

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



Tese

**Fenotipagem, genotipagem e mapeamento de características de
importância agronômica em arroz**

Latóia Eduarda Maltzahn

Pelotas, 2024

Latóia Eduarda Maltzahn

**Fenotipagem, genotipagem e mapeamento de características de
importância agronômica em arroz**

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia da Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel da Universidade Federal de Pelotas, como requisito parcial a obtenção do título de Doutor em Ciências (Área de concentração em Fitomelhoramento).

Orientador: Dra. Camila Pegoraro

Coorientador: PhD Antonio Costa de Oliveira

Coorientador: Dr. Luciano Carlos da Maia

Coorientador: Dr. Cley Donizeti Martins Nunes

Pelotas, 2024

Universidade Federal de Pelotas / Sistema de Bibliotecas
Catalogação da Publicação

M261f Maltzahn, Latóia Eduarda

Fenotipagem, genotipagem e mapeamento de características de importância agrônômica em arroz [recurso eletrônico] / Latóia Eduarda Maltzahn ; Camila Pegoraro, orientadora ; Antonio Costa de Oliveira, Luciano Carlos da Maia, Cley Donizeti Martins Nunes, coorientadores. — Pelotas, 2024.

178 f. : il.

Tese (Doutorado) — Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Universidade Federal de Pelotas, 2024.

1. *Oryza sativa* L.. 2. Variabilidade genética. 3. Produtividade. 4. Mapeamento associativo. 5. Estresse salino. I. Pegoraro, Camila, orient. II. Oliveira, Antonio Costa de, coorient. III. Maia, Luciano Carlos da, coorient. IV. Nunes, Cley Donizeti Martins, coorient. V. Título.

CDD 633.186

Latóia Eduarda Maltzahn

Fenotipagem, genotipagem e mapeamento de características de importância
agronômica em arroz

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

Data da defesa:

18 de março de 2024

Banca examinadora:

Prof. Dra. Camila Pegoraro (Orientadora)

Doutora em Ciências pela Universidade Federal de Pelotas

Dra. Denise de Souza Martins

Doutora em Agronomia pela Universidade Federal de Pelotas

Dra. Gabriela Magalhães da Fonseca

Doutor em Ciências pela Universidade Federal de Pelotas

Dr. Laerte Reis Terres

Doutor em Ciências pela Universidade Federal de Pelotas

Agradecimentos

Ao meu namorado Tiago Vega Custódio pelo amor, carinho, paciência e todo o auxílio na condução do experimento, sem você isso não seria possível.

Aos meus pais Léia Nörnberg Maltzahn, Almiro Hall, Almerinda Vega Custódio e João Carlos Manetti Custódio, exemplos de amor, compreensão, dedicação, tolerância e sabedoria.

A amiga, professora e orientadora Camila Pegoraro pela amizade, orientação, paciência, disponibilidade, profissionalismo e confiança.

Aos meus coorientadores professores Antonio, Cley e Luciano pela orientação, amizade, ajuda e atenção.

Aos demais amigos e colegas do Centro de Genômica e Fitomelhoramento, pelo incentivo, ajuda, amizade e companheirismo.

Aos estagiários pela dedicação durante o desenvolvimento do projeto.

A Capes pela concessão da bolsa.

A Capes, CNPq e Fapergs pelo apoio financeiro as pesquisas.

A UFPel pela oportunidade de qualificação profissional.

A EMBRAPA pela concessão de espaço para a condução dos experimentos e apoio na obtenção de sementes de arroz.

A EMBRAPA, EPAGRI, IRGA, IAC pela doação das sementes de arroz.

Muito obrigada a todos que de certa forma contribuíram para a conclusão deste trabalho.

RESUMO

MALTZAHN, Latóia Eduarda. **Fenotipagem, genotipagem e mapeamento de características de importância agrônômica em arroz.** Orientadora: Camila Pegoraro. 2024. 178 f. Tese (Doutorado em ciências – área de concentração: Fitomelhoramento) - Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, 2024.

Em arroz, a produtividade é uma característica complexa, influenciada por diferentes componentes. Identificar genes que controlam essas características é importante para a obtenção de cultivares mais produtivas. Em seu ambiente de cultivo o arroz pode ter sua produtividade reduzida pelos estresses bióticos e abióticos, como a salinidade. Com o avanço das ferramentas de biotecnologia, como a genotipagem utilizando os marcadores SNPs (polimorfismo de nucleotídeo único) de alta densidade, os estudos da genômica do arroz foram impulsionados, auxiliando os melhoristas. Nas últimas décadas, estudos de associação genômica ampla tem sido utilizada frequentemente em arroz para a identificação de SNPs. No entanto, há poucos relatos da utilização de germoplasma de arroz brasileiro nesses estudos. Desta forma, o objetivo deste trabalho foi a genotipagem, fenotipagem e mapeamento de características de interesse agrônômico em germoplasma de arroz utilizado no Brasil. Para isso, foi utilizada uma coleção com 188 acessos de arroz cultivados no País. Essa coleção foi genotipada com 7098 marcadores SNPs. A genotipagem foi utilizada para estimar a variabilidade genética, além da estrutura da população e parentesco dos genótipos, que foram empregados no estudo de mapeamento. Os acessos de arroz foram fenotipados para tolerância à salinidade no estágio reprodutivo, sendo avaliado o número de panículas por planta, número de panículas estéreis por planta e porcentagem de esterilidade da panícula principal. Para o estudo de mapeamento os acessos foram fenotipados para altura da planta, número de afilhos, número de panículas por planta, comprimento da panícula principal, peso da panícula principal, número de grão cheios da panícula principal, número de grão estéreis da panícula principal, peso grãos da panícula principal, peso de cem grãos e produtividade por planta. Com base na genotipagem observou-se que os acessos utilizados apresentam pouca variabilidade genética, pois a estrutura da população, a análise de componentes principais (PCA) e a árvore filogenética, se dividiram em dois grupos. Considerando o estudo de fenotipagem para tolerância salinidade no estágio reprodutivo, verificou-se que a maioria dos genótipos foram severamente afetados pelo estresse, com número elevado de panículas totalmente estéreis. Para o estudo de mapeamento associativo utilizando PCA, foram identificados 65 marcadores SNPs significativos e utilizando a estrutura da população foram identificados 175 marcadores SNPs significativos, totalizando 622 genes anotados próximos a esses SNPs significativos.

Palavras-chave: *Oryza sativa* L.; variabilidade genética; produtividade; mapeamento associativo; estresse salino.

Abstract

MALTZAHN, L. E. **Phenotyping, genotyping and mapping of traits of agronomic importance in rice.** Advisor: Camila Pegoraro. 2024. 178 f. Thesis (Doctorate's degree in Agronomy – concentration area: Plant Breeding) – Graduate Program in Agronomy, Department of Crop Science, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS, 2024.

In rice, productivity is a complex characteristic, influenced by different components. Identifying genes that control these characteristics is important for obtaining more productive cultivars. In its cultivation environment, rice can have its productivity reduced by biotic and abiotic stresses, such as salinity. With the advancement of biotechnology tools, such as genotyping using high-density SNPs (single nucleotide polymorphism) markers, rice genomic studies were boosted, helping breeders. In recent decades, genome-wide association studies have been frequently used in rice to identify SNPs. However, there are few reports on the use of Brazilian rice germplasm in these studies. Therefore, the objective of this work was the genotyping, phenotyping and mapping of characteristics of agronomic interest in rice germplasm used in Brazil. For this, a collection of 188 rice accessions cultivated in the country was used. This collection was genotyped with 7098 SNP markers. Genotyping was used to estimate genetic variability, in addition to population structure and genotype relatedness, which were used in the mapping study. Rice accessions were phenotyped for salinity tolerance at the reproductive stage, evaluating the number of panicles per plant, number of sterile panicles per plant and percentage of sterility of the main panicle. For the mapping study, the accessions were phenotyped for plant height, number of tillers, number of panicles per plant, main panicle length, main panicle weight, number of full grains in the main panicle, number of sterile grains in the main panicle, grain weight of the main panicle, weight of one hundred grains and productivity per plant. Based on genotyping, it was observed that the accessions used present little genetic variability, as the population structure, principal component analysis (PCA) and phylogenetic tree were divided into two groups. Considering the phenotyping study for salinity tolerance at the reproductive stage, it was found that the majority of genotypes were severely affected by stress, with a high number of completely sterile panicles. For the associative mapping study using PCA, 65 significant SNP markers were identified and using the population structure, 175 significant SNP markers were identified, totaling 622 genes annotated close to these significant SNPs.

Key words: *Oryza sativa* L.; genetical diversity; yield; genome-wide association; salinity stress.

Lista de Figuras

Figura 1 - Ilustração esquemática dos múltiplos efeitos da salinidade no crescimento, desenvolvimento e atributos de rendimento das plantas.....	24
Figura 2 - Gráfico de queda do desequilíbrio de ligação entre locos ao longo do genoma do arroz, para 177 acessos de arroz avaliados para 1185 locos SNP.	46
Figura 3 - Delta K. Número de clusters recomendados para representar a população do estudo.....	47
Figura 4 - Estrutura genética da população de acessos de arroz estudados obtida através do agrupamento Bayesiano.	48
Figura 5 - Análise de componentes principais para 177 acessos de arroz avaliados em 1185 locos SNP. Foi plotado neste gráfico PC1 versus PC2, as cores seguiram a classificação dos acessos na estrutura da população, sendo considerados da mesma subpopulação aqueles acessos com $\geq 65\%$ de associação.....	54
Figura 6 - Árvore filogenética não enraizada dos 177 acessos de arroz, utilizando o método UPGMA no programa Tassel.	55
Figura 7 - Agrupamento hierárquico obtido pelo método UPGMA (<i>Unweighted Pair Group Method Arithmetic Mean</i>) a partir da distância euclidiana de 183 genótipos de arroz submetidos à salinidade (150mM) no estágio reprodutivo, com base no número de panículas por planta (NPP), número de panículas estéreis por planta (NPEP) e porcentagem de esterilidade da panícula principal (PEPP).	69
Figura 8 - Análise de componentes principais (PCA) de 183 genótipos de arroz submetidos à salinidade (NaCl 150mM) no estágio reprodutivo, com base nas características número de panículas por planta (NPP), número de panículas estéreis por planta (NPEP) e porcentagem de esterilidade da panícula principal (PEPP).....	71
Figura 9 - Gráfico Manhattan plot do $-\text{Log}_{10} (P)$ vs. posição cromossômica de marcadores SNP associados ao número de panículas (NP) em um painel de arroz cultivado no Brasil. A: Método GLM (<i>general linear model</i>) utilizando dados fenotípicos, dados genotípicos e análise de componentes principais (PCA); B: Método GLM (<i>general linear model</i>) utilizando dados fenotípicos, dados genotípicos e a estrutura da população.....	80
Figura 10 - Gráfico Manhattan plot do $-\text{Log}_{10} (P)$ vs. posição cromossômica de marcadores SNP associados ao número de afilhos (NA) em um painel de arroz cultivado no Brasil. A: Método GLM (<i>general linear model</i>) utilizando dados	

fenotípicos, dados genotípicos e análise de componentes principais (PCA); B: Método GLM (<i>general linear model</i>) utilizando dados fenotípicos, dados genotípicos e a estrutura da população.....	82
Figura 11 - Gráfico Manhattan plot do $-\text{Log}_{10}(P)$ vs. posição cromossômica de marcadores SNP associados ao comprimento da panícula principal (CPP) em um painel de arroz cultivado no Brasil. A: Método GLM (<i>general linear model</i>) utilizando dados fenotípicos, dados genotípicos e análise de componentes principais (PCA); B: Método GLM (<i>general linear model</i>) utilizando dados fenotípicos, dados genotípicos e a estrutura da população.....	84
Figura 12 - Gráfico Manhattan plot do $-\text{Log}_{10}(P)$ vs. posição cromossômica de marcadores SNP associados ao peso da panícula principal (PPP) em um painel de arroz cultivado no Brasil. A: Método GLM (<i>general linear model</i>) utilizando dados fenotípicos, dados genotípicos e análise de componentes principais (PCA); B: Método GLM (<i>general linear model</i>) utilizando dados fenotípicos, dados genotípicos e a estrutura da população.....	86
Figura 13 - Gráfico Manhattan plot do $-\text{Log}_{10}(P)$ vs. posição cromossômica de marcadores SNP associados ao número de grãos cheios da panícula principal (GCPP) em um painel de arroz cultivado no Brasil. A: Método GLM (<i>general linear model</i>) utilizando dados fenotípicos, dados genotípicos e análise de componentes principais (PCA); B: Método GLM (<i>general linear model</i>) utilizando dados fenotípicos, dados genotípicos e a estrutura da população.	88
Figura 14 - Gráfico Manhattan plot do $-\text{Log}_{10}(P)$ vs. posição cromossômica de marcadores SNP associados ao número de espiguetas estéreis da panícula principal (EPP) em um painel de arroz cultivado no Brasil. A: Método GLM (<i>general linear model</i>) utilizando dados fenotípicos, dados genotípicos e análise de componentes principais (PCA); B: Método GLM (<i>general linear model</i>) utilizando dados fenotípicos, dados genotípicos e a estrutura da população.....	90
Figura 15 - Gráfico Manhattan plot do $-\text{Log}_{10}(P)$ vs. posição cromossômica de marcadores SNP associados ao peso de grãos da panícula principal (PGPP) em um painel de arroz cultivado no Brasil. A: Método GLM (<i>general linear model</i>) utilizando dados fenotípicos, dados genotípicos e análise de componentes principais (PCA); B: Método GLM (<i>general linear model</i>) utilizando dados fenotípicos, dados genotípicos e a estrutura da população.....	91

