes foram acondicionadas em sacos de papel e mantidas em estufa de ar forçado a 70 °C até obtenção de peso constante, momento que foram pesadas em balança de precisão para obtenção de peso seco da raiz.

3.5 Análise de dados de fenotipagem

Os dados de comprimento de raiz e peso seco de raiz foram testados quanto à normalidade utilizando o procedimento ***proc univariate***. Como

nenhuma variável apresentou distribuição normal, foi identificado o tipo de distribuição (normal, exponencial, gamma, inversa de gauss, log-normal, beta) utilizando o procedimento ***proc severity***.

Em seguida, foi feita análise de variância usando modelos lineares mistos generalizados – GLMM (*generalized linear mixed model*), através do procedimento ***proc glimmix***. Foi observada diferença significativa para genótipo em ambas as variáveis. As análises foram feitas usando o programa SAS Studio ([SAS OnDemand for Academics | SAS](#)).

3.6 Obtenção de BLUPs (Best Linear Unbiased Prediction)

Para obtenção dos BLUPs (*Best Linear Unbiased Prediction*) foi utilizado o procedimento ***proc glimmix*** ([SAS OnDemand for Academics | SAS](#)) utilizando a matriz de parentesco de Queller-Goodnight (QUELLER; GOODNIGHT 1989).

3.7 Mapeamento associativo - GWAS - *genome-wide association study*

A análise de mapeamento associativo foi feita no programa TASSEL V.5.2.41 utilizando o método GLM (*general linear model*), o qual inclui os dados fenotípicos, os dados genotípicos (1185 locos SNPs) e a estrutura da população – Q (*Principal component analysis* – PCA nesse estudo). Para considerar um loco SNP associado as diferenças fenotípicas do comprimento da raiz e do peso seco da raiz foi estabelecido como ponto de corte valores a partir da correção de Bonferroni ($-\log_{10} P\text{-Value} = 0,05 / n^{\circ} \text{ SNPs}$) (GONZALO et al., 2022), que neste estudo foi igual a 4.37. Os resultados foram apresentados em Manhattan plot.

3.8 Identificação de genes

Os bancos *Rice Genome Annotation Project* (<http://rice.uga.edu/>) e *Rice Annotation Project Data Base* (<http://rapdb.dna.affrc.go.jp/>) foram utilizados para análise da região do cromossomo que apresenta SNPs associados com comprimento de raiz e peso seco de raiz. Para identificar genes candidatos ligados aos SNPs associados com características de raiz, a localização física de

cada marcador em cada cromossomo foi verificada. A partir dessa posição, uma região de 10kb para cada lado foi analisada.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os dados fenotípicos não apresentaram distribuição normal. As distribuições com maior aderência para as variáveis comprimento de raiz e peso seco de raiz foram gama e lognormal, respectivamente.

Na primeira filtragem de dados realizado no programa TASSEL V.5.2.41 (BRADBURY et al., 2007). Dos 183 genótipos e 7089 marcadores SNPs, foram mantidos apenas 177 genótipos e 4843 marcadores. Já na segunda filtragem, que é baseada na queda do desequilíbrio de ligação, dos 4843 SNPs, restaram apenas 1185 marcadores.

Neste estudo, foram mapeados seis SNPs associados com o comprimento da raiz em arroz. Os SNPs estão localizados nos cromossomos 2, 4, 5 e 6 (Figura 03, Tabela 1). Resultados similares foram encontrados em um estudo desenvolvido por Li et al. (2017). Os autores usaram 529 acessos de arroz e cerca de 6,4 milhões de SNPs, e identificaram apenas 4 SNPs associados com comprimento máximo de raiz durante o estágio de maturação de sementes, o mesmo analisado no presente estudo. Similarmente, Xu et al. (2020) avaliaram 145 genótipos e 54.456 SNPs e encontraram 11 SNPs associados com comprimento da raiz de plântulas. Por outro lado, em um estudo feito com 795 acessos e 3,3 milhões de SNPs, Zhao et al. (2018), encontraram 857 SNPs associados com comprimento de raiz no estágio de plântula. Em estudo similar, Xiang et al. (2022) avaliaram 391 genótipos com aproximadamente 1,8 milhões de SNPs, e identificaram 585 SNPs associados com comprimento da raiz principal em plântulas de arroz. A grande diferença no número de SNPs associados com comprimento de raiz nas diferentes pesquisas pode ser explicada pelo número de marcadores, germoplasma, estágio de desenvolvimento, condição ambiental, e modelos estatísticos utilizados para análise dos dados.

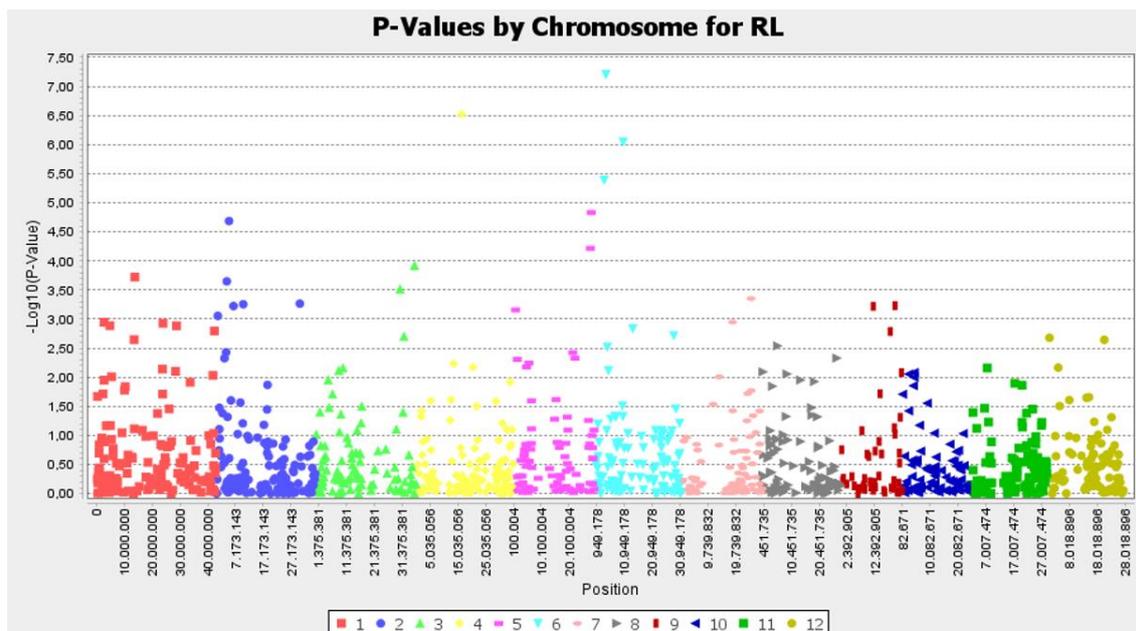


Figura 3 - Gráfico Manhattan plot mostrando valor de $-\text{Log}_{10}(P)$ vs. Posição de cada SNP nos cromossomos para comprimento de raiz em uma coleção de arroz cultivada no Brasil. RL = comprimento de raiz, do inglês root length.

Identificar marcadores associados com o comprimento raiz pode auxiliar os melhoristas de arroz. O comprimento faz parte da arquitetura da raiz, e é essencial para a sobrevivência das plantas em condições complexas do solo (MENG et al., 2019). Raízes de menor diâmetro e maior comprimento aumentam a área de contato com a umidade, ampliando o volume do solo que pode ser explorado para captação de água e nutrientes, que é favorável especialmente para o arroz cultivado no sistema de sequeiro (KIM et al., 2020). Foi demonstrado que o aumento do comprimento e biomassa da raiz está relacionado com melhor absorção de N devido a interações que ocorrem entre N e K (KAYSAR et al., 2023). Além disso, o comprimento da raiz é um dos fatores que influenciam o acamamento, já que raízes soltas e rasas fornecem pouca ancoragem (DORAIRAJ; ISMAIL, 2017).

Tabela 2 - Marcadores SNP associados com comprimento de raiz e peso seco de raiz em uma coleção de arroz cultivada no Sul do Brasil.

Cromossomo	SNP ID	$-\text{Log}_{10}(P\text{-Value})$	Posição	Genes
Comprimento de raiz				
2	1490986	4.685	4.872.870	3
4	4253547	6.521	16.456.344	3
5	5762361	4.829	28.130.268	6
6	SNP-6.4253415	7.204	4.254.415	1
6	6155999	6.047	10.453.297	1

6	id6002884	5.391	3.598.843	3
Peso seco de raiz				
3	3496797	4.693	33.791.733	5
5	5604007	4.698	22.295.097	5
7	ud 7000154	5.884	2.037.557	3

Foram encontrados três SNPs associados com o peso seco da raiz em arroz, localizados nos cromossomos 3, 5 e 7 (Figura 3, Tabela 2). Em uma coleção de 182 acessos do Vietnã, e com o uso de 25971 marcadores SNPs, Phung et al. (2016) identificaram apenas 2 SNPs associados com o peso seco da raiz no estágio vegetativo. Similarmente, Panahabadi et al. (2022), ao analisar 220 genótipos, com 33934 SNPs, encontraram 8 marcadores associados com peso seco da raiz em estágio de plântula. Por outro lado, em um estudo desenvolvido por Li et al. (2017), foram identificados 113 SNPs associados com peso seco de raiz no estágio de maturação de sementes. Como mencionado para comprimento de raiz, as diferenças no número de marcadores associados com peso seco de raiz entre os estudos, pode ser explicada pelas características de cada experimento e pelos modelos estatísticos empregados para análise de mapeamento associativo.

Os marcadores associados com peso seco de raiz têm uma aplicação importante no melhoramento do arroz. O peso seco da raiz fornece uma medida precisa da biomassa. A biomassa da raiz está associada com a capacidade da planta de absorver água e nutrientes e com a biomassa da parte aérea. Alguns estudos indicam que maior biomassa de raiz é requerido para maior enchimento de grãos e produtividades em arroz. Entretanto, maior biomassa não necessariamente aumenta o enchimento de grãos ou a produtividade. Isso acontece porque apesar da raiz absorver água e nutrientes, esse órgão também consome assimilados produzidos pela parte aérea para sua manutenção e estabelecimento. A produção de biomassa de raiz consome duas vezes mais energia do que a produção de biomassa da parte aérea. Dessa forma, foi sugerido a “redundância de crescimento radicular” (*root growth redundancy*), ou seja, biomassa excessiva de raízes pode consumir mais produtos fotossintéticos, reduzindo a produtividade de grãos (YANG; ZHANG; ZHANG J., 2012; LUI et al., 2023).