Figura 16 - Gráfico Manhattan plot do $-\text{Log}_{10}(P)$ vs. posição cromossômica de marcadores SNP associados ao peso de cem grãos (PCG) em um painel de arroz cultivado no Brasil. A: Método GLM (<i>general linear model</i>) utilizando dados fenotípicos, dados genotípicos e análise de componentes principais (PCA); B: Método GLM (<i>general linear model</i>) utilizando dados fenotípicos, dados genotípicos e a estrutura da população.....	94
Figura 17 - Gráfico Manhattan plot do $-\text{Log}_{10}(P)$ vs. posição cromossômica de marcadores SNP associados a produtividade por planta (PP) em um painel de arroz cultivado no Brasil. A: Método GLM (<i>general linear model</i>) utilizando dados fenotípicos, dados genotípicos e análise de componentes principais (PCA); B: Método GLM (<i>general linear model</i>) utilizando dados fenotípicos, dados genotípicos e a estrutura da população.....	96
Figura 18 - Gráfico Manhattan plot do $-\text{Log}_{10}(P)$ vs. posição cromossômica de marcadores SNP associados altura da planta (AP) em um painel de arroz cultivado no Brasil. A: Método GLM (<i>general linear model</i>) utilizando dados fenotípicos, dados genotípicos e análise de componentes principais (PCA); B: Método GLM (<i>general linear model</i>) utilizando dados fenotípicos, dados genotípicos e a estrutura da população.....	99

Lista de Tabelas

Tabela 1 - Classificação dos solos conforme as suas propriedades.	21
Tabela 2 - Descrição dos acessos de arroz utilizados no estudo.	35
Tabela 3 - Estrutura da população dos acessos de arroz de acordo com o agrupamento Bayesiano.	49
Tabela 4 - Acessos de arroz utilizados no estudo.	58
Tabela 5 - Dias da semeadura até atingir o estágio de emborrachamento (R2).	61
Tabela 6 - Médias agrupadas do número de panículas por planta (NPP) avaliadas em 183 genótipos (G) de arroz sob estresse salino (150mM) na fase reprodutiva. As médias seguidas da mesma letra na coluna não diferem entre si pelo teste de Scott-Knott ($p \leq 0,05$).	64
Tabela 7 - Agrupamento médio do número de panículas estéreis por planta (NPEP) avaliado em 183 genótipos (G) de arroz sob estresse salino (150mM) em fase reprodutiva. As médias seguidas da mesma letra na coluna não diferem entre si por Scott-Knott ($p \leq 0,05$).	66
Tabela 8 - Agrupamento médio da esterilidade da panícula principal (MPS), expressa em porcentagem, avaliada em 183 genótipos (G) de arroz sob estresse salino (150mM) em fase reprodutiva. As médias seguidas da mesma letra na coluna não diferem entre si por Scott-Knott.	68
Tabela 9 - Descrição de SNPs significativos para cada característica pelo método GLM utilizando PCA.	100
Tabela 10- Genes localizados próximos aos SNPs significativos pelo método GLM utilizando PCA.	102
Tabela 11 - Descrição de SNPs significativos para cada característica pelo método GLM utilizando estrutura da população.	110
Tabela 12 - Genes localizados próximos aos SNPs significativos utilizando a estrutura da população.	122

Sumário

1.	Introdução	12
1.1	Revisão bibliográfica	15
1.1.1	Arroz.....	15
1.1.2	Salinidade.....	19
1.1.3	Variabilidade genética para o melhoramento de arroz	26
1.1.4	Mapeamento associativo.....	27
2	CAPÍTULO I – Variabilidade genética em uma coleção de genótipos de arroz utilizados no Brasil	32
2.1	Introdução	32
2.2	Material e métodos.....	33
2.3	Resultados e discussão.....	44
2.4	Conclusão	55
3	CAPÍTULO II – Variabilidade genética de genótipos de arroz em resposta ao estresse salino no estágio reprodutivo	56
3.1	Introdução	56
3.2	Material e métodos.....	57
3.3	Resultados e discussão.....	62
3.4	Conclusões.....	72
4	CAPÍTULO III –Mapeamento associativo para características de interesse agrônomo em acessos de arroz utilizados no Brasil.....	73
4.1	Introdução	73
4.2	Material e métodos.....	74
4.2.1	Germoplasma.....	74
4.2.2	Genotipagem.....	74
4.2.3	Filtragem dos dados de genotipagem	75
4.2.4	Matriz de parentesco.....	75
4.2.5	Estrutura da população	76
4.2.6	Fenotipagem	76
4.2.7	Análise dos dados de fenotipagem	77
4.2.8	Análise do mapeamento associativo - GWAS.....	77

4.2.9	Identificação de genes.....	78
4.3	Resultados e discussão.....	78
4.4	Conclusões.....	144
5	Considerações finais	145
	Referências	146

1. Introdução

O arroz (*Oryza sativa* L.) é o alimento básico de aproximadamente metade da população mundial (Liu. *et al.*, 2022a). Inúmeros fatores influenciam o sistema agroalimentar global e a demanda por alimentos, os principais são aumento da população, mudanças climáticas e o esgotamento dos recursos naturais (Khan *et al.*, 2023).

Devido a importância desta cultura tanto no âmbito científico como social, cientistas tem se dedicado a compreender cada vez mais os fatores que contribuem e afetam a capacidade produtiva e a qualidade nutricional do arroz (Ren; Ding; Qian, 2023). Tornar o sistema arrozeiro sustentável é importante para garantir que esta cultura atenda as demandas para o desenvolvimento sustentável (Khan *et al.*, 2023; Neang *et al.*, 2020).

O incremento na produtividade e na produção de arroz são importantes para garantir a segurança alimentar, e reduzir a fome é um pré-requisito vital para o crescimento econômico sustentável. Inúmeras tecnologias foram desenvolvidas para aumentar a produtividade, incluindo o desenvolvimento de cultivares altamente produtivas, identificação de técnicas adequadas de manejo, como aumento da disponibilidade de nutrientes, manejo da irrigação e controle de plantas invasoras (Rahman; Connor, 2022).

A produtividade é uma das características mais importantes e complexas do arroz. Isso acontece pois se trata de uma característica controlada por muitos genes e é amplamente afetada pelos fatores ambientais (Li *et al.*, 2019; Wang *et al.*, 2012; Zeng *et al.*, 2017). A produtividade é determinada por componentes diretos e indiretos. Os componentes diretos são número de panículas por unidade de área e/ou por planta, grãos cheios por panícula e peso de 1000 grãos. Os indiretos são altura da planta, período de crescimento, capacidade de perfilhamento, comprimento da panícula, comprimento da semente, taxa de formação de sementes e número de grãos por panícula (Huang *et al.*, 2013; Li *et al.*, 2019; Sakamoto; Matsuoka, 2008).

Os estresses abióticos são os principais fatores que afetam vários mecanismos morfofisiológicos e moleculares das plantas de arroz, resultando em reduções significativas no crescimento e na produtividade da cultura (Khan *et al.*, 2023; Neang *et al.*, 2020). No Rio Grande do Sul (RS), a salinidade do solo e a variação de temperatura na fase reprodutiva do arroz se caracterizam como estressores que

impactam negativamente a produtividade e o desenvolvimento das plantas. A perda por salinidade ocorre pelo uso de água de baixa qualidade, com elevados teores de sais, devido a utilização da água oriunda da Laguna dos Patos. Em períodos de menor precipitação e estiagem, ocorre a entrada de água do oceano, aumentando a concentrações de sais na água da Laguna (Denardin *et al.*, 2018). Além disso, algumas regiões são afetadas pela salinidade devido à geologia do solo. O arroz é sensível ao estresse salino no início do estágio vegetativo e no reprodutivo. No entanto, a capacidade de tolerância ao sal no início do estágio vegetativo não está relacionada com a da fase reprodutiva (Zheng *et al.*, 2023). Dentro do contexto varietal de arroz irrigado no RS, a cultivar BRS Bojuru é considerado como material de referência com relação à tolerância à salinidade do Programa de Melhoramento de Arroz Irrigado da Embrapa.

Para tentar resolver estes desafios, os programas de melhoramento têm atuado arduamente para desenvolver genótipos de arroz cada vez mais produtivos e com tolerância a estresses bióticos e abióticos, como estresse por déficit hídrico, estresse salino, inundações, pragas e doenças (Le *et al.*, 2022).

A busca por variabilidade genética é um dos principais objetivos dos programas de melhoramento de plantas. A variabilidade permite um ganho genético contínuo e possibilita amortecer as flutuações sazonais (Alam *et al.*, 2021; Morton *et al.*, 2019). Além disso, para garantir o melhoramento genético da produtividade de grãos é importante entender como a proporção de componentes rendimento e os avanços genéticos são afetados pelo ambiente (Alam *et al.*, 2021; Negrão; Schmöckel; Tester, 2017).

A fenotipagem vegetal é a descrição quantitativa das características observáveis de plantas resultantes da interação do genótipo e ambiente. A caracterização da variabilidade observada nas plantas através da fenotipagem é importante, pois a obtenção de informações com exatidão e abrangentes podem indicar as bases para uma análise aprofundada das funções dos genes e das redes regulatórias nas plantas (Kolhar; Jagtap, 2023; Zhang *et al.*, 2023). Diversos estudos visam identificar genótipos com características superiores e de interesse agrônômico, adaptados a estresses bióticos e abióticos, utilizando diferentes técnicas de fenotipagem. Song *et al.*, (2021) compilou alguns destes estudos e apresentou as perspectivas futuras da fenotipagem.

Desde a conclusão do sequenciamento do genoma do arroz em 2005 (IRGSP, 2005), iniciou-se a era da genômica do arroz. Numerosas tecnologias e métodos genômicos foram desenvolvidos e mudaram o panorama de estudos de caracterização do arroz. A disponibilidade de genomas completos facilitou a identificação de variações do genoma, principalmente as variações estruturais, que são muito difíceis de caracterizar sem sequências completas do genoma (Gu; Liang; Zhao, 2022).

Os estudos de associação genômica ampla (GWAS), usam métodos estatísticos para procurar associações entre polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs) no genoma do arroz e variação fenotípica em variedades de arroz (Wang *et al.*, 2020). Muitos estudos têm sido realizados nos últimos anos, buscando identificar novos genes relacionados à tolerância a estresses bióticos e abióticos, e características de interesse agrônomo (Cortes; Zhang; Yu, 2021; Khatab *et al.*, 2022; Liu *et al.*, 2022b; Reig-Valiente *et al.*, 2018; Yang *et al.*, 2022). No Brasil alguns estudos de mapeamento foram realizados, Pantalhão *et al.*, (2016) caracterizou 175 acessos de arroz de terras altas para déficit hídrico, outro estudo caracterizou 550 acessos da coleção nuclear da EMBRAPA (Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária) para rendimento de grãos (Pantalhão *et al.*, 2020), Oliveira (2019) caracterizou 67 acessos de arroz no início do estágio vegetativo para o estresse salino e outro estudo com 81 acessos de arroz para acúmulo de ferro nos grãos (Oliveira, 2023a). No entanto nenhum estudo de mapeamento foi realizado para características de interesse agrônomo em acessos de arroz cultivados no Sul Brasil no sistema de irrigação por inundação.