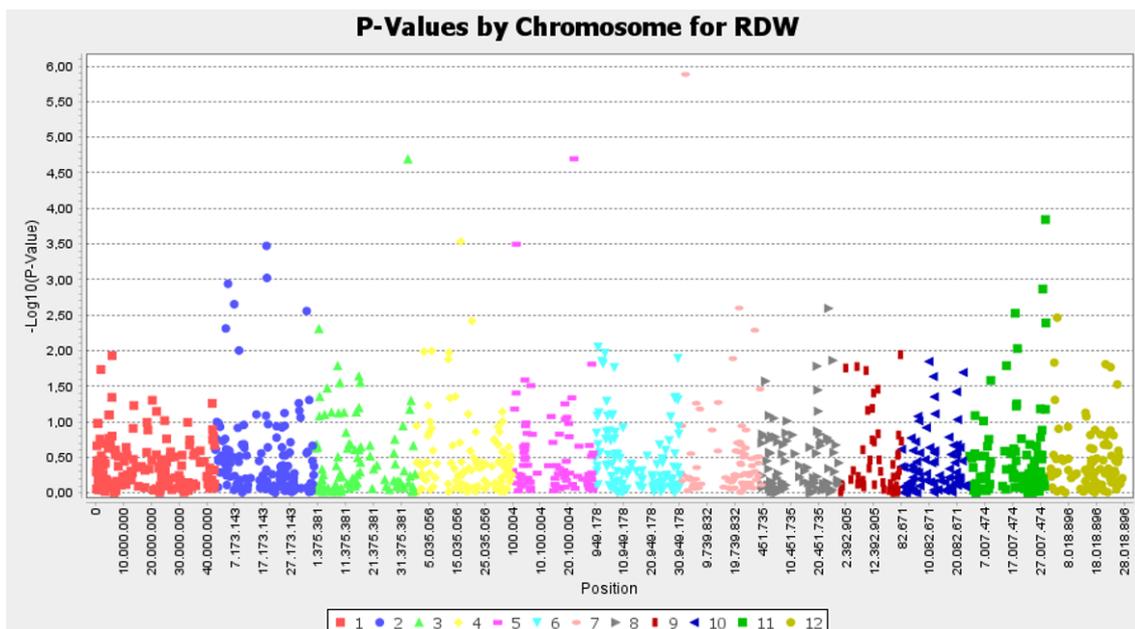


Figura 4 - Gráfico Manhattan plot $-\text{Log}_{10}(P)$ vs. Posição dos marcadores SNP no cromossomo, associados com peso seco de raiz em uma coleção de arroz cultivada no Brasil. RDW = peso seco de raiz, do inglês *root dry weight*.

4.1 Genes associados com comprimento e peso seco de raiz

Foram encontrados 17 genes ligados aos marcadores para comprimento de raiz (Tabelas 2 e 3). Desses, é apontado os genes que codificam o fator de transcrição MYB (*Os02g0187700*), Cinamil álcool desidrogenase (*Os02g0187800*) e CDK ativadora de quinase (*Os06g0171700*) (Tabela 3).

Os fatores de transcrição MYB contém o domínio MYB, que apresenta 52 aminoácidos. De acordo com o número de repetições adjacentes a família MYB é dividida em R1/R2, R3-MYB (1R-MYB), R2R3-MYB (2R-MYB), R1R2R3-MYB (3R-MYB) e 4R-MYB, os quais apresentam um, dois, três e quatro repetições de MYB, respectivamente (KANG et al., 2022). O MYB identificado neste estudo pertence a classe R2R3-MYB (*OsMYB1*, *MYB1*, *Os2R_MYB22*). Foi demonstrado que *OsMYB1*, um R2R3-MYB, foi altamente expresso em raízes e regula a alongação da raiz de arroz de modo dependente de fosfato (GU et al. 2017). Em um estudo desenvolvido por Wang et al. (2022) foi observado que o gene *OsMYBAS1*, outro R2R3-MYB, foi altamente expresso em raízes de arroz, e maior comprimento de raízes foi observado em linhagens superexpressando esse gene. Os autores sugerem que o gene *OsMYBAS1* regula o crescimento das raízes de arroz, além de promover a germinação e estabelecimento de

plantas sob condições de semeadura profunda. Sugere-se o gene *Os02g0187700* pertencente à classe R2R3-MYB, identificado nesse estudo, é mais um *OsMYB* envolvido com o comprimento das raízes em arroz.

A enzima cinamil álcool desidrogenase (*Cinnamyl-alcohol dehydrogenase* - CAD) atua na etapa final da rota dos fenilpropanoides, catalisando a redução NADPH dependente de hidroxí-cinamaldeídos nos álcoois correspondentes. Esses álcoois são precursores de polímeros de lignina e de diferentes compostos fenólicos como lignanas e fenilpropenos. A lignina faz parte da parede celular secundária do xilema e de células fibrosas das plantas vasculares. Esse polímero promove hidrofobicidade e rigidez à parede celular, possibilitando condução de água e suporte mecânico (PARK et al., 2018). Em arroz existem 12 genes codificadores de CAD (TOBIAS; CHOW, 2005), e o gene identificado neste estudo é *OsCAD2*. Diferentes estudos verificaram que *OsCAD2* é altamente expresso em raízes e caules de arroz (TOBIAS; CHOW, 2005; PARK et al., 2018). Sugere-se que o gene identificado nesse estudo tem um papel chave no comprimento das raízes, visto que a divisão e a expansão celular necessária para aumentar o comprimento, envolve genes cujos produtos atuam na parede celular.

A proteína Ciclina dependente de quinase (*Cyclin-dependent protein kinase* - CDKs) apresenta um papel chave no ciclo celular de eucariotos. A CDK ativadora de quinase (*Cdk-activating kinase* - CAK) catalisa a fosforilação de uma treonina de CDK para ativar a sua atividade enzimática, por isso CAK também está envolvida na proliferação celular (UMEDA et al., 2005). O gene identificado codifica para uma CAK e parece estar envolvido na sinalização para crescimento de raízes.

Para peso seco de raiz foram identificados 13 genes ligados aos SNPs significativos (Tabelas 3 e 4). Dentre esses genes, podem-se citar os que codificam celulose sintase (*Os03g0808100*), proteína de transferência de lipídeos (*Os03g0808500*), receptor *like* quinase citoplasmática (*Os05g0454300*), dedo zinco do tipo CCCH associado com tolerância à seca (*Os07g0138400*) (Tabela 3).

A parede celular das plantas determina o tamanho e a forma da célula, fornecendo suporte estrutural e proteção contra estresses bióticos e abióticos, além de ser um enorme recurso de biomassa. A parede celular vegetal é

composta por celulose, hemicelulose, pectina, lignina, proteínas e outros compostos químicos. A celulose é composta de β -1,4 glucano e é sintetizada por complexos de celulose sintase (CesA) localizados na membrana plasmática (HU et al., 2018; ZHAO et al., 2021). Neste estudo foi identificada *OsCesA2*, similar a *CesA5* de *Bambusa oldhamii* (*BoCesA5*). A relação da parede celular com a biomassa explica o envolvimento do gene *OsCesA2* com peso seco de raiz em arroz.

Foi identificado um gene que codifica proteínas de transferência de lipídeos (*Lipid-transfer proteins* - LTP). Essas proteínas estão presentes apenas em plantas terrestres, e estudos in vitro sugerem que as LTPs atuam na transferência e deposição de monômeros para a montagem de barreiras lipídicas à prova d'água, como cutina, cera cuticular, suberina e esporopolenina, presentes em superfícies vegetais. A suberina é formada por cadeias de carbono alifáticas poliméricas associadas a compostos aromáticos, e os ácidos graxos oxigenados de cadeia longa fornecem o núcleo do poliéster de suberina. De maneira geral, a suberina é encontrada em tegumentos das sementes e nas peridermes das raízes e caules, localizada entre a membrana plasmática e a parede celular. As camadas de suberina contribuem para o controle da difusão de água e solutos nesses órgãos (EDQVIST et al., 2018).

A sinalização célula-célula ou célula-ambiente é determinante para o crescimento e desenvolvimento das plantas. Receptores *like* quinases (*receptor-like kinases* - RLK) localizados na superfície da célula estão envolvidos na detecção de sinais extracelulares para iniciar a resposta celular correspondente. Tem sido demonstrado que RLK controlam muitos processos durante o crescimento e desenvolvimento das raízes. A maioria dos RLK apresenta um domínio N-terminal extracelular (ED), um domínio de passagem única transmembrana, e um domínio C-terminal citoplasmático (CD) com ou sem atividade de quinase. Alguns RLK não contêm ED, e são denominados Receptores *like* quinase citoplasmático (RLCK). A maioria dos RLCKs contém apenas um domínio quinase intracelular, enquanto outros possuem um domínio transmembrana (OU; KUI; LI, 2022). O gene identificado nesse estudo codifica para um Receptor *like* quinase citoplasmático, e parece estar envolvido na sinalização para desenvolvimento de raízes.

Foi identificado um gene que codifica uma proteína dedo zinco do tipo CCCH associada à tolerância à seca (Tabela 4). As proteínas dedo de zinco apresentam um domínio estrutural ligado a um íon de zinco e elas se ligam a ácidos nucleicos. Em plantas esses fatores de transcrição estão envolvidos na regulação do crescimento, desenvolvimento e adaptação a estresses. A maioria dos dedos de zinco são dos tipos C2H2 e CCCC, nomeados após a configuração de cisteína (C) e histidina (H) no domínio. Os dedos de zinco do tipo CCCH são menos comuns, e atuam na regulação das respostas ao estresse. Uma proteína que apresenta dedo de zinco do tipo CCCH em tandem é denominada TZF. As proteínas com dedo de zinco do tipo CCCH conferem tolerância a seca por diferentes mecanismos. Em linhagens transgênicas de *Arabidopsis* o gene *AetTZF1* (isolado de *Aegilops tauschii* Coss.) aumenta a tolerância à seca pois promove crescimento da raiz e maior taxa de germinação (JIANG et al., 2014; HAN et al., 2021). Esse comportamento pode explicar o envolvimento do gene que codifica proteína dedo zinco identificado nesse estudo no peso seco de raiz.

Tabela 3 - Anotação de genes no RGAP e RAP-DB em 20kb (10 kb de cada lado) dos SNPs mapeados para comprimento de raiz em uma coleção de arroz cultivada no Sul do Brasil.

SNP ID	RGAP	RAP-DB	Transcritos	Descrição
1490986	LOC_Os02g09480	Os02g0187700	Os02t0187700-00	Similar to Myb-related protein B (B-Myb) (Myb-related protein 1) (XMYB1)
	LOC_Os02g09490	Os02g0187800	Os02t0187800-01	Cinnamyl-alcohol dehydrogenase, Lignin biosynthesis, Monolignol biosynthesis
			Os02t0187800-02	Similar to Cinnamyl alcohol dehydrogenase 1a
	LOC_Os02g09500	Os02g0187900	Os02t0187900-00	Função desconhecida
4253547	LOC_Os04g27840	Os04g0345900	Os04t0345900-00	Função desconhecida
	LOC_Os04g27850	Os04g0346000	Os04t0346000-01	2OG-Fe(II) oxygenase domain containing protein
	LOC_Os04g27860	Os04g0346100	Os04t0346100-01	Ribosomal protein S27
	LOC_Os04g27870	Não encontrado	Não encontrado	*Retrotransposon protein, putative, unclassified
5762361	LOC_Os05g49030	Os05g0565000	Os05t0565000-01	Similar to 60S ribosomal protein L18a-1.
	LOC_Os05g49040	Os05g0565100	Os05t0565100-01	Cytochrome b561/ferric reductase transmembrane domain containing protein
	LOC_Os05g49050	Os05g0565200	Os05t0565200-01	Similar to Urease accessory protein G
	LOC_Os05g49060	Os05g0565400	Os05t0565400-01	Protein of unknown function DUF561 family protein
	LOC_Os05g49070	Os05g0565500	Os05t0565500-01	3-hydroxyacid dehydrogenase/reductase domain containing protein
	LOC_Os05g49080	Os05g0565701	Os05t0565701-00	Conserved hypothetical protein
	LOC_Os05g49090	Não encontrado	Não encontrado	*Retrotransposon protein, putative, Ty3-gypsy subclass
SNP-6.4253415	LOC_Os06g08560	Os06g0184700	Os06t0184700-00	Hypothetical conserved gene
		Os06g0184766	Os06t0184766-00	Hypothetical conserved gene

6155999	LOC_Os06g17970	Os06g0287700	Os06t0287700-01	Similar to NBS-LRR disease resistance protein homologue (Fragment)
			Os06t0287700-02	Non-protein coding transcript
			Os06t0287700-03	Similar to Nbs-lrr disease resistance protein (Fragment)
	LOC_Os06g17980	Não encontrado	Não encontrado	*Hypothetical conserved gene
	LOC_Os06g17990	Não encontrado	Não encontrado	Não encontrado
id6002884	LOC_Os06g07474	Os06g0171600	Os06t0171600-01	Membrane insertion protein, OxaA/YidC domain containing protein
	LOC_Os06g07480	Os06g0171700	Os06t0171700-01	Cdk-activating kinase assembly factor (MAT1) family protein
	LOC_Os06g07490	Os06g0171800	Os06t0171800-01	VRR-NUC domain containing protein
	LOC_Os06g07500	Não encontrado	Não encontrado	*Retrotransposon protein, putative, unclassified, expressed

*Dados encontrados apenas no RICE UGA - <<http://rice.uga.edu/>>

Tabela 4 - Anotação de genes no MSU e RAP-DB em 20kb (10 kb de cada lado) dos SNPs mapeados para peso seco de raiz em uma coleção de arroz cultivada no Sul do Brasil.

SNP ID	RGAP	RAP-DB	Transcritos	Descrição
3496797	LOC_Os03g59340	Os03g0808100	Os03t0808100-01	Similar to Cellulose synthase-5
			Os03t0808100-02	Similar to Cellulose synthase BoCesA5
			Os03t0808100-03	Similar to Cellulose synthase BoCesA5
	LOC_Os03g59350	Os03g0808200	Os03t0808200-00	UDP-glucuronosyl/UDP-glucosyltransferase family protein
	LOC_Os03g59360	Os03g0808300	Os03t0808300-01	Remorin, C-terminal region domain containing protein
	LOC_Os03g59370	Os03g0808400	Os03t0808400-00	Ubiquitin domain containing protein
	LOC_Os03g59380	Os03g0808500	Os03t0808500-00	Plant lipid transfer protein/Par allergen family protein

5604007	LOC_Os05g37990	Não encontrado	Não encontrado	*Hypothetical conserved gene
	LOC_Os05g38000	Os05g0454200	Os05t0454200-01	Guanine nucleotide exchange factors for Rop, Activation of small cuticular papillae development on leaf epidermis
	LOC_Os05g38010	Os05g0454300	Os05t0454300-00	Receptor-Like Cytoplasmic Kinase 187
	LOC_Os05g38020	Os05g0454400	Os05t0454400-01	Conserved hypothetical protein
	LOC_Os05g38030	Os05g0454451	Os05t0454451-00	Unknown function
	LOC_Os05g38040	Os05g0454500	Os05t0454500-01	Conserved hypothetical protein
ud7000154	LOC_Os07g04570	Não encontrado	Não encontrado	*RNA recognition motif containing protein, putative, expressed
	LOC_Os07g04580	Os07g0138400	Os07t0138400-01	CCCH-type zinc finger protein, Drought tolerance
	LOC_Os07g04590	Os07g0138500	Os07t0138500-00	Função desconhecida
	LOC_Os07g04600	Os07g0138700	Os07t0138700-00	*Hypothetical conserved gene

*Dados encontrados apenas no RICE UGA - <<http://rice.uga.edu/>>

5. CONCLUSÃO

Foram identificados nove marcadores SNPs associados as características de raiz, seis para comprimento e três para peso seco, usando a distância 10kb para cada lado. Dentre os genes associados com os marcadores de comprimento de raiz foram encontrados genes que codificam o fator de transcrição MYB (*Os02g0187700*), Cinamil álcool desidrogenase (*Os02g0187800*) e Cdk ativadora de quinase (*Os06g0171700*). Para peso seco de raiz podem-se citar os que codificam celulose sintase (*Os03g0808100*), proteína de transferência de lipídeos (*Os03g0808500*), quinase citoplasmática (*Os05g0454300*) e dedo zinco associado com tolerância à seca (*Os07g0138400*).

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABRASEM. Associação Brasileira de Sementes e Mudanças. Um Guia sobre Recursos Genéticos. Disponível em: < <https://worldseed.org/wp-content/uploads/2021/10/Guia-sobre-Recursos-Geneticos-ISF-Maio-2019-Final-1.pdf> >. Acesso em: 04 agosto 2023.

ABREU, A. de F.B. **Predição do potencial genético de populações segregantes do feijoeiro utilizando genitores inter-raciais**. Lavras: UFLA, 1997. 79p. (Tese – Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).

AMMIRAJU, J. S. S.; SONG, X.; LUO, M. The Oryza BAC resource: a genus-wide and genome scale tool for exploring rice genome evolution and leveraging useful genetic diversity from wild relatives. **Breeding Science**, Tóquio, v. 60, p. 536–543, 2010.

ARUMUNAGATHAN, K.; EARL, E.D. Nuclear DNA content of some important plant species. **Plant Mol Bio** v.9, p. 208-218, 1991.

BAUER, A.M.; REETZ, T.; LÉON, C.J. Estimation of Breeding Values of Inbred Lines using Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) and Genetic Similarities. **Crop Science**. v. 46, n. 6, p. 2685-2691, 2006.

BONSER, A. M; LYNCH, J; SNAPP, S. Effect of phosphorus deficiency on growth angle of basal roots in *Phaseolus vulgaris*. **New Phytol.** v. 132, n. 2, p. 281-8, 1996.

BORÉM, A. Melhoramento de plantas. **Viçosa: UFV**, 547p. 1997.

BOTELHO, F. B. S. Melhoramento genético do arroz em Minas Gerais: avanços e perspectivas. **Arroz: do campo à mesa. Informe Agropecuário, EPAMIG**, v. 39, p. 301, 2018.

BOTSTEIN, D.; WHITE, RL.; SKOLNICK, M.; DAVIS, RW. Construction of genetic linkage map using restriction fragment length polymorphisms. **Am J Hum Genet.** v. 32, p. 314–31, 1980.

BRADBURY, P.J.; ZHANG, Z.; KROON, D.E. TASSEL: software for association mapping of complex traits in diverse samples. **Bioinformatics**, v. 23, n. 19, p. 2633–2635, 2007.

CHANDRARATNA, M. F. Genetics and breeding of rice. **Genetics and breeding of rice.**, 1964.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. Produção de Arroz. Disponível em: <<http://www.conab.gov.br>> Acesso em 04 de agosto de 2023.

CONOMOS, M. Model-free estimation of recent genetic relatedness. **The American Journal of Human Genetics**, v. 98, n. 1, p. 127-148, 2016.

CORDEIRO, A. C. C. Métodos de melhoramento genético de arroz irrigado. **Boa Vista: Embrapa Roraima**. v. 1, n. 6, p. 64, 2008.

CORDERO-LARA, K. I.. Temperate japonica rice (*Oryza sativa* L.) breeding: History, present and future challenges. **Chil. j. agric. res.** v. 80, n. 2, p. 303-314, 2020.

COUNCE, P. A.; KEISLING, T. C.; MITCHELL, A. J. A uniform, objective, and adaptative system for expressing rice development. **Crop Science, Madison**, v.40, n.2, p.436-443, 2000.

COURTOIS, B.; AUDEBERT, A.; DARDOU, A.; ROQUES, S.; GHNEIM-HERRERA, T.; DROC, G.; FROUIN, J.; ROUAN, L.; GOZÉ, E.; KILIAN, A.; AHMADI, N.; DINGKUHN, M. Genome-Wide Association Mapping of Root Traits in a Japonica Rice Panel. **PLoS One**, v. 8, n.11, p. e78037. 2013.

CRUZ, C. D. Genética quantitativa e seleção recorrente na melhoria do arroz de terras altas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 40, n. 10, p. 967-975, 2005.

CRUZ, R. P. da. Exigências climáticas para a cultura do arroz irrigado. **Cachoeirinha: Irga/Estação Experimental**, Seção de Melhoramento Genético v. 11, 2010.

DAROS, M.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; PEREIRA, M. G.; SANTOS, F. S.; SCAPIM, C. A.; FREITAS JÚNIOR, S. P.; DAHER, R. F.; ÁVILA, M. R. Correlações entre caracteres agronômicos em dois ciclos de seleção recorrente em milho-pipoca. **Ciência Rural**. v. 34, n. 5, p. 1389-1394, 2004.