Dentro desse contexto, o objetivo geral do estudo foi a fenotipagem, genotipagem e mapeamento de características de importância agrônoma em arroz. Os objetivos específicos foram (1) ampliar a coleção estudada por Venske *et al.*, (2019) e reanalisar a estrutura populacional e a variabilidade genética de 188 acessos de arroz; (2) caracterizar uma coleção de genótipos utilizados no Brasil quanto à tolerância à salinidade na fase reprodutiva; (3) realizar o mapeamento associativo para dez características em um painel contendo 177 acessos de arroz do germoplasma brasileiro.

1.1 Revisão bibliográfica

1.1.1 Arroz

1.1.1.1 Caracterização botânica

O arroz (*Oryza sativa* L.) é uma planta de origem tropical, pertencente à família Poaceae (família das gramíneas), subfamília *Pooideae*, tribo *Oryzae* e gênero *Oryza*, classificado como gramínea monocotiledônea (NCBI Taxonomy, 2023).

O gênero *Oryza* é composto por duas espécies cultivadas, os complexos *Oryza sativa* L. (arroz asiático) e *Oryza glaberrima* Steud. (arroz africano), que foram domesticadas a partir da *Oryza rufipogon* na Ásia e *Oryza barthii* na África, respectivamente (Chen *et al.*, 2019; Hechanova *et al.*, 2021; Pegoraro; da Rosa Farias; de Oliveira, 2018; Raturi *et al.*, 2022; Stein *et al.*, 2018; Tomar *et al.*, 2022; Win *et al.*, 2017). Quanto ao número de espécies que compõe o gênero, não há na literatura uma definição clara, alguns autores citam 24 espécies (Hechanova *et al.*, 2021; Pegoraro; da Rosa Farias; de Oliveira, 2018) e outros 27 espécies (Chen *et al.*, 2019; Stein *et al.*, 2018; Tomar *et al.*, 2022). Estima-se que essas espécies de *Oryza* tenham evoluído há mais de 15 milhões de anos e tenham divergido em 11 tipos de genoma, compreendendo seis diploides (AA, BB, CC, EE, FF e GG) e cinco alotetraploides (BBCC, CCDD, HHJJ, HHKK e KKLL), sendo que as duas espécies de arroz cultivadas são diploides (genoma AA) (Chen *et al.*, 2019; Stein *et al.*, 2018; Tomar *et al.*, 2022).

O arroz cultivado (*Oryza sativa*) pode ser classificado em duas subespécies principais, *indica* e *japonica* (Chen *et al.*, 2019). Essas duas subespécies representam a maior parte do arroz cultivado na Ásia e possuem distribuição global. Outros grupos menores de cultivares asiáticas também foram classificados e podem ser divididas em cinco grupos distintos, *indica*, *aus*, *aromáticas*, *japonica temperada* e *japonica tropical* (Chen *et al.*, 2019). Outros autores incluem mais dois grupos nesta classificação *hashina* e *raiada* (Glaszmann, 1987; Wang *et al.*, 2014).

As principais subespécies, *indica* e *japonica*, podem ser diferenciadas por diversos fatores, desde aspectos morfológicos até reações a estresses bióticos e abióticos. As principais diferenças estão relacionadas ao tamanho e formato do grão, à tolerância das plantas as baixas temperaturas, resistência a seca, acamamento em resposta a fertilizantes como nitrogênio, habilidade competitiva com plantas daninhas,

longevidade das sementes e eficiência fotossintética das folhas com o mesmo conteúdo de proteína (Mackill; Coffman; Garrity, 1996; Oka; Morishima, 1997).

1.1.1.2 Ecossistemas de produção de arroz

No Brasil o arroz pode ser cultivado em dois ecossistemas, várzea e terras altas. Os solos de várzea são próprios para o cultivo do arroz irrigado por inundação, este sistema requer algumas características, como ambientes com baixas declividades e baixa irregularidade superficial da área, apresentando difícil drenagem. A drenagem deficiente está relacionada com horizontes subsuperficiais argilosos, com baixa condutividade hidráulica, e à proximidade do lençol freático da superfície do solo (solos hidromórficos). Essas características tornam-se adequadas para o cultivo do arroz, facilitando a manutenção de uma lâmina de água sobre a superfície do solo, dificultando a lixiviação de nutrientes e auxiliando no controle de plantas invasoras (SOSBAI, 2018). Essas condições prevalecem na região Sul do Rio Grande do Sul (RS), o que faz com que o cultivo nesse estado seja predominantemente irrigado.

A outra possibilidade é o cultivo de arroz em terras altas ou sequeiro. Nesse sistema o arroz pode ser cultivado com irrigação por aspersão ou sem irrigação, na qual a disponibilidade de água é totalmente dependente da chuva. Uma das principais diferenças entre os dois ecossistemas é a condição em que a raiz da planta de arroz se desenvolve. No sistema de sequeiro a raiz se desenvolve em condições aeróbicas, enquanto que no sistema irrigado as raízes se desenvolvem em condições anaeróbicas, o que resulta em uma série de modificações relacionadas à absorção de nutrientes e desenvolvimento da planta (Santos, 2021).

Nos últimos anos a área de arroz cultivado em terras altas tem diminuído, devido ao interesse do produtor em cultivar outras espécies com maior rendimento nestas áreas (Carvalho *et al.*, 2020). Em terras baixas a área cultivada se manteve estável desde 2013, sendo cultivados em 1.312.000 hectares em 2022 (Silva e Wander, 2023).

1.1.1.3 Produção de arroz

Dados preliminares de dezembro de 2023, demonstram que a produção mundial de arroz na safra 22/23 foi de 512,98 milhões de toneladas, com uma área de 165,70 milhões de hectares e uma produtividade média de 4,62 toneladas por hectare (USDA, 2023). A projeção para a safra 23/24, segundo dados preliminares lançados em dezembro de 2023, é que a produção mundial seja de 518,07 milhões de toneladas e com uma área de 165,90 milhões de hectares (USDA, 2023).

Os países que se destacam nos dados preliminares da safra 2022/2023 na produção são China, Índia, Bangladesh, Indonésia, Vietnã, Tailândia, Filipinas, Myanmar (Burmá), Japão e Brasil, sendo o Brasil o único país fora do continente asiático (USDA, 2023).

Segundo dados publicados em dezembro de 2023 pela Companhia Nacional de Abastecimento (CONAB), na safra de 22/23 a produção nacional atingiu 10,03 milhões de toneladas, com uma produtividade média de 6779 Kg por hectare e a área cultivada foi de 1,48 milhões de hectares. Sendo a região sul responsável por 82,91% de toda produção, dentre os estados da região, o RS produziu 6,93 milhões de toneladas (83,33% do total), seguido de Santa Catarina (SC) (1,23 milhões de toneladas) e Paraná (PR) (159,9 mil toneladas) (CONAB, 2023).

A produção de arroz no sistema irrigado corresponde a 9,25 milhões de toneladas, com uma produtividade média de 7869 Kg por hectare e uma área de 1,17 milhões de hectares. Os estados que produzem arroz no sistema irrigado são: RS, SC, PR, Minas Gerais (MG), São Paulo (SP), Mato Grosso (MT), Mato Grosso do Sul (MS), Goiás (GO), Maranhão (MA), Piauí (PI), Ceará (CE), Rio Grande do Norte (RN), Pernambuco (PE), Alagoas (AL), Sergipe (SE), Roraima (RR), Pará (PA) e Tocantins (TO) (CONAB, 2023).

No sistema de terras altas a produção corresponde a 776 mil toneladas, com produtividade de 2557 Kg por hectare e uma área de 303,5 mil hectares. Este cultivo ocorre nos estados PR, MG, SP, Rio de Janeiro (RJ), Espírito Santo (ES), MG, GO, MT, MA, PI, CE, Paraíba (PB), Acre (AC), Amazonas (AM), Amapá (AP), PA, TO e Rondônia (RO) (CONAB, 2023).

1.1.1.4 Características de importância agrônômica

A caracterização fenotípica do arroz é fundamental para identificação de genótipos superiores. A produtividade é determinada por características indiretas como altura da planta, ciclo, capacidade de produzir afilhos, comprimento da panícula, comprimento da semente, taxa de formação de sementes e grãos por panícula, assim como características diretas como número de panículas por unidade de área e/ou por planta, grãos cheios por panícula e peso de 1000 grãos (Li *et al.*, 2019).

A altura da planta é um parâmetro agrônômico básico para investigação de campo e amplamente utilizado para avaliar a biomassa e o rendimento potencial de grãos (Kawamura *et al.*, 2020). Em cereais, a redução da altura da planta tem sido o principal alvo para melhorar a resistência ao acamamento. Melhoristas reduziram os riscos de acamamento introduzindo características semi-anãs para produzir cultivares mais baixas (Khush, 1999; Siteo *et al.*, 2022; Yan *et al.*, 2022; Zhang *et al.*, 2016; Zhang *et al.*, 2017). Entretanto, estudos tem demonstrado que a biomassa aumenta se a altura da planta aumentar (Longping, 2015). A busca por fenótipos com características anãs irá facilitar o manejo da adubação, evitando o acamamento, no entanto, poderá levar a um crescimento insuficiente e com isso afetar o potencial produtivo do genótipo (Zhang *et al.*, 2017). Em genótipos que não ocorre acamamento é essencial aumentar a altura das plantas para elevar a produtividade. A variabilidade para altura de planta está relacionada ao comprimento dos internódios (Zhang *et al.*, 2017).

Outra característica importante no arroz é a capacidade de afilhamento, que está associada ao rendimento. Afilhos com panículas regulam o rendimento de grãos. Poucos afilhos produtivos diminuem o rendimento de grãos, enquanto um número excessivo de afilhos produtivos leva ao aborto de panículas em afilhos altos, redução do pegamento de grãos, menor tamanho de panícula e diminuição adicional no rendimento de grãos (Azharudheen *et al.*, 2022).

A caracterização das panículas é fundamental pois estas desempenham papel importante na produtividade e na qualidade dos grãos (Sun *et al.*, 2016). O comprimento da panícula, juntamente com o número e densidade de espiguetas, taxa de formação e densidade dos grãos, determina o número de grãos por panícula, portanto, aumenta o rendimento do arroz. Estudos buscando identificar genes relacionados aos componentes da produtividade e qualidade de grãos, como número

de grãos, número de panículas e peso de grãos, foram intensamente desenvolvidos (Fan *et al.*, 2006; Liu *et al.*, 2016; Song *et al.*, 2007; Wang *et al.*, 2008b; Wang *et al.*, 2012; Xu *et al.*, 2022; Zhan *et al.*, 2022; Zhang *et al.*, 2015; Zheng *et al.*, 2022).

1.1.1.5 Estresses abióticos em arroz

As plantas na natureza são constantemente desafiadas por condições ambientais abióticas adversas, como seca, temperaturas extremas, deficiências de nutrientes e salinidade ou níveis de metais tóxicos no solo. Esses estresses abióticos limitam a utilização mundial de terras aráveis e afetam negativamente a produtividade das culturas (Zhang *et al.*, 2022a).

O impacto dos estresses abióticos na bioquímica e fisiologia das plantas afeta diretamente o crescimento, desenvolvimento e rendimento, portanto pode ocorrer desde a germinação da semente até a maturidade. Os estresses abióticos podem afetar tão severamente a cultura do arroz, que muitas vezes as perdas produtivas podem alcançar até 70% (Nadarajah; Hamid; Rahman, 2021).

Para sobreviver ao estresse, as plantas desenvolveram vias regulatórias interconectadas que permitem que elas respondam e se adaptem aos seus ambientes em tempo hábil (Zhang *et al.*, 2022a). As mudanças que ocorrem nas plantas podem ser respostas adaptativas e não adaptativas. As respostas adaptativas levam ao aumento da resistência ao estresse e com isso são alvo do processo de melhoramento. As respostas que refletem o dano causado pelo estresse, como alteração na fluidez da membrana e na estrutura da proteína, causado por altas ou baixas temperaturas, são exemplos de respostas não adaptativas (Zhang *et al.*, 2022a).

1.1.2 Salinidade

A salinidade do solo é um dos maiores desafios globais nas regiões áridas e semiáridas, que afeta severamente a produção agrícola. A salinidade do solo já cobre 20% do total de solo cultivado e 33% das terras agrícolas irrigadas em todo o mundo, e essa proporção deve aumentar rapidamente (Mukhopadhyay *et al.*, 2021).

Ainda faltam detalhes sobre a quantidade e a localização dos solos acometidos pela salinidade. Estudos recentes mostram que a área de terra atingida pela salinidade do mundo é de cerca de 1,125 bilhões de hectares, dos quais aproximadamente 76 milhões de hectares estão comprometidos pela salinização e sodificação induzidas pelo homem. Atualmente, um quinto das terras irrigadas são impactadas pelo sal e 1,5 milhões de hectares de terras estão se tornando inadequados para a produção agrícola a cada ano devido aos altos níveis de salinidade (Hossain, 2019).