- Deng J.; Feng X.; Wang D.; Lu J.; Chong H.; Shang C.; Liu K.; Huang L.; Tian X.; Zhang Y. Root morphological traits and distribution in direct-seeded rice under dense planting with reduced nitrogen. **PLoS One**, v. 15, n. 9, p. e0238362. 2020.
- DORAIRAJ, D.; ISMAIL, M.R. Distribution of Silicified Microstructures, Regulation of Cinnamyl Alcohol Dehydrogenase and Lodging Resistance in Silicon and Paclobutrazol Mediated *Oryza sativa*. **Front Physiol.** v. 12, n. 8, p. 491, 2017.
- DOYLE, J.J.; DOYLE, J.L. Isolation of plant DNA from fresh tissue. **Focus**, v. 12, p. 13-15, 1990.
- DUARTE, J.B.; VENCOSKY, R. Estimación e predição por modelo linear misto com ênfase na ordenação de médias de tratamentos genéticos. **Scientia Agricola**, v. 58, n. 1, p. 109-17, 2001.
- EDQVIST, J.; BLOMQVIST, K.; NIEUWLAND, J.; SALMINEN, T.A. Plant lipid transfer proteins: are we finally closing in on the roles of these enigmatic proteins? **Journal of Lipid Research**. v. 59, n. 8, p. 1374-1382, 2018.
- FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION. **FAO rice market monitor**. Disponível em: < <https://www.fao.org/economic/est/publications/rice-publications/rice-market-monitor-rmm/en/> > Acesso em 05 de agosto 2023
- FULLER, D. Q. Agricultural origins and frontiers in South Asia: a working synthesis. **J. World Prehist.** V. 20, p. 1 – 86, 2006.
- GALLI, J.; TERRES, A.L.; GASTAL, F.L.C. Fundamentos para a Cultura do Arroz. **Campinas: Fundação Cargil**, p. 83-94, 1985.
- GAMUYAO, R.; CHIN, J. H.; PARIASCA-TANAKA, J.; PESARESI, P.; CATAUSAN, S.; DALID, C.; SLAMET-LOEDIN, I.; TECSON-MENDOZA, E. M.; WISSUWA, M; HEUER, S. The protein kinase Pstol1 from traditional rice confers tolerance of phosphorus deficiency. **Nature**, v. 488, n. 7412, p. 535-9, 2012.
- GOFF, S.A.; RICKE, D. LAN, T.; PRESTING, G.; WANG, R.; DUNN, M.; et al. A draft sequence of the rice genome (*Oryza sativa* L. *Ssp. japonica*). **Science**, v. 296, n. 5565, p. 92-100, 2002
- GONZÁLES, J.F. Origen, taxonomia y anatomia de la planta de arroz (*Oryza sativa* L.). In: TASCÓN, E.J.; GARCÍA, E.D. **Arroz: Investigación y Producción**. CIAT: Colombia, p. 45-80, 1985.

- GONZALO, MJ.; DA MAIA, LC.; NÁJERA, I.; BAIXAULI, C.; GIULIANO, G.; FERRANTE, P.; GRANELL, A.; ASINS, MJ.; MONFORTE, AJ. Genetic Control of Reproductive Traits under Different Temperature Regimes in Inbred Line Populations Derived from Crosses between *S. pimpinellifolium* and *S. lycopersicum* Accessions. **Plants**. v.11, n. 8, p. 1069, 2022
- GROVER A.; SHARMA PC. Development and use of molecular markers: past and present. **Critical Reviews in Biotechnology**, v. 36, n. 2, p.290-302, 2016.
- GU, M.; ZHANG, J.; LI, H.; MENG, D.; LI, R.; DAI, X.; WANG, S.; LIU, W.; QU, H.; XU, G. Maintenance of phosphate homeostasis and root development are coordinately regulated by MYB1, an R2R3-type MYB transcription factor in rice. **Journal of Experimental Botany**. v. 68, n. 13, p. 3603-3615, 2017.
- GUNASEKARAN, A.; SESHADRI, G.; RAMASAMY, S.; MUTHURAJAN, R.; KARUPPASAMY, KS. Identification of Newer Stable Genetic Sources for High Grain Number per Panicle and Understanding the Gene Action for Important Panicle Traits in Rice. **Plants**, v. 12, n. 2, p. 250, 2023.
- HAN, G.; QIAO, Z.; LI, Y.; WANG, C.; WANG, B. The Roles of CCCH Zinc-Finger Proteins in Plant Abiotic Stress Tolerance. **International Journal of Molecular Science**. v. 22, n. 15, p. 8327, 2021.
- HANLON, M.T.; VEJCHASARN, P.; FONTA, J.E.; SCHNEIDER, H.M.; MCCOUCH, S.R.; BROWN, K.M. Genome wide association analysis of root hair traits in rice reveals novel genomic regions controlling epidermal cell differentiation. **BMC Plant Biology**. v. 23, p. 6, 2023.
- HENDERSON, C. R. Best linear unbiased prediction under a selection model. **Biometrics**. v. 31, n. 2, p. 423–47, 1975.
- HENRY, A.; GOWDA, V.R.P.; TORRES, R.O.; MCNALLY, K.L.; SERRAJ, R. Variation in root system architecture and drought response in rice (*Oryza sativa*): Phenotyping of the OryzaSNP panel in rainfed lowland fields. **Field Crops Res**. v. 120, n. 2, p. 250-214, 2011.
- HIGHAM, C. & LU, T. The origins and dispersal of rice cultivation. **Antiquity**. v. 72, n. 278, p. 867-877, 1998.
- HU, H.; ZHANG, R.; TAO, Z.; LI, X.; LI, Y.; HUANG, J.; LI, X.; HAN, X.; FENG, S.; ZHANG, G.; PENG, L. Cellulose Synthase Mutants Distinctively Affect Cell

Growth and Cell Wall Integrity for Plant Biomass Production in Arabidopsis. **Plant Cell Physiology**, v. 59, n. 6, p. 1144-1157, 2018.

HUANG X.; WEI X.; SANG T.; ZHAO Q.; FENG Q.; ZHAO Y.; LI C.; ZHU C.; LU T.; ZHANG Z.; LI M.; FAN D.; GUO Y.; WANG A.; WANG L.; DENG L.; LI W.; LU Y.; WENG Q.; LIU K.; HUANG T.; ZHOU T.; JING Y.; LI W.; LIN Z.; BUCKLER ES.; QIAN Q.; ZHANG QF.; LI J.; HAN B. Genome-wide association studies of 14 agronomic traits in rice landraces. **Nature Genetics**. v. 42, n. 11, p. 961–7, 2010.

INTERNATIONAL RICE GENOME SEQUENCING PROJECT (IRGSP). The mapbased sequence of the rice genome. **Nature**, v. 436, n. 7052, p. 793-800, 2005.

JIANG, A.L.; XU, Z.S.; ZHAO, G.Y.; CUI, X.Y.; CHEN, M.; LI, L.C.; MA, Y.Z. Genome-Wide Analysis of the C3H Zinc Finger Transcription Factor Family and Drought Responses of Members in *Aegilops tauschii*. **Plant Molecular Biology Reporter**. v. 32, p. 1241–1256. 2014.

JUNIOR, J. P.; BLUMER, S. A introdução de germoplasma: uma contribuição ao melhoramento dos citros. **Citrus Research & Technology**, v. 27, n. 2, p. 341-354, 2006.

KANG, L.; TENG, Y.; CEN, Q.; FANG, Y.; TIAN, Q.; ZHANG, X.; WANG, H.; ZHANG, X.; XUE, D. Genome-Wide Identification of R2R3-MYB Transcription Factor and Expression Analysis under Abiotic Stress in Rice. **Plants**. v. 11, n. 15, p. 1928, 2022.

KAWAHARA, Y.; BASTIDE, M.; HAMILTON, JP.; KANAMORI, H.; MCCOMBIE, WR.; OUYANG, S.; SCHWARTZ, DC.; TANAKA, T.; WU, J.; ZHOU, S.; CHILDS, KL.; DAVIDSON, RM.; LIN, H.; QUESADA-OCAMPO, L.; VAILLANCOURT, B.; SAKAI, H.; LEE, SS.; KIM, J.; NUMA, H.; ITOH, T.; BUELL, CR.; MATSUMOTO, T. Improvement of the *Oryza sativa* Nipponbare reference genome using next generation sequence and optical map data. **Rice**, v.6, n. 1, p. 4, 2013.

KAWAI, T.; CHEN, Y.; TAKAHASHI, H.; INUKAI, Y.; SIDDIQUE KHM. Rice Genotypes Express Compensatory Root Growth With Altered Root Distributions in Response to Root Cutting. **Front in Plant Sci**. v. 13, p. 830577, 2022.

KAYSAR, M.S.; SARKER, U.K.; KHEYA, S.A.; HASAN, A.K.; HOSSAIN, M.A.; SOMADDAR, U.; SAHA, G.; CHAKI, A.K.; HASHEM, A.; ABD_ALLAH, E.F.;

UDDIN, M.R. Root system response and yield of irrigated rice in relation to irrigation, Potassium and Nitrogen under subtropical conditions. **Agronomy**. v. 13, n. 6, p.1626, 2023.

KAYSAR, MS.; SARKER, UK.; MONIRA, S.; HOSSAIN, MA.; HAQUE, MS.; SOMADDAR, U.; SAHA, G.; CHAKI, AK.; UDDIN, MR. Dissecting the relationship between root morphological traits and yield attributes in diverse rice cultivars under subtropical condition. **Life**, v. 12, n. 10, p. 1519, 2022.

KHUSH, G. S. Origin, dispersal, cultivation and variation of rice. **Plant Molecul. Biol.** v. 35, p. 25-34, 1997.

KIM Y.; CHUNG YS.; LEE E.; TRIPATHI P.; HEO S.; KIM KH. Root response to drought stress in rice (*Oryza sativa L.*). **International Journal of Molecular Sciences**, v. 21, n. 4, p. 1513, 2020.

KUMAR, A.; RAMAN, A.; YADAV, S.; VERULKAR, SB.; MANDAL, NP.; SINGH, ON.; SWAIN, P.; RAM, T.; BADR, J.; DWIVEDI, JL.; DAS, SP.; SINGH, SK.; SINGH, SP.; KUMAR, S.; JAIN, A.; CHANDRABABU, R.; ROBIN, S.; SHASHIDHAR, HE.; HITTALMANI, S.; SATYANARAYANA, P.; VENKATESHWARLU, C.; RAMAYYA, J.; NAIK, S.; NAYAK, S.; DAR, MH.; HOSSAIN, SM.; HENRY, A.; PIEPHO, HP. Genetic gain for rice yield in rainfed environments in India. **Field Crops Research**, v. 260, n. 1, p. 107977, 2021.

LI X.; GUO Z.; LV Y.; CEN X.; DING X.; WU H.; LI X.; HUANG J.; XIONG L. Genetic control of the root system in rice under normal and drought stress conditions by genome-wide association study. **PLoS Genet**, v. 13, n. 7, p. e1006889, 2017.

LISCHER, H. E. L.; EXCOFFIER, L. PGDSpider: an automated data conversion tool for connecting population genetics and genomics programs. **Bioinformatics**. v. 28, n, 2, p. 298–299, 2012.

LIU, K., CHEN, Y., LI, S., WANG, W., ZHANG, W., ZHANG, H., GU, J., YANG, J., LIU, L. Differing responses of root morphology and physiology to nitrogen application rates and their relationships with grain yield in rice. **The Crop Journal**. v. 11, n. 2, p. 618-627, 2023.

LU, Q.; ZHANG, M.; NIU, X.; WANG, S.; XU, Q.; FENG, Y.; WANG, C.; DENG, H.; YUAN, X.; YU, H.; WANG, Y.; WEI, X. Genetic variation and association

mapping for 12 agronomic traits in indica rice. **BMC Genomics**, v. 16, n. 1, p. 1-17, 2015.

MALECOT, G. Les mathematiques de l'heredite. **Publications de la Société Linnéenne de Lyon**, v. 17, n. 10, p. 203-203, 1948.

MATHER KA, CAICEDO AL, POLATO NR, OLSEN KM, MCCOUCH S, PURUGGANAN MD. The extent of linkage disequilibrium in rice (*Oryza sativa* L.). **Genetics**. v. 177, n.4, p. 2223-2232, 2007.

MENDES, R. F.; PEREIRA, C. E.; CAMPOS, M. C. C. Calagem em arroz cultivado em solos de terras altas do Sul do Amazonas. **Scientia Plena**. v. 18, n. 7, 2022.

MENG, B.; WANG, T.; LUO, Y.; GUO, Y.; XU, D.; LIU, C.; ZOU, J.; LI, L.; DIAO, Y.; GAO, Z.; HU, Z.; ZHENG X. Identification and Allele Combination Analysis of Rice Grain Shape-Related Genes by Genome-Wide Association Study. **International Journal of Molecular Sciences**. v. 23, n. 3, p.1065, 2022.

MENG, F.; XIANG, D.; ZHU, J.; Li, Y.; MAO, C. Molecular Mechanisms of Root Development in Rice. **Rice**. v.12, n. 1, p. 1, 2019.

NARDINI, A.; SALLEO, S.; TYREE, M. T. Ecological aspects of water permeability of roots. In: **Plant Roots**. CRC Press,. v. 3, p. 1069-1093, 2002

NELSON, WJ.; LEE, BC.; GASPERINI, FA.; HAIR, DM. Meeting the challenge of feeding 9 billion people safely and securely. **J. Agromedicine**, v. 17, n. 4, p. 347-350, 2012.

NTANOS, D.A.; KOUTROUBAS, S.D. Dry matter and N accumulation and translocation for Indica and Japonica rice under Mediterranean conditions. **Field Crops Research**, v.74, p.93-101, 2002.

OU, Y.; KUI, H.; LI, J. Receptor-like Kinases in Root Development: Current Progress and Future Directions. **Molecular Plant**. v. 14, n. 1, p. 166-185, 2021.

PANAHABADI, R.; AHMADIKHAH, A.; FARROKHI, N.; BAGHERI, N. Genome-wide association study (GWAS) of germination and post germination related seedling traits in rice. **Euphytica**, v. 218, n. 8, p. 112, 2022.

PARK, H.L.; KIM, T.L.; BHOO, S.H.; LEE, T.H.; LEE, S.W.; CHO, M.H. Biochemical Characterization of the Rice Cinnamyl Alcohol Dehydrogenase Gene Family. **Molecules**. v. 23, n. 10, p. 2659, 2018.

PHUNG, N.T.; MAI, C.D.; HOANG, G.T.; TRUONG, H.T.; LAVARENNE, J.; GONIN, M.; NGUYEN, K.L.; HÁ, T.T.; DO, V.N.; GANTET, P.; COURTOIS, B. Genome-wide association mapping for root traits in a panel of rice accessions from Vietnam. **BMC Plant Biol.** v. 10, n. 16, p. 64, 2016.

PIEPHO, H. P.; MOHRING, J.; MELCHINGER; BUCHSE, A. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. **Euphytica**, v. 161, n. 1-2, p. 209-228, 2008.

PURCELL, S.; NEALE, B.; TODD-BROWN, K.; THOMAS, L.; FERREIRA, M.A.R.; BENDER, D.; MALLER, J.; SKLAR, P.; DE BAKKER, P.I.W.; DALY, M.J.; SHAM, P.C. PLINK: a toolset for whole-genome association and population-based linkage analysis. **American Journal of Human Genetics.** v. 81, n. 3, p. 559-575, 2007.

QUELLER, D.C.; GOODNIGHT, K.F. Estimating Relatedness Using Genetic Markers. **Evolution.** v. 43, n. 2, p. 258-275, 1989.

RAHMAN BIN, A.N.M.R.; ZHANG, J. Trends in rice research: 2030 and beyond. **Food and Energy Security**, v.12, n.2, p. e390, 2022.

RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A.F.B.; SANTOS, J.B.; NUNES, J.A.R. Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas. Lavras: **Editora UFLA**, v. 1, p. 522, 2012.

RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B. dos; ZIMMERMANN, M.J. **Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro.** Goiânia: UFG, v. 1, p. 271, 1993

Rice Diversity Project, Cornell University, USA. Disponível em: <<http://www.ricediversity.org/>> Acesso em 04 de agosto de 2023.

ROBINSON, G.K. That BLUP is a Good Thing: The Estimation of Random Effects. **Statistical science**, v. 6, n. 1, p. 15-32. 1991.

ROSAL, C.J. de S. **Seleção precoce para a produtividade no feijoeiro (Phaseolus vulgaris L.).** (Dissertação – Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas). Lavras: UFLA, p. 50, 1999.

ROY, S. C.; SHIL, P. Assessment of genetic heritability in rice breeding lines based on morphological traits and caryopsis ultrastructure. **Scientific reports**, v. 10, n. 1, p. 7830, 2020.

SAS Institute Inc., SAS/STAT® 14.3 User's Guide. Cary, NC: SAS Institute Inc., 2017.

SOARES, A. A.; SOARES, P. C.; CASTRO, E. M.; MORAIS, O. P.; RANGEL, P. H.; REIS, M. S. Melhoria genética de arroz em Minas Gerais. **Informe Agropecuário**. v. 25, n. 222, p. 20-24, 2004.

SONG, J.; ARIF, M.; ZI, Y.; SZE, S.; ZHANG, M.; ZHANG, H. Molecular and genetic dissection of the USDA rice mini-core collection using high-density SPN markers. **Plant Sci**. v.308, p. 110910, 2021.

SOSBAI – SOCIEDADE SUL-BRASILEIRA DE ARROZ IRRIGADO. Arroz irrigado: Recomendações técnicas da pesquisa para o Sul do Brasil. In: **XXXII REUNIÃO TÉCNICA DA CULTURA DO ARROZ IRRIGADO**, Farroupilha. Anais. Cachoeirinha, p. 205, 2018.

SOSBAI (Sociedade Sul Brasileira de Arroz Irrigado). **Arroz Irrigado; recomendações técnicas da pesquisa para o Sul do Brasil**. Cachoeirinha, 2028.

SOUZA JÚNIOR, C. L. Melhoria de espécies alógamas. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S. de; VALADARES-INGLIS, M. C. (Ed.). **Recursos genéticos e melhoria de plantas**., p. 159-198, 2001.

STEIN, J. C.; YU, Y.; COPETTI, D.; ZWICKL, D. J.; ZHANG, L.; ZHANG, C.; CHOUGULE, K.; GAO, D.; IWATA, A.; GOICOECHEA, J.L. Genomes of 13 domesticated and wild rice relatives highlight genetic conservation, turnover and innovation across the genus *Oryza*. **Nat Genet**, v. 50, n. 2, p. 285, 2018.

STICCA, E. L.; BELBIN, G. M.; GIGNOUX, C. R. Current developments in detection of identity-by-descent methods and applications. **Frontiers in Genetics**, v. 12, p. 722602, 2021.

STONE, L. F.; PINHEIRO, B. da S. O arroz sob irrigação suplementar por aspersão. Breseghello F, Stone LF. Tecnologia para o arroz de terras altas. Santo Antônio de Goiás, **Embrapa Arroz e Feijão**. 161p, 1998.

STRECK, E. A. **Contribuição Genética do Melhoria de Arroz Irrigado de Terras Baixas para o Rio Grande do Sul**. 146 f. Tese (Doutorado em

Ciências) - Programa de PósGraduação em Agronomia, Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS, 2017.

TAKEHISA, H.; SATO, Y.; IGARASHI, M.; ABIKO, T.; ANTONIO, B. A.; KAMATSUKI, K.; MINAMI, H.; NAMIKI, N.; INUKAI, Y.; NAKAZONO, M. Genomewide transcriptome dissection of the rice root system: implications for developmental and physiological functions. **The Plant Journal**, Michigan, v. 69, n. 1, p. 126-140, 2012.

THOMSON, MJ.; SINGH, N.; DWIYANTI, MS.; WANG, DR.; WRIGHT, MH.; PEREZ, FA.; DECLERCK, G.; CHIN, JH.; MALITIC-LAYAOEN, GA.; JUANILLAS, VM.; DILLA-ERMITA, CJ.; MAULEON, R.; KRETZSCHMAR, T.; MCCOUCH, SR. Large-scale deployment of a rice 6 K SNP array for genetics and breeding applications. **Rice**. v.10, n. 1, p. 40, 2017.

TOBIAS, C.M.; CHOW, E.K. Structure of the cinnamyl-alcohol dehydrogenase gene family in rice and promoter activity of a member associated with lignification. **Planta**. v. 220, n. 5, p. 678-88. 2005.

TOLEDO, M.C.; LEE, J.S.; BATISTA, B.L.; OLYMPIO, K.P.K.; NARDOCCI, A.C. Exposure to Inorganic Arsenic in Rice in Brazil: A Human Health Risk Assessment. **International Journal of Environment Research and Public Health**. 19(24):16460. 2022.

TURCHETTO-ZOLET, A. C.; TURCHETTO, C. ZANELLA, C. M.; PASSAIA, G. Marcadores moleculares na era genômica: metodologias e aplicações. **Editores SBG**. v. 1, p. 181, 2017.

UGA, Y.; SUGIMOTO, K.; OGAWA, S.; RANE, J.; ISHITANI, M.; HARA, N.; KITOMI, Y.; INUKAI, Y.; ONO, K.; KANNO, N.; INOUE, H.; TAKEHISA, H.; MOTOYAMA, R.; NAGAMURA, Y.; WU, J.; MATSUMOTO, T.; TAKAI, T.; OKUNO, K.; YANO, M. Control of root system architecture by DEEPER ROOTING 1 increases rice yield under drought conditions. **Nat Genet**. v. 45, n. 9, p. 1097-102, 2013.