Existem dois tipos de salinização, a primária e a secundária. A salinização primária é ocasionada por fatores naturais como o clima, drenagem natural, topografia, posição do relevo, geologia, material de origem e distância do mar (Akça *et al.*, 2020). A salinização secundária é ocasionada por fatores antropogênicos, como práticas inadequadas de irrigação, drenagem insuficiente e má gestão da terra, que têm contribuído enormemente para acelerar o processo de salinização do solo (Pessoa *et al.*, 2022). Porém, tanto a salinização primária quanto a secundária continuam a aumentar, e estima-se que mais de 50% das terras aráveis serão salinizadas até 2050, prevendo-se que anualmente ocorra uma taxa de aumento de 10% das áreas salinizadas (Abdelaziz *et al.*, 2019; Liu *et al.*, 2019; Machado; Serralheiro, 2017; Pessoa *et al.*, 2022).

No Brasil, o problema da salinização é ocasionado pelo manejo inadequado da irrigação e pela falta de drenagem (Pessoa *et al.*, 2022). Áreas salinas são encontradas principalmente em perímetros irrigados localizados em regiões semiáridas do Nordeste, ocasionadas pela irrigação inadequada. No Rio Grande do Sul a salinidade ocorre devido a utilização de água de baixa qualidade (Denardin *et al.*, 2018; Pessoa *et al.*, 2022) e, também em função da origem do solo.

A maioria dos solos do estado do Rio Grande do Sul não é propensa à salinidade, pois as grandes quantidades de chuvas são suficientes para ocasionar a lixiviação dos sais solúveis, como o cloreto de sódio (NaCl). No entanto, a salinização dos solos nesta região ocorre devido a utilização de água de baixa qualidade (com alto teor de sais) na irrigação do cultivo de arroz. A salinidade do solo e a sodicidade do solo desta região é atribuída principalmente à irrigação do arroz com água salina dos rios costeiros e da Laguna dos Patos (Denardin *et al.*, 2018).

Outro fato que pode ter contribuído com a salinidade dos solos do estado do RS é a origem da planície costeira. Esses solos são formados por sedimentos

inconsolidados, depositados a partir do final do Neógeno e durante o período Quaternário. Sua sedimentação é característica de ambiente costeiro sob influência de eventos de transgressão e regressão marinhos (respectivamente, avanços e recuos do nível do mar, relacionados aos períodos interglaciais e glaciais), que formaram ambientes praias, com lagunas e cordões arenosos, e marinhos de águas rasas (Streck *et al.*, 2018).

1.1.2.1 Aspectos da salinidade do solo

No ecossistema do solo os sais são componentes essenciais, porém algumas condições ambientais causam o acúmulo destes sais. O excesso de sais presentes nos horizontes do solo afeta as suas propriedades físico-químicas e biológicas (Sahab *et al.*, 2021). O acúmulo de sais no solo pode ocorrer em qualquer região, causado pelo intemperismo das rochas, deslocamento de sais das áreas costeiras por erosão eólica, uso excessivo de fertilizantes, invasão de água do mar, irrigação induzida, salinização secundária (induzida pelo homem), entre outros fatores (Sahab *et al.*, 2021; Sharma; Singh, 2015).

Os sais solúveis liberados na formação do solo são Na^+ , Ca^{2+} , Mg^{2+} , K^+ , HCO_3^{2-} , SO_4^{2-} e Cl^- (Yadav *et al.*, 2019). Os solos podem ser classificados como salino, sódicos e salino-sódico conforme o pH, condutividade elétrica (CE) e porcentagem de sódio trocável (PST) conforme a Tabela 1.

Tabela 1 - Classificação dos solos conforme as suas propriedades.

Solo	pH	CE (dS m^{-1})	PST
Solo salino	<8,5	>4	<15
Solo sódico	>8,5	<4	>15
Solo salino-sódico	≥8,5	>4	>15

Fonte: Adaptado de Sahab *et al.*, 2021.

Na salinidade primária, que é aquela desenvolvida pelo material de origem do solo, além de aluminossilicatos insolúveis, o material de origem do solo pode conter carbonatos, bicarbonatos, cloretos, sulfatos e fosfatos de cálcio, magnésio, sódio, ferro, manganês e alumínio, os quais são transportados e depositados. Além disso, o intemperismo in situ de vários minerais insolúveis também fornecem cátions e ânions na solução e resultam em um aumento na salinidade do solo (Riaz *et al.*, 2019).

Outra causa pode ser a água da irrigação (salinidade secundária), pois se a CE for $\leq 1 \text{ dS m}^{-1}$ ela pode ser utilizada na irrigação. No entanto, dependendo dos sais presentes, isso pode adicionar 260 a 300kg de sal no solo em apenas uma irrigação em 1,6 hectares (Riaz *et al.*, 2019).

1.1.2.2 Efeitos da salinidade no desenvolvimento da planta de arroz

Em relação ao estresse salino, as plantas podem ser classificadas em duas categorias, que são halófitas (tolerantes ao sal) e glicófitas (sensíveis ao sal) (Kosová *et al.*, 2013). As plantas de arroz são sensíveis a toxidez causada pelo excesso de sal na solução do solo (Marè *et al.*, 2023). Em solos com elevada salinidade as plantas apresentam baixa taxa de crescimento e teor de massa seca (Kibria; Hoque, 2019).

Algumas respostas desencadeadas pelo estresse salino são muito similares as respostas causadas pela seca. Isto ocorre, pois ambas induzem estresse osmótico e muitas vezes estão interligadas, causando perturbações na homeostase e na distribuição de íons, o que resulta em desidratação celular e desequilíbrio osmótico (Rossatto *et al.*, 2023). Estes distúrbios causam danos nas membranas celulares e inibem o crescimento, a divisão celular e a expansão celular. A redução na taxa de crescimento e o fechamento estomático são as respostas mais comuns ao estresse osmótico (Rossatto *et al.*, 2023). A diminuição da taxa fotossintética devido à influência do estresse salino deve-se principalmente ao fechamento dos estômatos, redução da eficiência da Rubisco e deslocamento de cátions essenciais nas estruturas de múltiplas membranas da folha. Todos esses fatores levam a modificações na permeabilidade, intumescimento e ineficiência na produção de grãos (Coca *et al.*, 2023).

O estresse salino causa dois efeitos principais no arroz: estresse osmótico e estresse iônico. O estresse osmótico reduz a absorção de água pelas raízes e causa desidratação interna. Também leva ao acúmulo excessivo de espécies reativas de oxigênio (ROS), que danificam vários componentes celulares e macromoléculas e podem levar à morte da planta. O estresse iônico é causado pelo acúmulo excessivo de Na^+ e Cl^- em compartimentos intracelulares metabolicamente ativos. Altas concentrações intracelulares de Na^+ inibem a absorção de outros íons, o que pode interromper o metabolismo e potencialmente matar a planta (Qin; Li; Huang, 2020).

A germinação é um fator muito importante, envolve inúmeras alterações fisiológicas e bioquímicas que levam a ativação do embrião (Rajjou *et al.*, 2012; Wolny *et al.*, 2018). Nesse estágio, a salinidade em primeiro lugar reduz a disponibilidade de umidade ao induzir estresse osmótico e, em segundo lugar, cria desequilíbrio de nutrientes e toxicidade iônica. Além disso, resulta em muitos distúrbios e alterações metabólicas, como vazamento de soluto, efluxo de K^+ e atividade de α -amilase (Riaz *et al.*, 2019; Shereen *et al.*, 2011). Um desequilíbrio de nutrientes minerais sob estresse de salinidade geralmente altera a composição estrutural e química da membrana da bicamada lipídica (Riaz *et al.*, 2019). Há relatos que os genótipos sensíveis ao estresse salino, nos quais concentrações acima de 100 mM de NaCl afetam a germinação do arroz (Coca *et al.*, 2023).

A altura da planta é um parâmetro morfológico fundamental que geralmente indica mudanças no crescimento e desenvolvimento sob quaisquer condições de estresse biótico e/ou abiótico. Inúmeros estudos têm verificado que plantas submetidas ao estresse salino apresentam efeitos negativos neste parâmetro, sendo que quanto maior a dose de sal presente, menores estaturas eram observadas nas plantas (Puvanitha; Mahendran 2017; Razzaque *et al.*, 2009; Sirault; James; Furbank, 2009). Redução significativa no comprimento médio da raiz, número médio de raízes por planta e comprimento da parte aérea ocorreu sob aumento do estresse salino (Hussain *et al.*, 2017; Jamil *et al.*, 2006). Assim, os comprimentos da raiz e da parte aérea são dois indicadores da resposta da planta de arroz ao estresse salino.

O estresse salino pode causar morte de folhas e diminuição da área foliar e, finalmente, reduzir a taxa de fotossíntese da planta (Reza Amirjani, 2011). A salinidade tem efeitos específicos no metabolismo das células vegetais, particularmente na senescência foliar.

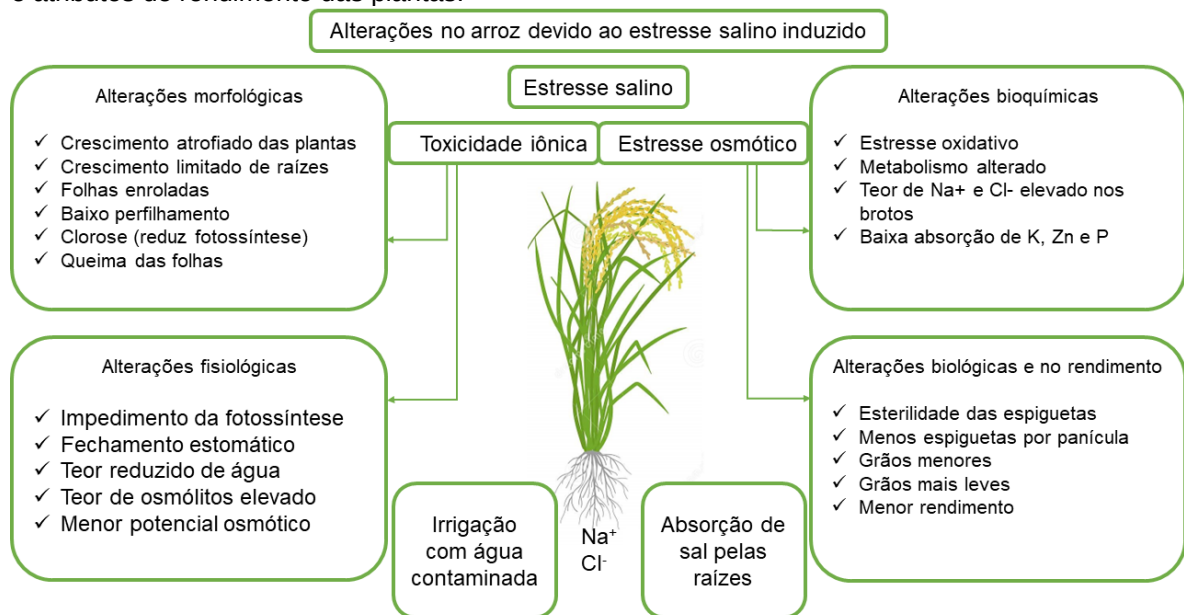
O número de filhotes também é afetado pelo estresse salino. Sultana (2014) observou que as duas cultivares de arroz submetidas a diferentes doses de salinidade diminuiriam o número de filhotes conforme o aumento da dose e houve a morte das plantas na dose de 16 dS m^{-1} . Resultado similar foi observado por Joseph e Mohanan (2013) onde três cultivares apresentaram redução significativa no número de filhotes.

Alterações fisiológicas sob salinidade incluem uma série de respostas da planta que levam à redução no crescimento, incluindo alterações na relação Na^+/K^+ , menor condutância estomática, redução da taxa fotossintética e aumento da produção de espécies reativas de oxigênio (ROS) (Riaz *et al.*, 2019). Os efeitos causados pelo

estresse salino nos processos fotossintéticos de vários organismos têm sido abundantemente abordados (Pan *et al.*, 2021). Em estudo com cinco cultivares de arroz, houve redução significativa nos parâmetros de troca gasosa, ou seja, taxa fotossintética, taxa de transpiração e condutância estomática (Abbas *et al.*, 2015).

A Figura 1 é uma ilustração esquemática dos múltiplos efeitos da salinidade no crescimento, desenvolvimento e atributos de produtividade das plantas de arroz.

Figura 1 - Ilustração esquemática dos múltiplos efeitos da salinidade no crescimento, desenvolvimento e atributos de rendimento das plantas.