UMEDA, M.; SHIMOTOHNO, A.; YAMAGUCHI, M. Control of Cell Division and Transcription by Cyclin-dependent Kinase-activating Kinases in Plants. **Plant and Cell Physiology**. v. 46. N. 9, p. 1437–1442, 2005.

USDA, 2023. Disponível em: <<https://www.canalrural.com.br/radar/arroz-usda-preve-safra-mundial-2022-23-em-50297-mi-t-de-beneficiado/>> Acesso em 05 de agosto 2023

VAUGHAN, D. A.; MORISHIMA, H. Biosystematics of the genus *Oryza*. **Rice: origin, history, technology, and production**, v. 27, p. 65, 2003.

VOS, P. G.; PAULO, M. J.; VOORRIPS, R. E.; VISSER, R.G.; VAN, ECK H. J.; VAN, EEUWIJK F. A. Evaluation of LD decay and various LD-decay estimators in simulated and SNP–array data of tetraploid potato. **Theor Appl Genet**. v. 130, n. 1, p. 123-135, 2017.

WANG, J. Coancestry: a program for simulating, estimating and analysing relatedness and inbreeding coefficients. **Molecular Ecology Resources**. v. 11, n.1, p. 141-145, 2011.

WANG, J. Estimating pairwise relatedness in a small sample of individuals. **Heredity**, v. 119, n. 5, p. 302-313, 2017.

WANG, X.; WU, R.; SHEN, T.; LI, Z.; LI, C.; WU, B.; JIANG, H.; ZHAO, G. An R2R3-MYB Transcription Factor OsMYBAS1 Promotes Seed Germination under Different Sowing Depths in Transgenic Rice. **Plants**. v. 11, n. 1, p. 139, 2022.

WATANABE, Y.; MATSUO, T.; FUTSUHARA, Y.; KIKUCHI, F.; YAMAGUCHI, H. Genomic constitution of genus *Oryza sativa*. In: MATSOU, T, et al. (Ed.) Science of the Rice Plant: **Genetics**. Tokyo: Food and Agriculture Policy Research Center, v.3, p. 29-39, 1997.

WRIGHT, S. Systems of Mating. V. General Considerations. **Genetics**. v. 6, n. 2, p. 111-78, 1921.

XIANG, J.; ZHANG, C.; WANG, N.; LIANG, Z.; ZHENZHEN, Z.; LIANG, L.; YUAN, H.; SHI, Y. Genome-Wide Association Study Reveals Candidate Genes for Root-Related Traits in Rice. **Current Issues in Molecular Biology** , v. 44, n. 10, p. 4386-4405, 2022.

XIN, W.; LIU, H.; ZHAO, H.; WANG, J.; ZHENG, H.; JIA, Y.; YANG, L.; WANG X.; LI, J.; LI, X.; LEI, L.; ZOU, D. The response of grain yield and root morphological and physiological traits to nitrogen levels in paddy rice. **Frontiers in Plant Science**, v. 31, n. 12, p. 713814, 2021.

XU, X.; YE, J.; YANG, Y.; ZHANG, M.; XU, Q.; FENG, Y.; YUAN, X.; YU, H.; WANG, Y.; YANG, Y.; WEI, X. Genome-Wide Association Study of Rice Rooting Ability at the Seedling Stage. **Rice**. v. 13, n. 1, p. 59, 2020.

YAN, Y.; DING, C.; ZHANG, G.; HU, J.; ZHU, L.; ZENG, D.; QIAN, Q. Genetic and environmental control of rice tillering. **The Crop Journal**. 2023.

YANG, J.; ZHANG, H.; ZHANG, J. Root Morphology and Physiology in Relation to the Yield Formation of Rice. **Journal of Integrative Agriculture**. v. 11, n.6, p. 920-926, 2012.

YOSHIDA, S. Fundamentals of rice crop science. **The International Rice Research Institute**, Phillipines, p. 269. 1981.

YU, J.; HU, S.; WANG, J.; WONG, G. K.; LI, S.; LIU, B.; et al. A Draft Sequence of the Rice Genome (*Oryza sativa L. ssp. indica*). **Science**, v. 296, n. 5565, p. 79–92, 2002.

ZHANG, G.; WANG, R.; MA, J.; GAO, H.; DENG, L.; WANG, N.; WANG, Y.; ZHANG, J.; LI, K.; ZHANG, W.; UM, F.; LIU, H.; WANG Y. Genome-wide association studies of yield-related traits in high-latitude japonica rice. **BMC Genom Data**, v. 22, p. 39. 2021.

ZHANG, H.; SAN, ML.; JANG, SG.; LEE, JH.; KIM, NE.; LEE, AR.; PARK, SY.; CAO, FY.; CHIN, JH.; KWON, SW. Genome-Wide Association Study of Root System Development at Seedling Stage in Rice. **Genes (Basel)**. v. 11, n. 12, p. 1395, 2020.

ZHAO, J. H.; LUAN, J.; LOOS, R. J. F.; WAREHAM N. ON GENOTYPE-PHENOTYPE ASSOCIATION USING SAS. **Proceedings of the IASTED International Conference**, Cambridge-United Kingdom, p. 428-433, 2011.

ZHAO, Y.; ZHANG, H.; XU, J.; JIANG, C.; YIN, Z.; XIONG, H.; XIE, J.; WANG, X.; ZHU, X.; LI, Y.; ZHAO, W.; RASHID, MAR.; LI, J.; WANG, W.; FU, B.; YE, G.; GUO, Y.; HU, Z.; LI, Z. Loci and natural alleles underlying robust roots and adaptive domestication of upland ecotype rice in aerobic conditions. **PLoS Genet**, v. 14, n. 8, p. e1007521, 2018.

ZORIĆ, M.; GUNJAČA, J.; GALIĆ, V.; JUKIĆ, G.; VARNICA, I.; ŠIMIĆ, D. Best Linear Unbiased Predictions of Environmental Effects on Grain Yield in Maize Variety Trials of Different Maturity Groups. **Agronomy**. v. 12, n. 4, p. 922, 2022.

ANEXO 01

Ordem	Genótipos	Bloco	Média de comprimento (cm)	Média Peso Seco (g)
1	M 250/1-425	1	19.83	3.49
1	M 250/1-425	2	15.63	2.22
1	M 250/1-425	3	17.90	5.34
2	M 250/1-498	1	21.40	2.66
2	M 250/1-498	2	18.53	3.04
2	M 250/1-498	3	17.80	3.50
3	M 250/1-519	1	22.30	3.69
3	M 250/1-519	2	18.50	3.02
3	M 250/1-519	3	23.30	2.98
4	M 250/1-636	1	28.25	13.42
4	M 250/1-636	2	15.40	5.03
4	M 250/1-636	3	20.00	3.59
5	M 300/2-267	1	24.20	4.69
5	M 300/2-267	2	16.55	2.63
5	M 300/2-267	3	18.63	3.80
6	Agulhão	1	14.63	1.43
6	Agulhão	2	16.70	3.07
6	Agulhão	3	17.00	2.19
7	Aliança	1	15.57	6.67
7	Aliança	2	20.20	4.43
7	Aliança	3	20.07	4.66
8	Amaroo	1	28.73	9.59
8	Amaroo	2	15.70	2.61
8	Amaroo	3	20.53	2.46
9	Ambar	1	28.50	13.60
9	Ambar	2	21.87	3.97

9	Ambar	3	25.13	8.90
10	Arbório	1	10.00	5.73
10	Arbório	2	24.57	4.76
10	Arbório	3	13.03	3.14
11	Arroz da Terra	1	19.53	6.66
11	Arroz da Terra	2	21.30	11.85
11	Arroz da Terra	3	19.07	6.10
12	Arroz do seco	1	15.95	1.11
12	Arroz do seco	2	20.43	5.16
12	Arroz do seco	3	14.60	2.20
13	Artiglio	1	12.85	2.34
13	Artiglio	2	23.00	4.15
13	Artiglio	3	12.10	1.61
14	Austral	1	20.37	4.16
14	Austral	2	20.55	1.82
14	Austral	3	14.73	3.33
15	Basmat 370	1	21.95	5.63
15	Basmat 370	2	22.35	15.33
15	Basmat 370	3	18.83	2.10
16	Batatais Coimbra	1	17.43	3.03
16	Batatais Coimbra	2	19.10	3.53
16	Batatais Coimbra	3	14.67	1.73
17	Belle Patna	1	13.90	2.33
17	Belle Patna	2	18.95	2.37
17	Belle Patna	3	22.83	7.41
18	Bico Preto	1	19.60	2.34
18	Bico Preto	2	21.25	2.09
18	Bico Preto	3	21.45	3.58
19	Bico Torto	1	14.03	1.85
19	Bico Torto	2	16.87	3.84
19	Bico Torto	3	18.80	2.19
20	Bluebonnet	1	19.50	1.29
20	Bluebonnet	2	18.87	7.01
20	Bluebonnet	3	18.47	2.84
21	Bolinha/Catetinho	1	16.87	7.53
21	Bolinha/Catetinho	2	19.43	3.77
21	Bolinha/Catetinho	3	15.77	2.58

22	BR/IRGA 409	1	11.50	1.67
22	BR/IRGA 409	2	19.37	2.28
22	BR/IRGA 409	3	14.73	4.28
23	BR/IRGA 410	1	21.10	1.87
23	BR/IRGA 410	2	23.60	6.29
23	BR/IRGA 410	3	14.25	3.27
24	BR/IRGA 411	1	15.70	1.71
24	BR/IRGA 411	2	16.10	3.33
24	BR/IRGA 411	3	18.00	4.28
25	BR/IRGA 412	1	16.37	1.21
25	BR/IRGA 412	2	17.03	4.87
25	BR/IRGA 412	3	15.70	1.63
26	BR/IRGA 413	1	20.70	2.04
26	BR/IRGA 413	2	21.67	2.32
26	BR/IRGA 413	3	21.63	4.76
27	BRS/IRGA 414	1	17.50	6.52
27	BRS/IRGA 414	2	16.17	2.00
27	BRS/IRGA 414	3	19.60	3.67
28	BR/IRGA 416	1	14.65	3.46
28	BR/IRGA 416	2	16.95	1.89
28	BR/IRGA 416	3	15.50	2.27
29	IRGA 421	1	16.63	1.15
29	IRGA 421	2	11.25	2.49
29	IRGA 421	3	14.50	1.36
30	IRGA 422 CL	1	17.00	2.47
30	IRGA 422 CL	2	16.00	3.55
30	IRGA 422 CL	3	15.33	0.75
31	IRGA 423	1	22.63	3.76
31	IRGA 423	2	20.50	4.98
31	IRGA 423	3	15.23	2.57
32	IRGA 431 CL	1	14.07	1.71
32	IRGA 431 CL	2	23.50	1.94
32	IRGA 431 CL	3	14.97	1.74
33	Brilhante	1	23.67	3.23
33	Brilhante	2	12.87	2.67
33	Brilhante	3	26.25	3.93
34	BRS 358	1	17.60	4.66