Fonte: Adaptado de Riaz *et al.*, (2019).

Estudo realizado em acessos de arroz desenvolvidos pela Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina (EPAGRI), recomenda a suspensão da irrigação na fase de desenvolvimento vegetativo quando a condutividade elétrica da água atinge valores iguais ou maiores que 2dS m⁻¹ (Schmidt e Filho, 2017).

1.1.2.3 Melhoramento para tolerância a salinidade

O desenvolvimento de cultivares de arroz elite tolerantes ao estresse salino é considerado o método economicamente viável e ambientalmente correto para o uso eficaz de terras salino-alcálinas. Em 1939, na atual Sri Lanka, foi o primeiro país a realizar a triagem e cultivo de variedades de arroz tolerantes ao sal, introduzindo a primeira variedade de arroz tolerante a esse estresse (Fernando, 1949).

Com base nos mecanismos conhecidos que o arroz tem para lidar com o estresse salino (reconhecimento, captação, transporte e distribuição para diferentes compartimentos celulares, envolvendo diferentes redes gênicas) as três principais abordagens para aumentar a tolerância ao sal são melhoramento convencional, seleção assistida por marcadores e engenharia genética (Ganie *et al.*, 2021; Hoang *et al.*, 2016). O progresso até o momento mostra algum sucesso, mas muitos desafios.

O melhoramento convencional é uma ferramenta que pode ser utilizada para a obtenção de cultivares tolerantes ao estresse salino. Para isso é necessário primeiramente obter uma população com alta variabilidade a partir de cruzamentos, e a segunda etapa é a seleção de genótipos altamente tolerantes (Breseghello; Coelho, 2013). Através deste método obteve-se sucesso, disponibilizando cultivares tolerante ao estresse salino. No entanto, esse método tem enfrentado problemas. Uma das razões é a dificuldade de definir as características fisiológicas de um genótipo tolerante ao sal. Essas características são controladas por numerosos genes que geram uma variação contínua, os chamados “locos de características quantitativas” (QTL). Além disso, os genitores com pouca variabilidade genética para cruzamento também contribuem para o sucesso limitado de programas de melhoramento para aumentar a tolerância ao estresse de salinidade do arroz (Fita *et al.*, 2015; Hoang *et al.*, 2016).

Por se tratar de uma característica poligênica, a tolerância a salinidade é difícil de trabalhar pelo processo clássico de melhoramento. Portanto, é necessário o uso de ferramentas genômicas para identificar genes candidatos e auxiliar o processo de melhoramento (Ganie *et al.*, 2021).

Para identificar os potenciais recursos gênicos envolvidos na tolerância a salinidade, várias tecnologias modernas de melhoramento têm sido usadas, como a mutagênese induzida (TILLING e mutagênese de inserção de T-DNA) (Negrão *et al.*, 2013; Qin; Li; Huang, 2020), silenciamento de genes mediado por iRNA (miRNA e RNAi) (Xia *et al.*, 2012; Zhang *et al.*, 2019b), superexpressão (Ganie *et al.*, 2021; Hakata *et al.*, 2017; Manimaran *et al.*, 2017; Yin *et al.*, 2020), estudos de associação genômica ampla (GWAS) (Le *et al.*, 2021; Lv *et al.*, 2022; Nayyeripasand; Garoosi; AhmadiKhah, 2021; Wang *et al.*, 2020; Yuan *et al.*, 2020) e mais recentemente, edição de genoma (CRISPR) (Alam *et al.*, 2022; Farhat *et al.*, 2019; Han *et al.*, 2022; Nazir *et al.*, 2022; Zhang *et al.*, 2019a).

1.1.3 Variabilidade genética para o melhoramento de arroz

A variabilidade genética é a espinha dorsal de qualquer programa de melhoramento bem-sucedido. Para o desenvolvimento de novas variedades de arroz, é essencial conhecer a variabilidade genética disponível no germoplasma, principalmente de características de interesse agrônomo (Sarif *et al.*, 2020).

Para atender a demanda de alimentos, o principal objetivo dos programas de melhoramento genético de plantas tem sido a obtenção de variedades cada vez mais produtivas, sendo estas também as mais cultivadas pelos produtores. No entanto, a seleção de genótipos mais produtivos resultou no estreitamento da variabilidade genética (Busanello *et al.*, 2020).

Com o estreitamento da variabilidade, iniciou-se a busca por fontes potenciais de importantes características agrônomicas em parentes silvestres do arroz. Abordagens modernas de melhoramento para tolerância ao estresse têm se concentrado na identificação das fontes de variabilidade genética no pool genético primário e, em seguida, na introgressão de alelos favoráveis em cultivares elite para combater estresses (Solis *et al.*, 2020).

Além de recorrer as espécies silvestres e variedades tradicionais, uma alternativa para minimizar os efeitos do estreitamento genético é a indução de mutação. A mutagênese induzida é necessária para atingir as metas de aumento da variabilidade genética. Além da variabilidade genética, a mutagênese induzida oferece uma oportunidade de melhorar uma única característica, sem alterar toda a constituição genética. Mundialmente, a mutagênese induzida desenvolveu com sucesso centenas de variedades mutantes agro economicamente importantes. Até 2022, foram desenvolvidas 3.402 variedades mutantes (Kadam *et al.*, 2023; Raina *et al.*, 2022). No Brasil três cultivares foram obtidas através da mutação. A primeira cultivar lançada foi a SCS 114 Andosan, foi desenvolvida através da irradiação com raios gama sobre as sementes da cultivar IR841 (Ishiy *et al.*, 2005), em 2013 lançada a cultivar SCS 118 Marques, desenvolvida através de irradiação com raios gama sobre as sementes da cultivar SCSBRS Tio Taka (Schiocchet *et al.*, 2014). A terceira cultivar lançada no Brasil foi a SCS121 CL, desenvolvida através de mutação química (Schiocchet *et al.*, 2015).

Independente da forma com que houve a obtenção ou a ampliação da variabilidade genética de uma espécie, é necessária sua caracterização. A

caracterização da variabilidade genética é um aspecto importante do desenvolvimento de novas cultivares, permitindo a combinação de características de interesse agrônômico (Gramaje *et al.*, 2020; Sakran *et al.*, 2022).

1.1.4 Mapeamento associativo

Os estudos de associação genômica ampla do inglês *genome-wide association study* (GWAS) ou mapeamento associativo é uma ferramenta muito importante pois facilita o entendimento da genética de populações de características complexas. Esta ferramenta foi muito utilizada nos últimos anos pois tem como característica identificar associações entre variações genéticas e características em amostras de populações (Gondro; Werf; Hayes, 2013).

O GWAS é uma ferramenta poderosa, eficaz e eficientemente usada para associações genótipo-fenótipo e identificação de locos/genes. O cenário básico no GWAS é calcular a associação entre cada marcador e um fenótipo de interesse que foi pontuado em linhas/indivíduos não relacionados (indivíduos não relacionados significam indivíduos distantes e heterogêneos) de uma população (Cortes; Zhang; Yu, 2021).

Os principais objetivos da utilização da ferramenta GWAS é identificar fatores causais para que uma determinada característica possa determinar a arquitetura genética do indivíduo. O número de locos subjacentes à variação fenotípica das características difere, isto é, a característica pode ter uma arquitetura genética simples com um número baixo de locos de grande efeito ou uma arquitetura genética complexa e controlada por muitos locos (Alqudah *et al.*, 2020).

Qualquer estudo que pretende usar a ferramenta GWAS necessita de uma população de no mínimo 100 indivíduos, e o pesquisador deve aumentar o número de indivíduos o máximo possível. Um grande número de indivíduos evita os efeitos de Beavis, que ocorrem quando dos efeitos dos locos de frequência baixa tendem a ter seu efeito superestimado, e com isso vão contribuir pouco para a variação total (Alqudah *et al.*, 2020).

Além de uma população adequada, existem três etapas fundamentais para a obtenção de resultados confiáveis. A primeira etapa é a fenotipagem na qual todos os indivíduos da população devem ser rigorosamente avaliados para as características

que são o objetivo do estudo, sendo necessário repetir a fenotipagem em diferentes locais ou anos (Alqudah *et al.*, 2020). A segunda etapa é a genotipagem, e um dos métodos utilizados é o GBS (genotipagem por sequenciamento), pois gera numerosos marcadores SNP (polimorfismo de nucleotídeo único) de forma barata que cobrem todo o genoma. Os SNPs gerados por GBS devem ser filtrados com base nos dados ausentes, na heterozigose e na menor frequência do alelo (Alqudah *et al.*, 2020). Outra estratégia para genotipagem é a utilização de plataformas de SNPs previamente identificados (McCouch *et al.*, 2016). Ainda, alguns estudos de GWAS podem ser desenvolvidos utilizando marcadores SSRs (Iwata *et al.*, 2013). Mas em ambas as estratégias, antes de executar o GWAS, a estrutura da população deve ser testada para selecionar o melhor modelo de GWAS (Alqudah *et al.*, 2020). Na terceira etapa os dados fenotípicos e genotípicos são combinados usando um software apropriado (por exemplo, TASSEL), através do qual os alelos associados a uma característica específica podem ser detectados após a seleção do modelo GWAS. O TASSEL (Análise de Características por Associação, Evolução e Ligação) é o software mais comum para estudos de GWAS em plantas. Muitos métodos estatísticos poderosos para executar o mapeamento, incluindo GLM (modelo linear geral) e MLM (modelo linear misto), estão disponíveis. O programa TASSEL pode analisar a estrutura da população usando parentesco e PCA (análise dos componentes principais). O cálculo do LD (desequilíbrio de ligação) também está incluído no TASSEL. A saída principal pode ser apresentada no gráfico de *Manhattan plot* que ilustra, em escala genômica, os valores P de todos os marcadores usados no GWAS (Alqudah *et al.*, 2020).

1.1.4.1 Adoção de GWAS em arroz

Desde que se tornou um método consideravelmente consistente e verificado (Huang; Han, 2014), o GWAS tem sido usado para investigar a base genética da variação natural em características biológicas em arroz.

Inúmeros estudos de GWAS em arroz tem sido realizados nos últimos anos, as características analisadas incluem metabólitos primários e secundários (Chen *et al.*, 2014; Matsuda *et al.*, 2015), tamanho do grão (Ma *et al.*, 2019; Nayak *et al.*, 2022; Ponce *et al.*, 2020; Si *et al.*, 2016), características da panícula (Crowell *et al.*, 2016; Sah *et al.*, 2022; Ta *et al.*, 2018; Zhong *et al.*, 2021) e estresses abióticos como frio,

salinidade, seca e altas temperaturas (Kong *et al.*, 2021; Ma; Qin; Tran, 2012; Pantalião *et al.*, 2016; Wei *et al.*, 2021; Yang *et al.*, 2022).

Os diferentes estudos de mapeamento conduzidos em arroz permitiram o reconhecimento de milhares de QTLs, alguns dos quais são de grande interesse. O mapeamento associativo pode avaliar uma ampla gama de alelos variáveis com alta resolubilidade. As técnicas de mapeamento genético e estudos de mapeamento são abordagens mutuamente benéficas e uma combinação bem-sucedida permitirá a dissecação de características quantitativas até o nível de um único gene (Zia *et al.*, 2022).

1.1.4.2 Processamento de dados para análise de mapeamento associativo

1.1.4.2.1 Genotipagem

A genotipagem de alto rendimento leva à identificação de um grande número de SNPs e está impulsionando a implementação de estudos de GWAS, ligando variantes de DNA a fenótipos de interesse (Pavan *et al.*, 2020).

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* - LD) é a associação não aleatória de alelos em dois ou mais locais diferentes em uma população. É a correlação entre polimorfismos que é causada por seu histórico compartilhado de mutação e recombinação. O LD refere-se à correlação entre alelos em uma população (Flint-Garcia; Thornsberry; Buckler, 2003).

Para avaliar o LD, as abordagens que vem sendo comumente utilizadas são r^2 e D' . A primeira das duas medidas r^2 , também descrita na literatura como Δ^2 , é calculada como:

$$r^2 = \frac{(D_{ab})^2}{\pi A \pi a \pi B \pi b}$$

O LD Decay e LD podem ser afetados pela frequência do alelo e a recombinação entre os locais. A mutação fornece a matéria-prima para a produção de polimorfismos. A recombinação é o principal fenômeno que enfraquece o LD intracromossômico, enquanto o LD inter-cromossômico é decomposto por sortimento independente. O tamanho da população também desempenha um papel importante. Em populações pequenas, os efeitos da deriva genética resultam na perda consistente de raras combinações alélicas, que aumentam os níveis de LD (Flint-Garcia; Thornsberry; Buckler, 2003).

Além disto, em espécies alógamas o LD cai mais rapidamente, em comparação com as espécies autógamas, em milho foi mostrado que o LD cai em curta distância (100 a 1500pb) (Flint-Garcia; Thornsberry; Buckler, 2003; Vos *et al.*, 2017). Em plantas autógamas, frequentemente ocorre menor queda do LD devido ao fundo genético homozigoto, portanto os eventos de recombinação são ineficientes para causar queda do LD. Outro fator que pode afetar o LD, pode ocorrer em populações que sofreram recentemente uma redução no tamanho da população (gargalo) com acompanhamento de deriva genética extrema. Durante um gargalo, apenas poucas combinações alélicas são repassadas para as gerações futuras e isso pode gerar LD substancial (Flint-Garcia; Thornsberry; Buckler, 2003).

Em estudos realizados para arroz, foi observado LD decay que variou de 100 a 350 kb em uma coleção de 150 acessos de arroz de Ting (Zhang *et al.*, 2019c). Estudo realizado, utilizando SNPs não vinculados, mostrou que a extensão do LD é maior na subespécie *japonica temperada* (provavelmente >500 kb), seguido por *japonica tropical* (~150 kb) e *indica* (~75 kb). LD se estende por uma distância mais curta em *O. rufipogon* (<40 kb) do que em qualquer um dos grupos de *O. sativa* avaliados pelos autores (Mather *et al.*, 2007). Outro estudo com 137 acessos de arroz, foi mostrado um LD de 230 kb (Jang *et al.*, 2021).

1.1.4.2.2 Fenotipagem

Para otimizar a análise os dados fenotípicos podem ser convertidos em BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*). BLUP é método desenvolvido para aplicação no melhoramento animal para estimar efeitos aleatórios em modelos mistos e para estimar o valor genético (*breeding value* - aditividade) (Henderson, 1975).

A partir desse modelo e utilizando as informações fenotípicas dos descendentes é possível estimar o valor genético em animais. Uma matriz de correlação/covariâncias é obtida a partir do cálculo do coeficiente de parentesco (Henderson, 1975). No melhoramento animal as informações de *pedigree* eram mais facilmente obtidas do que no melhoramento vegetal. Por isso, era difícil o cálculo de parentesco em plantas, especialmente em autógamas, impossibilitando o uso desses métodos no melhoramento vegetal.

Com o desenvolvimento de marcadores moleculares a partir dos anos 90 foi possível estimar a similaridade genética em plantas (Piepho *et al.*, 2008). Nesse sentido, estudos de genotipagem permitem a estimativa de parentesco e a sua utilização no cálculo de BLUPs para uso no melhoramento vegetal.

2 CAPÍTULO I – Variabilidade genética em uma coleção de genótipos de arroz utilizados no Brasil

2.1 Introdução

O arroz (*Oryza sativa* L.) tem uma longa história de domesticação e atualmente é o alimento básico de aproximadamente metade da população mundial (Liu. *et al.*, 2022a). Prevê-se a necessidade de aumentar a produção de arroz para atender a demanda de uma população em constante crescimento. Esse aumento deve ser alcançado considerando a redução das áreas de terras aráveis, o esgotamento da água e as mudanças climáticas. No entanto, em vez de um aumento, houve uma redução na produção de arroz nos últimos anos. Vários fatores podem ter contribuído para essa redução, como fatores climáticos, problemas de solo, recursos hídricos limitados, incidência de pragas e doenças, além da dificuldade de acesso ao crédito e baixos preços das safras. Portanto, é evidente a necessidade de desenvolver variedades de arroz melhoradas que sejam resilientes em termos climáticos e de alto rendimento (Anwar *et al.*, 2022).

O desenvolvimento de novas variedades com características desejáveis, utilizando melhoramento tradicional (cruzamento e seleção artificial) depende principalmente da variabilidade genética (Anwar *et al.*, 2022). Os recursos de germoplasma de arroz permitem a inovação da ciência e do melhoramento de plantas. Além disso, está associado à segurança alimentar, ecológica e da indústria de sementes. A atuação da seleção natural e artificial de longo prazo nos processos de domesticação e cultivo, combinado com a preferência por variedades elite, resultou na simplificação das cultivares, acompanhada pela perda de genes e redução da variabilidade genética (Liu *et al.*, 2022a). Assim, a avaliação e classificação da variabilidade genética existente no arroz pode ajudar os melhoristas a lidarem com a estreita base genética desta cultura.

Estudos de variabilidade genética e estrutura populacional são essenciais para orientar programas de melhoramento e estratégias de seleção, bem como estabelecer táticas adequadas para a conservação e manejo do germoplasma. A análise da estrutura populacional envolve o agrupamento de indivíduos semelhantes em subpopulações com base no compartilhamento de informações genéticas, que são acessadas principalmente por meio de marcadores de polimorfismo de nucleotídeo

único (SNP) (Alhusain; Hafez, 2018). Além de aplicações na gestão de recursos genéticos e programas de melhoramento, a estrutura populacional é usada em estudos de associação genômica ampla (GWAS). O GWAS é uma abordagem poderosa e fácil para mapear locos de características quantitativas (QTL) e tem sido usado para elucidar a base genética de características complexas em diferentes espécies de plantas e animais (Safdar *et al.*, 2020). As informações geradas pelo GWAS são essenciais para aprimorar o processo de melhoramento.

Diferentes estudos de estrutura populacional e variabilidade genética já foram realizados em arroz (Dang *et al.*, 2015; Das *et al.*, 2013; Jin *et al.*, 2010; Kumbhar *et al.*, 2015; Nachimuthu *et al.*, 2015; Pradhan *et al.*, 2016; Reig-Valiente *et al.*, 2016; Suvi *et al.*, 2020; Tabanao *et al.*, 2015; Upadhyay *et al.*, 2012; Venske *et al.*, 2019; Wang; Kwon; Park, 2013; Yamasaki; Ideta, 2013; Zhang *et al.*, 2011). No entanto, com acessos utilizados no Brasil, principal país produtor de arroz fora da Ásia (USDA, 2023), poucos estudos de variabilidade genética utilizando marcadores moleculares são relatados. Dentre esses estudos está o desenvolvido por Venske *et al.* (2019), que utilizaram marcadores SNP em 94 acessos de arroz. Quanto maior o número de acessos analisados, mais informações sobre a variabilidade genética podem ser obtidas, além de melhor precisão. Assim, o objetivo deste estudo foi ampliar a coleção estudada por Venske *et al.*, (2019) e reanalisar a estrutura populacional e a variabilidade genética. Nesse sentido, foram adicionados mais 94 acessos de arroz utilizados no Brasil.

2.2 Material e métodos

Neste estudo, uma coleção de 188 acessos de arroz (*Oryza sativa* L.) utilizados no Brasil (Tabela 2) foi genotipada em duas etapas. Em ambas, o DNA foi extraído de folhas de plantas jovens, utilizando-se o protocolo CTAB (brometo de hexadeciltrimetilamônio) adaptado de Doyle e Doyle (1990), conforme as recomendações do laboratório de genotipagem. A quantidade, qualidade e integridade do DNA foram verificadas em espectrofotômetro (NanoDrop Lite da Thermo Scientific™) e eletroforese em gel de agarose. Em seguida, as amostras foram enviadas ao Laboratório de Serviços de Genotipagem – *International Rice Research Institute* (IRRI)/Filipinas. A genotipagem foi realizada com 7098 marcadores SNPs,

usando a plataforma de genotipagem 7K Infinium SNP (Illumina®) (versão atualizada do 6 K Infinium array; Thomson *et al.*, 2017).

Tabela 2 - Descrição dos acessos de arroz utilizados no estudo.

Acessos	Empresas brasileiras	Subespécies	Tipo do acesso	Sistema de cultivo	Origem	Características especiais
Agulhão	-	<i>indica</i>	Cultivar	sequeiro	Brasil	
Aliança	-	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
Amarelo B	Variedade tradicional	<i>japonica</i>	Variedade tradicional	Irrigado	Brasil	
Amaroo	-	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Austrália	
Ambar	-	<i>japonica</i>	Cultivar	Irrigado	Iraque	
Arbório	-	<i>japonica</i>	Cultivar	Irrigado	Itália	
Arroz da Terra	Variedade tradicional	<i>japonica</i>	Variedade tradicional	Irrigado	Brasil	P. avermelhado
Arroz do seco	Variedade tradicional	<i>japonica</i>	Variedade tradicional	Irrigado	Brasil	
Artiglio	-	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Itália	
Austral	-	-	Cultivar	Irrigado	Desconhecido	
Balilla	-	<i>japonica</i>	Cultivar	Irrigado	Itália	
Basmat 370	-	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Paquistão	Aromático
Batatais Coimbra	IAC ¹	<i>indica</i>	Cultivar	sequeiro	Brasil	
Belle Patna	-	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	EUA	
Bico Preto	Variedade tradicional	<i>japonica</i>	Variedade tradicional	Irrigado	Brasil	
Bico Torto	-	<i>japonica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
Bluebelle	-	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	EUA	
Bluebonnet	-	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	EUA	
Bolinha-Catetinho	-	<i>japonica</i>	Cultivar	sequeiro	Brasil	
BR-IRGA 409	Embrapa ² /IRGA ³	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
BR-IRGA 410	Embrapa/IRGA	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
BR-IRGA 411	Embrapa/IRGA	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
BR-IRGA 412	Embrapa/IRGA	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
BR-IRGA 413	Embrapa/IRGA	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
BR-IRGA 414	Embrapa/IRGA	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
Brilhante	-	<i>japonica</i>	Cultivar	Irrigado	Chile	

BRS 358	Embrapa	<i>japonica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
BRS 6 Chuí	Embrapa	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
BRS 7 Taim	Embrapa	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
BRS A901	Embrapa	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	P. avermelhado
BRS 902	Embrapa	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	P. avermelhado
BRS A501 CL	Embrapa/BASF ⁴	<i>indica</i>	Cultivar	sequeiro	Brasil	
BRS A701 CL	Embrapa	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
BRS A702 CL	Embrapa	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
BRS AG	Embrapa	<i>japonica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	Para biocombustível
BRS Agrisul	Embrapa	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
BRS Alvorada	Embrapa	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
BRS Apinajé	Embrapa	<i>indica</i>	Cultivar	sequeiro	Brasil	
BRS Aroma	Embrapa	<i>indica</i>	Cultivar	sequeiro	Brasil	Aromático
BRS Atalanta	Embrapa	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
BRS Bojuru	Embrapa	<i>japonica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
BRS Bonança	Embrapa	<i>indica</i>	Cultivar	sequeiro	Brasil	
BRS Catiana	Embrapa	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
BRS CIRAD 302	CIRAD ⁵ /Embrapa	<i>indica</i>	Híbrido	Irrigado	Brasil	
BRS Colosso	Embrapa	<i>indica</i>	Cultivar	sequeiro	Brasil	
BRS Esmeralda	Embrapa	<i>indica</i>	Cultivar	sequeiro	Brasil	
BRS Firmeza	Embrapa	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
BRS Formoso	Embrapa	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
BRS Fronteira	Embrapa	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
BRS Jaçanã	Embrapa	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
BRS Ligeirinho	Embrapa	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
BRS MA 357	Embrapa	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
BRSMG Caravera	Embrapa	<i>indica</i>	Cultivar	sequeiro	Brasil	
BRS Monarca	Embrapa	<i>indica</i>	Cultivar	sequeiro	Brasil	