34	BRS 358	2	21.17	11.31
34	BRS 358	3	12.37	3.83
35	BRS 6 Chui	1	17.43	2.58
35	BRS 6 Chui	2	18.67	2.39
35	BRS 6 Chui	3	15.83	2.97
36	BRS 7 Taim	1	21.40	3.10
36	BRS 7 Taim	2	26.77	4.26
36	BRS 7 Taim	3	15.90	2.89
37	BRS A702 CL	1	18.65	1.40
37	BRS A702 CL	2	17.67	2.23
37	BRS A702 CL	3	16.37	3.21
38	BRS A901	1	18.25	20.67
38	BRS A901	2	12.25	4.94
38	BRS A901	3	19.73	4.62
39	BRS AG	1	20.73	2.78
39	BRS AG	2	17.00	4.76
39	BRS AG	3	14.40	3.57
40	BRS Agrisul	1	19.93	5.25
40	BRS Agrisul	2	18.63	2.13
40	BRS Agrisul	3	21.33	5.37
41	BRS Alvorada	1	15.93	15.98
41	BRS Alvorada	2	19.53	4.48
41	BRS Alvorada	3	19.33	9.37
42	BRS Apinajé	1	19.43	4.58
42	BRS Apinajé	2	21.57	3.11
42	BRS Apinajé	3	18.13	1.56
43	BRS Aroma	1	22.45	2.66
43	BRS Aroma	2	19.90	1.73
43	BRS Aroma	3	25.50	6.57
44	BRS Atalanta	1	21.80	3.88
44	BRS Atalanta	2	22.50	5.48
44	BRS Atalanta	3	16.25	5.09
45	BRS Bojuru	1	12.00	2.92
45	BRS Bojuru	2	15.67	3.03
45	BRS Bojuru	3	17.80	5.37
46	BRS Bonança	1	20.27	3.34
46	BRS Bonança	2	19.50	4.22

46	BRS Bonança	3	20.60	5.18
47	BRS Catiana	1	23.20	3.45
47	BRS Catiana	2	19.90	2.32
47	BRS Catiana	3	25.97	6.65
48	BRS CIRAD 302	1	22.57	6.84
48	BRS CIRAD 302	2	24.17	2.66
48	BRS CIRAD 302	3	14.13	1.03
49	BRS Colosso	1	15.00	1.70
49	BRS Colosso	2	12.80	2.76
49	BRS Colosso	3	16.00	6.42
50	BRS Esmeralda	1	16.07	4.16
50	BRS Esmeralda	2	21.40	6.31
50	BRS Esmeralda	3	15.53	2.22
51	BRS Formoso	1	19.47	3.60
51	BRS Formoso	2	22.23	5.13
51	BRS Formoso	3	15.10	3.48
52	BRS Fronteira	1	14.63	3.09
52	BRS Fronteira	2	18.40	3.88
52	BRS Fronteira	3	15.33	3.83
53	BRS Jaçanã	1	21.35	4.85
53	BRS Jaçanã	2	21.83	3.56
53	BRS Jaçanã	3	24.93	2.44
54	BRS Ligeirinho	1	21.73	7.22
54	BRS Ligeirinho	2	20.07	4.77
54	BRS Ligeirinho	3	15.00	4.31
55	BRSMA357	1	21.63	4.34
55	BRSMA357	2	19.60	2.87
55	BRSMA357	3	19.57	5.14
56	BRSMG Caravera	1	18.27	4.74
56	BRSMG Caravera	2	19.03	2.11
56	BRSMG Caravera	3	16.90	5.78
57	BRSMG Predileta	1	24.10	10.95
57	BRSMG Predileta	2	21.15	3.70
57	BRSMG Predileta	3	16.43	5.40
58	BRS Monarca	1	19.53	9.39
58	BRS Monarca	2	17.07	3.57
58	BRS Monarca	3	21.00	4.70

59	BRS Ouro Minas	1	17.20	4.73
59	BRS Ouro Minas	2	24.35	3.40
59	BRS Ouro Minas	3	23.90	9.30
60	BRS Pampa	1	17.27	1.01
60	BRS Pampa	2	17.07	1.67
60	BRS Pampa	3	14.63	3.27
61	BRS Pampeira	1	11.00	2.20
61	BRS Pampeira	2	14.80	3.44
61	BRS Pampeira	3	18.57	4.02
62	BRS Pelota	1	17.90	2.15
62	BRS Pelota	2	21.47	2.35
62	BRS Pelota	3	19.00	3.55
63	BRS Pepita	1	14.13	1.88
63	BRS Pepita	2	21.90	5.55
63	BRS Pepita	3	19.60	2.71
64	BRS Primavera	1	18.50	2.73
64	BRS Primavera	2	16.93	3.91
64	BRS Primavera	3	19.33	4.08
65	BRS Querência	1	25.00	6.43
65	BRS Querência	2	21.87	2.59
65	BRS Querência	3	18.10	6.01
66	BRS Roraima	1	15.05	1.96
66	BRS Roraima	2	23.75	6.22
66	BRS Roraima	3	21.00	3.33
67	BRS Sertaneja	1	21.20	2.49
67	BRS Sertaneja	2	20.30	1.30
67	BRS Sertaneja	3	23.07	4.44
68	BRS Sinuelo CL	1	18.80	1.68
68	BRS Sinuelo CL	2	16.00	4.01
68	BRS Sinuelo CL	3	13.00	1.32
69	BRS Tropical	1	15.07	4.36
69	BRS Tropical	2	19.17	2.19
69	BRS Tropical	3	18.20	5.64
70	BRS A701 CL	1	23.97	6.71
70	BRS A701 CL	2	24.70	2.76
70	BRS A701 CL	3	15.97	1.58
71	BRS GO Guar	1	16.17	6.58

71	BRSGO Guar	2	17.57	4.36
71	BRSGO Guar	3	18.55	5.35
72	BRSGO Serra dourada	1	21.50	1.38
72	BRSGO Serra dourada	2	21.50	8.57
72	BRSGO Serra dourada	3	12.17	0.94
73	BRSMG Conai	1	12.87	0.84
73	BRSMG Conai	2	19.37	3.10
73	BRSMG Conai	3	17.37	1.24
74	BRSMG Relmpago	1	14.00	1.53
74	BRSMG Relmpago	2	20.20	2.57
74	BRSMG Relmpago	3	17.47	2.06
75	BRSMG Rubelita	1	20.45	4.44
75	BRSMG Rubelita	2	15.00	4.20
75	BRSMG Rubelita	3	18.80	3.49
76	BRSMG Seleta	1	18.70	6.22
76	BRSMG Seleta	2	17.00	2.36
76	BRSMG Seleta	3	14.55	3.12
77	Cachinho	1	23.23	4.34
77	Cachinho	2	24.23	12.84
77	Cachinho	3	19.50	2.18
78	Cacho Grande	1	18.80	2.26
78	Cacho Grande	2	17.70	2.04
78	Cacho Grande	3	21.40	7.29
79	Caiap	1	16.60	1.77
79	Caiap	2	20.30	3.48
79	Caiap	3	19.00	8.00
80	Canastra	1	15.45	2.68
80	Canastra	2	18.07	2.78
80	Canastra	3	14.00	1.19
81	Carajs	1	10.30	0.75
81	Carajs	2	16.20	4.12
81	Carajs	3	24.30	4.14
82	Carnaroli	1	19.30	1.46
82	Carnaroli	2	16.33	8.36
82	Carnaroli	3	15.20	1.90
83	Chatinho	1	18.60	6.52
83	Chatinho	2	18.50	10.65

83	Chatinho	3	15.77	1.52
84	CICA 8	1	26.00	9.57
84	CICA 8	2	19.50	4.23
84	CICA 8	3	17.97	3.04
85	CICA 9	1	35.50	6.03
85	CICA 9	2	16.47	1.07
85	CICA 9	3	16.63	2.32
86	Cina	1	19.70	3.14
86	Cina	2	26.90	8.04
86	Cina	3	17.60	5.58
87	Dawn	1	15.00	2.48
87	Dawn	2	15.57	3.28
87	Dawn	3	16.90	2.33
88	Dee-Geo-Woo-Ten	1	14.30	2.07
88	Dee-Geo-Woo-Ten	2	18.47	7.12
88	Dee-Geo-Woo-Ten	3	17.60	3.49
89	Diamante	1	16.00	6.94
89	Diamante	2	21.65	8.66
89	Diamante	3	21.30	10.41
90	EEA 406	1	12.63	4.19
90	EEA 406	2	19.30	3.86
90	EEA 406	3	17.60	3.16
91	Empasc 100	1	21.50	4.90
91	Empasc 100	2	27.35	3.34
91	Empasc 100	3	22.00	1.60
92	Empasc 101	1	20.13	2.63
92	Empasc 101	2	21.53	3.39
92	Empasc 101	3	15.00	3.79
93	Empasc 102	1	19.70	3.67
93	Empasc 102	2	20.20	2.91
93	Empasc 102	3	15.90	4.77
94	Empasc 103	1	15.70	3.18
94	Empasc 103	2	13.30	2.00
94	Empasc 103	3	14.60	8.43
95	Empasc 104	1	22.43	7.52
95	Empasc 104	2	16.05	1.43
95	Empasc 104	3	21.53	1.65

96	Empasc 105	1	17.43	5.71
96	Empasc 105	2	20.40	9.24
96	Empasc 105	3	13.45	3.82
97	Epagri 106	1	11.80	1.17
97	Epagri 106	2	21.80	3.71
97	Epagri 106	3	20.67	2.62
98	Epagri 107	1	23.60	5.96
98	Epagri 107	2	19.73	4.47
98	Epagri 107	3	17.90	4.57
99	Epagri 108	1	22.33	3.35
99	Epagri 108	2	19.63	3.02
99	Epagri 108	3	15.37	3.93
100	Epagri 109	1	14.65	4.46
100	Epagri 109	2	19.90	8.65
100	Epagri 109	3	17.30	4.14
101	Farroupilha	1	21.03	3.01
101	Farroupilha	2	18.40	3.35
101	Farroupilha	3	17.17	2.33
102	Fernandes	1	13.30	1.29
102	Fernandes	2	19.10	1.87
102	Fernandes	3	20.30	3.71
103	Guaporé	1	13.75	2.49
103	Guaporé	2	16.90	4.54
103	Guaporé	3	15.40	1.99
104	Guri Inta CL	1	16.15	7.87
104	Guri Inta CL	2	23.43	6.98
104	Guri Inta CL	3	16.47	5.48
105	I GEO TSE	1	15.00	2.03
105	I GEO TSE	2	19.50	3.01
105	I GEO TSE	3	15.20	3.22
106	IAC 101	1	22.67	1.28
106	IAC 101	2	21.25	13.89
106	IAC 101	3	17.90	4.57
107	IAC 114	1	11.73	3.09
107	IAC 114	2	22.07	2.27
107	IAC 114	3	15.37	3.93
108	IAC 165	1	14.27	2.26