BRS Ouro Minas	Embrapa	<i>indica</i>	Cultivar	irrigado	Brasil	
BRS Pampa	Embrapa	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
BRS Pampeira	Embrapa	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
BRS Pelota	Embrapa	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
BRS Pepita	Embrapa	<i>indica</i>	Cultivar	sequeiro	Brasil	
BRS Primavera	Embrapa	<i>indica</i>	Cultivar	sequeiro	Brasil	
BRS Querência	Embrapa	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
BRS Roraima	Embrapa	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
BRS Sertaneja	Embrapa	<i>indica</i>	Cultivar	sequeiro	Brasil	
BRS Sinuelo CL	Embrapa	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
BRS Tropical	Embrapa	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
BRSGO Guará	Embrapa	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
BRSGO Serra dourada	Embrapa	<i>indica</i>	Cultivar	sequeiro	Brasil	
BRSMG Conai	Embrapa	<i>indica</i>	Cultivar	sequeiro	Brasil	
BRSMG Predileta	Embrapa/EPAMIG ⁶	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
BRSMG Relâmpago	Embrapa	<i>indica</i>	Cultivar	sequeiro	Brasil	
BRSMG Rubelita	Embrapa	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
BRSMG Seleta	Embrapa/EPAMIG	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
Cachinho	Variedade tradicional	<i>japonica</i>	Variedade tradicional	Irrigado	Brasil	P. avermelhado
Cacho Grande	Variedade tradicional	<i>japonica</i>	Variedade tradicional	Sequeiro	Brasil	
Caiapó	Embrapa/Emater ⁷ GO	<i>indica</i>	Cultivar	sequeiro	Brasil	
Cana Roxa	Variedade tradicional	<i>japonica</i>	Variedade tradicional	Irrigado	Brasil	
Canastra	Embrapa/EPAMIG	<i>indica</i>	Cultivar	sequeiro	Brasil	
Carajás	Embrapa/Emater GO	<i>indica</i>	Cultivar	sequeiro	Brasil	
Carnaroli	-	<i>japonica</i>	Cultivar	Irrigado	Itália	
Carolina	-	<i>japonica</i>	Cultivar	Sequeiro	EUA	
Chatinho	Variedade tradicional	<i>indica</i>	Variedade tradicional	Irrigado	Brasil	

CICA 8	-	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Colômbia	
CICA 9	-	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Colômbia	
Cina	-	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Ancestral	
Dawn	-	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	EUA	
Dee-Geo-Woo-Ten	-	<i>japonica</i>	Cultivar	Irrigado	Taiwan	
Diamante	-	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
Douradão	EPAMIG	<i>indica</i>	Cultivar	Sequeiro	Brasil	
EEA 304	EEA ⁸ /IRGA	<i>japonica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
EEA 404	EEA/IRGA	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
EEA 406	EEA/IRGA	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
Empasc 100	Epagri ⁹	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
Empasc 101	Epagri	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
Empasc 102	Epagri	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
Empasc 103	Epagri	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
Empasc 104	Epagri	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	Aromático
Empasc 105	Epagri	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
Epagri 106	Epagri	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
Epagri 107	Epagri	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
Epagri 108	Epagri	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
Epagri 109	Epagri	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
Farroupilha	-	<i>japonica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
Fernandes	-	<i>indica</i>	cultivar	sequeiro	Brasil	
Guaporé	-	<i>indica</i>	Cultivar	sequeiro	Brasil	
Guri INTA CL	BASF S.A.	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
I GEO TSE	-	<i>japonica</i>	Cultivar	Irrigado	Taiwan	
IAC 101	IAC	<i>indica</i>	Cultivar	Sequeiro	Brasil	
IAC 114	IAC	<i>indica</i>	Cultivar	Sequeiro	Brasil	
IAC 165	IAC	<i>indica</i>	Cultivar	Sequeiro	Brasil	

IAC 201	IAC	<i>indica</i>	Cultivar	Sequeiro	Brasil	
IAC 202	IAC	<i>indica</i>	Cultivar	Sequeiro	Brasil	
IAC 203	IAC	<i>indica</i>	Cultivar	Sequeiro	Brasil	
IAC 25	IAC	<i>indica</i>	Cultivar	Sequeiro	Brasil	
IAC 301	IAC	-	Cultivar	Sequeiro	Brasil	
IAC 400	IAC	<i>japonica</i>	Cultivar	Sequeiro	Brasil	
IAC 47	IAC	<i>indica</i>	Cultivar	Sequeiro	Brasil	
IAC 500	IAC	<i>indica</i>	Cultivar	Sequeiro	Brasil	Aromático
IAC 600	IAC	<i>japonica</i>	Cultivar	Sequeiro	Brasil	Pericarpo roxo
IAS 12-9 Formosa	Embrapa	<i>japonica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
IR 8	IRRI ¹⁰	<i>japonica</i>	Cultivar	Irrigado	Filipinas	
IRAT 124	-	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
IRAT 162	-	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
IRGA 416	IRGA	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
IRGA 417	IRGA	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
IRGA 418	IRGA	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
IRGA 419	IRGA	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
IRGA 420	IRGA	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
IRGA 421	IRGA	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
IRGA 422 CL	IRGA	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
IRGA 423	IRGA	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
IRGA 424 RI	IRGA	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
IRGA 427	IRGA	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
IRGA 428	IRGA	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
IRGA 429	IRGA	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
IRGA 431 CL	IRGA	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
Japonês de Várzea	Variedade tradicional	<i>japonica</i>	Variedade tradicional	Irrigado	Brasil	
Jasmine	-	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Tailândia	Aromático

Jasmine 85	-	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Tailândia	Aromático
Koschihikari	-	<i>japonica</i>	Cultivar	Irrigado	Japão	
Lacassine	-	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	EUA	
Lemont	-	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	EUA	
M1150	CGF ¹¹	<i>indica</i>	*LMD BRS Querência	Irrigado	Brasil	
M1313	CGF	<i>indica</i>	LMD BRS Querência	Irrigado	Brasil	
M1410	CGF	<i>indica</i>	LMD BRS Querência	Irrigado	Brasil	
Meio Chumbinho	Variedade tradicional	<i>indica</i>	Variedade tradicional	Irrigado	Brasil	
Metica 1	-	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Colômbia	
Mogi	Variedade tradicional	<i>indica</i>	Variedade tradicional	Sequeiro	Brasil	
Nowrin Mochi	-	<i>japonica</i>	Cultivar	Irrigado	Japão	
OR 63-252	-	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
Oryzica 1	-	<i>indica</i>	cultivar	Irrigado	Colômbia	
Peta	-	<i>japonica</i>	Cultivar	Irrigado	Indonésia	
Puitá INTA CL	BASF S.A.	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Argentina	
Qualimax	-	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
Reetz	Variedade tradicional	<i>japonica</i>	Variedade tradicional	Irrigado	Brasil	P. avermelhado
Rexoro	-	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	EUA	
Sambuc	-	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	França	
SC 173	Epagri	<i>indica</i>	Linhagem avançada	Irrigado	Brasil	
SC 460	Epagri	<i>japonica</i>	Linhagem avançada	Irrigado	Brasil	
SCS 112	Epagri	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
SCS 114	Epagri	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
Andosan	Epagri	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
SCS 115 CL	Epagri	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
SCS 116 Satoru	Epagri	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
SCS 117 CL	Epagri	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
SCS 118	Epagri	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
Marques	Epagri	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
SCS 119 Rubi	Epagri	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	P. avermelhado

SCS 120 Ônix	Epagri	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	Pericarpo roxo
SCS 121 CL	Epagri	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
SCS 122 Miura	Epagri	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
SCS 123 Pérola	Epagri	<i>japonica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
SCS 124 Sardo	Epagri	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
SCS Pantaneira	Epagri	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
SCS Piracema	Epagri	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
SCS BRS 111	Epagri/Embrapa	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
SCSBRS Tio Taka	Epagri/Embrapa	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Brasil	
Selenio	-	<i>japonica</i>	Cultivar	Irrigado	Itália	P. avermelhado
Sirio	-	<i>japonica</i>	Cultivar	Irrigado	Itália	
Soulanet	-	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	França	
Tetep	-	<i>indica</i>	Cultivar	Irrigado	Vietnã	
Tomoe Mochi	-	<i>japonica</i>	Cultivar	Irrigado	Japão	
TOX 514-16-101-1	-	<i>indica</i>	Cultivar	Sequeiro	Nigéria	
YIN LU 30	-	<i>japonica</i>	Cultivar	Irrigado	China	
Zebu	Variedade tradicional	<i>japonica</i>	Variedade tradicional	Sequeiro	Desconhecido	
Zenith	-	<i>japonica</i>	Cultivar	Irrigado	EUA	
250_1_425	CGF	<i>indica</i>	LMD BRS Pampeira	Irrigado	Brasil	
250_1_498	CGF	<i>indica</i>	LMD BRS Pampeira	Irrigado	Brasil	
250_1_519	CGF	<i>indica</i>	LMD BRS Pampeira	Irrigado	Brasil	
250_1_636	CGF	<i>indica</i>	LMD BRS Pampeira	Irrigado	Brasil	
300_2_267	CGF	<i>indica</i>	LMD BRS Pampeira	Irrigado	Brasil	

*LMD – Linhagem mutante derivada;

¹IAC – Instituto Agronômico de Campinas

²Embrapa – Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária.

³IRGA – Instituto Rio-Grandense do Arroz.

⁴BASF S.A.

⁵CIRAD - Centro de cooperação internacional em pesquisa agronômica para o desenvolvimento (França).

⁶EPAMIG - Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais.

⁷Emater - Instituto de Assistência Técnica e Extensão Rural.

⁸EEA – Estação Experimental do arroz.

⁹Epagri – Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina.

¹⁰IRRI - Instituto Internacional de Investigação do Arroz.

¹¹CGF – Centro de Genômica e Fitomelhoramento.

Fonte: Adaptado de Oliveira, 2019, 2023a.

Os dados de genotipagem passaram por duas filtrações. A primeira filtração foi feita no programa TASSEL V.5.2.86 (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.

Os dados de genotipagem remanescentes foram utilizados para calcular o declínio do desequilíbrio de ligação (*LD decay*) entre os marcadores SNPs através de comparações pareadas utilizando o parâmetro r^2 . Essa análise foi executada no programa TASSEL.

A segunda filtração, baseada no desequilíbrio de ligação, foi executada no programa pLINK (Purcell *et al.*, 2007). Os dados de genotipagem remanescentes da primeira filtração foram convertidos no programa PGDSpider (Iischer; Excoffier, 2012) e carregados no programa pLINK considerando o valor do parâmetro r^2 gerado previamente. Após a segunda filtração, os marcadores e genótipos que restaram foram utilizados para construção da estrutura da população e análise de agrupamento.

A estrutura da população foi simulada utilizando o método de agrupamento Bayesiano, através do software STRUCTURE 2.3.4. Os valores de população K de 1 a 10 foram simulados com 10 interações para cada K. Foi utilizado *Length of Burning Period* de 150.000 seguido por *Number of MCMC Reps after Burning* de 150.000 para obter uma estimativa do número mais provável de populações. Os demais parâmetros foram mantidos de acordo com o padrão do programa. Os resultados foram interpretados no programa Structure Harvester (Pritchard; Stephens; Donnelly, 2000). Neste caso foi utilizado o critério de Evanno para definir o número ótimo de grupos em que a população está estruturada geneticamente (ΔK) (Evanno; Regnaut; Goudet, 2005).

A análise dos componentes principais (PCA) foi feita pré-estabelecendo o máximo de dois componentes, obedecendo o resultado da análise Bayesiana, sendo estes componentes plotados um contra o outro. Os pontos (genótipos) foram coloridos de acordo com o agrupamento da estrutura da população. Essa análise foi feita no programa TASSEL.

Foi construída uma árvore filogenética do tipo “sem raiz” (*unrooted*), baseada em matriz de distância genética calculada pelo parâmetro identidade por estado

(*identity by state*) e no agrupamento do vizinho mais próximo (*neighbor joining*), utilizando o software TASSEL.

Para melhor compreender quais fatores contribuíram para a formação das subpopulações os acessos de arroz, foram avaliados quanto a subespécie, empresa obtentora e sistema de cultivo.

2.3 Resultados e discussão

Após a primeira filtragem dos dados, foram mantidos 177 acessos e 4843 marcadores SNPs. Quando a segunda filtragem foi aplicada, considerando o LD *decay* ($r^2 = 0,5$) (Figura 2), apenas 1185 SNPs permaneceram na análise.