108	IAC 165	2	19.00	3.11
108	IAC 165	3	15.40	2.44
109	IAC 201	1	15.53	3.65
109	IAC 201	2	21.60	2.81
109	IAC 201	3	14.70	4.91
110	IAC 202	1	14.57	5.22
110	IAC 202	2	19.10	3.67
110	IAC 202	3	14.77	4.78
111	IAC 203	1	19.65	4.84
111	IAC 203	2	19.75	3.00
111	IAC 203	3	20.30	3.28
112	IAC 25	1	13.10	0.97
112	IAC 25	2	14.27	1.53
112	IAC 25	3	15.13	2.72
113	IAC 301	1	16.15	2.66
113	IAC 301	2	18.57	5.52
113	IAC 301	3	16.70	4.20
114	IAC 400	1	18.03	1.77
114	IAC 400	2	15.30	0.85
114	IAC 400	3	15.93	1.41
115	IAC 47	1	11.10	2.93
115	IAC 47	2	17.93	2.22
115	IAC 47	3	26.50	2.32
116	IAC 500	1	21.17	1.94
116	IAC 500	2	20.00	3.70
116	IAC 500	3	15.87	3.34
117	IAC 600	1	16.60	6.36
117	IAC 600	2	17.37	2.62
117	IAC 600	3	15.97	2.84
118	IAS 12-9 Formosa	1	15.20	3.89
118	IAS 12-9 Formosa	2	19.23	2.90
118	IAS 12-9 Formosa	3	21.05	1.35
119	IR 8	1	33.00	6.54
119	IR 8	2	19.63	5.02
119	IR 8	3	19.70	5.03
120	IRAT 124	1	18.90	6.61
120	IRAT 124	2	13.05	3.56

120	IRAT 124	3	16.87	6.42
121	IRAT 162	1	14.53	6.17
121	IRAT 162	2	16.27	2.57
121	IRAT 162	3	16.15	3.56
122	IRGA 417	1	20.53	2.16
122	IRGA 417	2	19.70	2.16
122	IRGA 417	3	15.50	3.05
123	IRGA 418	1	18.93	9.10
123	IRGA 418	2	17.50	4.87
123	IRGA 418	3	17.20	2.74
124	IRGA 419	1	20.80	1.69
124	IRGA 419	2	23.10	2.43
124	IRGA 419	3	22.40	3.24
125	IRGA 420	1	25.73	7.00
125	IRGA 420	2	17.23	1.93
125	IRGA 420	3	13.90	2.63
126	IRGA 424 CL	1	23.75	4.22
126	IRGA 424 CL	2	16.53	2.31
126	IRGA 424 CL	3	14.50	2.38
127	IRGA 427	1	11.60	1.08
127	IRGA 427	2	18.40	5.12
127	IRGA 427	3	16.85	4.11
128	IRGA 428	1	13.70	3.06
128	IRGA 428	2	18.50	10.50
128	IRGA 428	3	14.63	2.73
129	IRGA 429	1	23.70	8.96
129	IRGA 429	2	21.30	5.99
129	IRGA 429	3	20.10	4.30
130	Japonês de Várzea	1	19.77	6.60
130	Japonês de Várzea	2	26.00	7.71
130	Japonês de Várzea	3	18.47	4.54
131	Jasmine	1	14.50	2.13
131	Jasmine	2	20.15	6.50
131	Jasmine	3	21.20	3.04
132	Jasmine 85	1	14.50	3.77
132	Jasmine 85	2	13.50	3.78
132	Jasmine 85	3	18.00	1.81

133	Koschihikari	1	10.47	3.52
133	Koschihikari	2	26.35	7.22
133	Koschihikari	3	20.10	3.41
134	Lacassine	1	27.75	2.31
134	Lacassine	2	20.30	2.56
134	Lacassine	3	12.40	1.44
135	Lemont	1	20.65	2.52
135	Lemont	2	18.63	4.79
135	Lemont	3	15.97	3.56
136	M1150	1	19.10	1.08
136	M1150	2	15.90	1.91
136	M1150	3	14.40	2.54
137	M1313	1	17.37	2.55
137	M1313	2	19.63	3.71
137	M1313	3	13.53	2.65
138	M1410	1	19.57	1.49
138	M1410	2	21.50	12.69
138	M1410	3	16.87	4.15
139	Meio Chumbinho	1	18.35	7.97
139	Meio Chumbinho	2	18.33	1.35
139	Meio Chumbinho	3	17.00	2.42
140	Metica 1	1	15.53	4.89
140	Metica 1	2	20.53	7.16
140	Metica 1	3	19.80	10.73
141	BRS A902	1	28.95	8.61
141	BRS A902	2	20.97	3.79
141	BRS A902	3	17.80	2.63
142	Mogi	1	14.87	2.13
142	Mogi	2	22.75	4.67
142	Mogi	3	16.17	1.95
143	Nowrin Mochi	1	14.00	1.93
143	Nowrin Mochi	2	17.95	7.13
143	Nowrin Mochi	3	16.35	2.25
144	OR 63-252	1	17.30	5.33
144	OR 63-252	2	16.97	2.76
144	OR 63-252	3	13.93	2.18
145	Oryzica 1	1	18.10	4.62

145	Oryzica 1	2	20.40	23.36
145	Oryzica 1	3	25.87	5.83
146	Peta	1	18.65	8.29
146	Peta	2	17.93	5.46
146	Peta	3	19.37	1.95
147	Puitá INTA-CL	1	13.20	4.45
147	Puitá INTA-CL	2	21.33	3.90
147	Puitá INTA-CL	3	16.17	7.18
148	Qualimax	1	15.50	0.75
148	Qualimax	2	19.83	9.90
148	Qualimax	3	13.50	1.63
149	Reetz	1	17.50	7.30
149	Reetz	2	17.70	3.38
149	Reetz	3	21.33	2.62
150	Rexoro	1	21.90	4.20
150	Rexoro	2	25.73	5.97
150	Rexoro	3	14.23	2.63
151	Sambuc	1	19.60	1.51
151	Sambuc	2	14.73	4.55
151	Sambuc	3	21.50	1.65
152	SC 173	1	24.80	16.10
152	SC 173	2	18.65	14.85
152	SC 173	3	14.70	2.91
153	SC 460	1	16.77	9.74
153	SC 460	2	16.53	7.48
153	SC 460	3	16.17	1.04
154	SCS 114 Andosan	1	22.65	15.57
154	SCS 114 Andosan	2	20.50	9.98
154	SCS 114 Andosan	3	14.53	5.35
155	SCS 115 CL	1	16.17	3.54
155	SCS 115 CL	2	15.57	2.50
155	SCS 115 CL	3	22.50	5.24
156	SCS 116 Satoru	1	18.25	7.06
156	SCS 116 Satoru	2	19.50	9.07
156	SCS 116 Satoru	3	12.30	1.54
157	SCS 117 CL	1	14.70	11.42
157	SCS 117 CL	2	21.60	5.18

157	SCS 117 CL	3	17.03	15.02
158	SCS 118 Marques	1	13.15	4.58
158	SCS 118 Marques	2	27.03	6.58
158	SCS 118 Marques	3	16.73	3.95
159	SCS 119 Rubi	1	12.57	4.53
159	SCS 119 Rubi	2	25.55	4.34
159	SCS 119 Rubi	3	17.63	3.77
160	SCS 120 Ônix	1	11.97	2.33
160	SCS 120 Ônix	2	19.20	10.30
160	SCS 120 Ônix	3	15.28	6.30
161	SCS 121 CL	1	17.23	1.80
161	SCS 121 CL	2	20.60	6.64
161	SCS 121 CL	3	23.60	1.82
162	SCS 122 Muíra	1	13.83	2.81
162	SCS 122 Muíra	2	20.33	6.45
162	SCS 122 Muíra	3	14.43	4.86
163	SCS 123 Perola	1	18.13	4.26
163	SCS 123 Perola	2	18.57	20.66
163	SCS 123 Perola	3	17.60	10.28
164	SCS 124 Sardo	1	15.40	4.73
164	SCS 124 Sardo	2	20.30	5.74
164	SCS 124 Sardo	3	17.70	5.34
165	SCS BRS 111	1	11.93	5.06
165	SCS BRS 111	2	18.90	5.98
165	SCS BRS 111	3	17.73	2.03
166	SCS BRS Pantaneira	1	17.27	2.77
166	SCS BRS Pantaneira	2	22.40	6.03
166	SCS BRS Pantaneira	3	15.83	3.59
167	SCS BRS Piracema	1	21.00	13.70
167	SCS BRS Piracema	2	18.30	5.26
167	SCS BRS Piracema	3	20.10	6.93
168	SCS BRS Tio Taka	1	18.81	1.73
168	SCS BRS Tio Taka	2	17.43	2.22
168	SCS BRS Tio Taka	3	21.00	3.01
169	SCS 112	1	15.70	4.58
169	SCS 112	2	20.63	6.32
169	SCS 112	3	19.97	2.41

170	Selenio	1	13.40	1.86
170	Selenio	2	19.67	4.18
170	Selenio	3	25.73	2.38
171	Sirio	1	11.07	0.39
171	Sirio	2	19.27	5.04
171	Sirio	3	18.63	2.77
172	Tetep	1	16.67	12.91
172	Tetep	2	22.27	15.68
172	Tetep	3	13.20	1.38
173	Tomoe Mochi	1	14.50	3.68
173	Tomoe Mochi	2	21.33	4.33
173	Tomoe Mochi	3	14.33	1.63
174	TOX 514-16-101-1	1	16.17	3.12
174	TOX 514-16-101-1	2	18.50	4.65
174	TOX 514-16-101-1	3	16.13	3.42
175	YIN LU 30	1	14.63	4.18
175	YIN LU 30	2	21.70	5.71
175	YIN LU 30	3	15.10	1.18
176	Zebu	1	17.53	2.29
176	Zebu	2	22.83	4.62
176	Zebu	3	20.13	2.70
177	Zenith	1	21.70	4.94
177	Zenith	2	20.13	1.14
177	Zenith	3	19.47	2.46