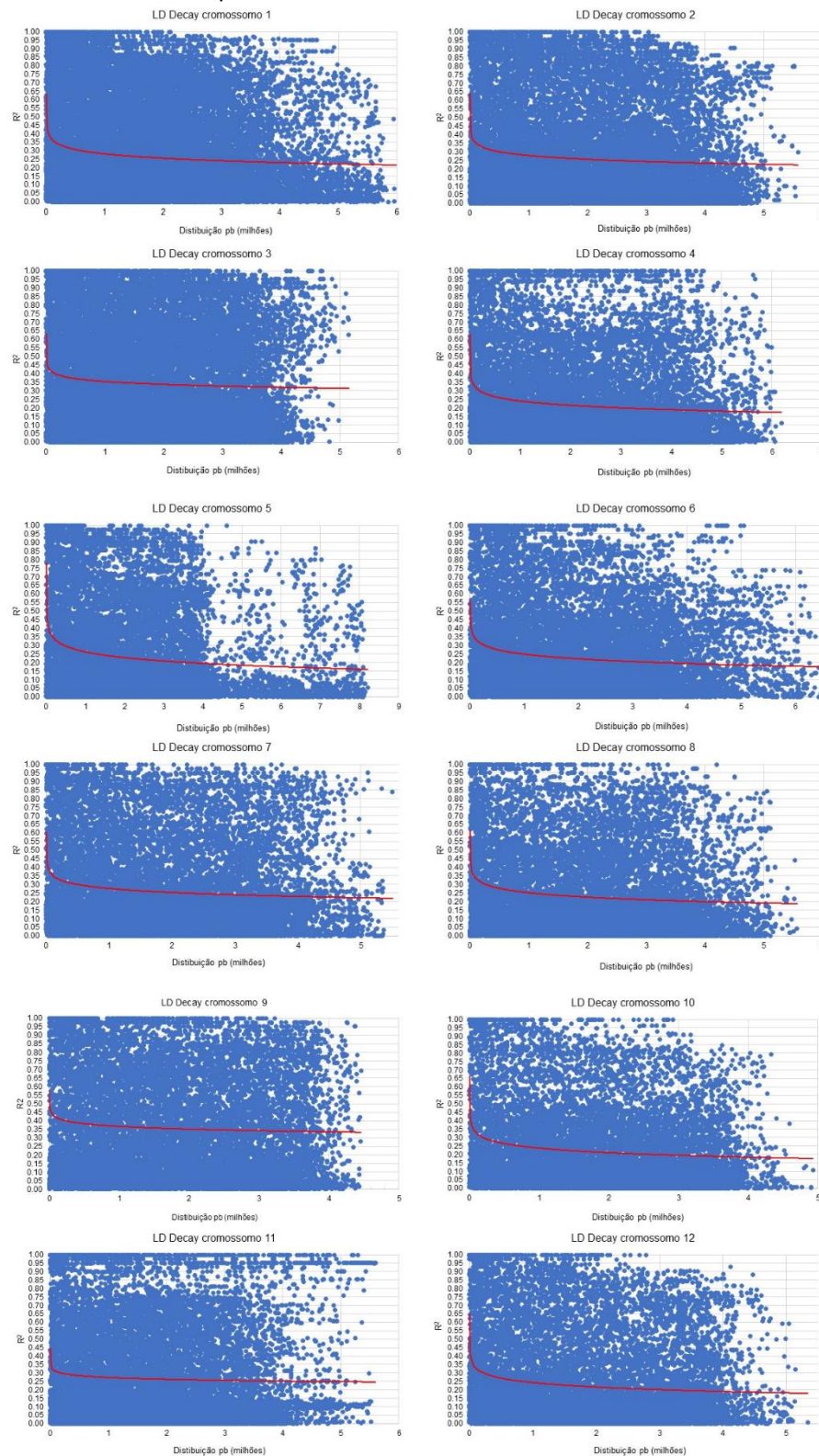
O estudo de associação como um método eficiente identifica as regiões genômicas que controlam características quantitativas com base no desequilíbrio de ligação (LD) (Gupta; Rustgi; Kulwal, 2005). A taxa de queda do LD facilitará a descoberta de marcadores confiáveis e facilitará a descoberta de novos genes ou variantes alélicas que controlam essas características. A quantidade de LD em todo o genoma e cromossomos pode influenciar significativamente a capacidade de mapeamento e a eficácia da seleção com a ajuda dos marcadores associados. Marcadores fortemente ligados têm o r^2 mais alto e o r^2 médio diminui rapidamente à medida que a distância de ligação aumenta (Barik *et al.*, 2022).

O r^2 no momento da queda do LD indica a distância que ocorre recombinação entre dois marcadores, ou seja, é distância em que os marcadores não são mais considerados ligados ou herdados juntos. A raiz quadrada de r^2 fornece o valor de r , que é a correlação ou ligação entre marcadores. Dessa forma, um r^2 de 0,5 resulta em $r = 0.7$, que significa que em 70% das vezes dois marcadores são herdados juntos e a frequência de recombinação entre eles é de 30%. Nesse estudo, o r^2 médio nos diferentes cromossomos foi 0,5, o que equivale a uma distância de aproximadamente 100kb. No entanto, ocorrem variações nos padrões de LD entre os cromossomos (Figura 2). Resultados similares de distância do LD *decay* foram encontrados em outros estudos em arroz, e observaram valores próximos de 100 a 200kb (Huang *et al.*, 2010; Lu *et al.*, 2015; Mather *et al.*, 2007; McNally *et al.*, 2009).

A queda do LD ocorre mais lentamente em espécies autógamas do que em espécies alógamas. Da mesma forma, é mais lento em espécies domesticadas do que

em espécies selvagens, e mais lento em genótipos endogâmicos do que em genótipos oriundos de cruzamentos. Por exemplo, a queda do LD em soja é mais lenta (>50kb) do que em milho (400-1500pb) (Kolkman *et al.*, 2007).

Figura 2 - Gráfico de queda do desequilíbrio de ligação entre locos ao longo do genoma do arroz, para 177 acessos de arroz avaliados para 1185 locos SNP.



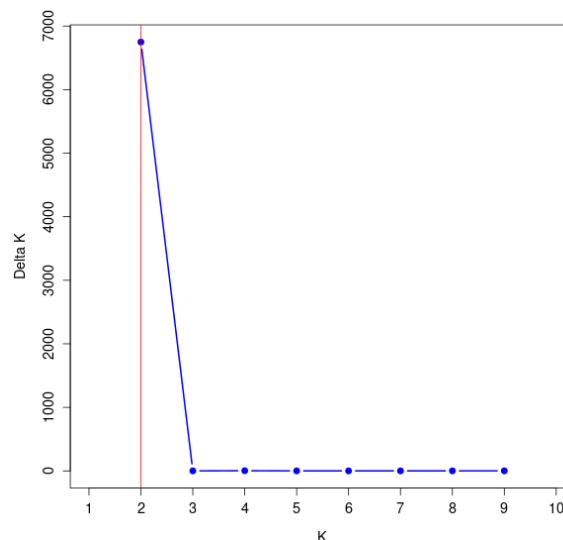
Fonte: Elaborada pelo autor.

As características de interesse agrônômico, como produtividade, são de herança complexa e, portanto, mais difíceis de melhorar. Uma das ferramentas que

pode auxiliar a identificar regiões responsáveis por tais características, são os de estudos de associação genômica ampla (GWAS) (Viana *et al.*, 2019). Na aplicação do GWAS a compreensão da estrutura da população é importante pois permite ao melhorista conhecer a estrutura genética de uma população, detectar a estrutura familiar, estimar níveis de migração e dispersão, além de auxiliar na manutenção do banco de germoplasma e no diagnóstico evolutivo (Cruz; Ferreira; Pessoni, 2011). Além disso, seu objetivo é descartar associações significativas entre marcadores e genes quando esses são realmente independentes (Pritchard; Rosenberg, 1999; Pritchard; Stephens; Donnelly, 2000).

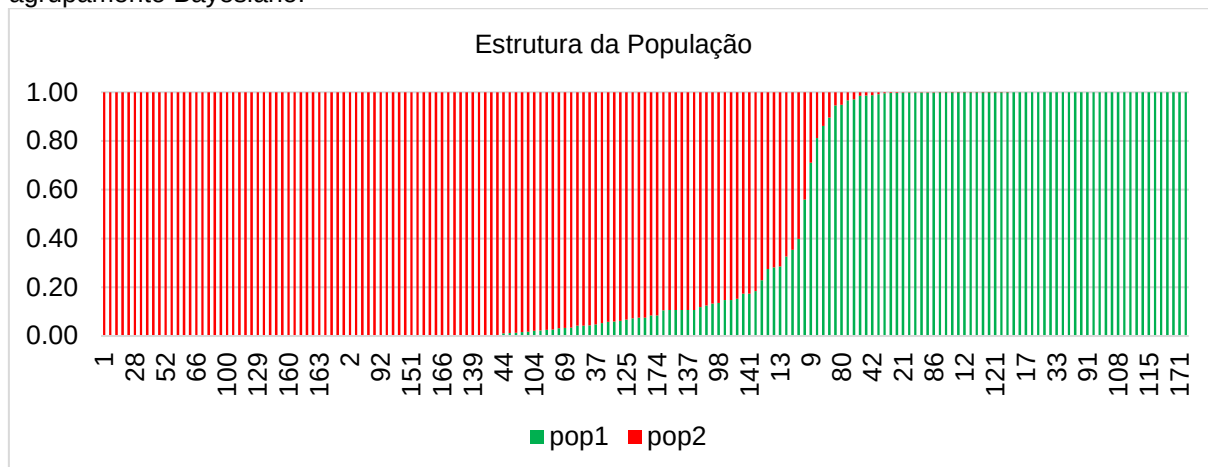
O número de componentes do modelo que melhor explica a estrutura dos dados é dois (Figura 3), demonstrando que os acessos analisados se dividem em duas grandes subpopulações (Figura 4 e Tabela 3). A estrutura da população obtida sugere estreita variabilidade na coleção de 177 genótipos de arroz usados no Brasil.

Figura 3 - Delta K. Número de clusters recomendados para representar a população do estudo.



Fonte: Elaborada pelo autor.

Figura 4 - Estrutura genética da população de acessos de arroz estudados obtida através do agrupamento Bayesiano.



Fonte: Elaborada pelo autor.

Tabela 3 - Estrutura da população dos acessos de arroz de acordo com o agrupamento Bayesiano.

Genótipo	Q1	Q2	Genótipo	Q1	Q2	Genótipo	Q1	Q2
250_1_425	0.00	1.00	SCS 123 Pérola	0.00	1.00	BRS Pepita	0.90	0.10
250_1_498	0.00	1.00	SCS 124 Sardo	0.00	1.00	Canastra	0.95	0.05
250_1_519	0.00	1.00	SCS Pantaneira	0.00	1.00	Tomoe Mochi	0.95	0.05
250_1_636	0.00	1.00	SCS Piracema	0.00	1.00	BRS Bojuru	0.97	0.03
300_2_267	0.00	1.00	SCS BRS TIO TAKA	0.00	1.00	BRS Monarca	0.97	0.03
BASMAT 370	0.00	1.00	ZEBU	0.00	1.00	BRS Apinajé	0.99	0.01
BR-IRGA 409	0.00	1.00	BRS Atalanta	0.01	0.99	BRS Sertaneja	0.99	0.01
BR-IRGA 412	0.00	1.00	CICA 8	0.01	0.99	BRSGO Serra Dourada	0.99	0.01
BR-IRGA 413	0.00	1.00	SCS BRS 111	0.01	0.99	IAC101	0.99	0.01
BR-IRGA 414	0.00	1.00	Aliança	0.02	0.98	Agulhão	1.00	0.00
IRGA 416	0.00	1.00	GURI INTA CL	0.02	0.98	Amaroo	1.00	0.00
IRGA 421	0.00	1.00	IR 8	0.02	0.98	Arbório	1.00	0.00
IRGA 422 CL	0.00	1.00	Jasmine	0.02	0.98	Arroz do Seco	1.00	0.00
IRGA 423	0.00	1.00	BRS Tropical	0.03	0.97	Batatais Coimbra	1.00	0.00
IRGA 431CL	0.00	1.00	BRSMG Predileta	0.03	0.97	Belle Patna	1.00	0.00
BRS 6 Chuí	0.00	1.00	SC 460	0.03	0.97	Bico Preto	1.00	0.00
BRS 7 Taim	0.00	1.00	SCS 121 CL	0.03	0.97	Bico Torto	1.00	0.00
BRS Agrisul	0.00	1.00	BRS A701CL	0.04	0.96	Bluebonnet	1.00	0.00
BRS Catiana	0.00	1.00	BRS SINUELO CL	0.04	0.96	Bolinha/catetinho	1.00	0.00
BRS Formozo	0.00	1.00	Diamante	0.04	0.96	BR-IRGA 411	1.00	0.00
BRS Fronteira	0.00	1.00	SCS 116 SATORU	0.04	0.96	Brilhante	1.00	0.00
BRS Jaçanã	0.00	1.00	BRS A702CL	0.05	0.95	BRS AG	1.00	0.00
BRS MA 357	0.00	1.00	EMPASC 105	0.05	0.95	BRS Colosso	1.00	0.00
BRS MG Rubelita	0.00	1.00	IRAT 124	0.06	0.94	BRS Esmeralda	1.00	0.00
BRS Ouro Minas	0.00	1.00	IRGA 418	0.06	0.94	BRS Primavera	1.00	0.00
BRS PAMPA	0.00	1.00	SC 173	0.06	0.94	BRSMG Caravera	1.00	0.00
BRS Pampeira	0.00	1.00	BRSGO Guará	0.07	0.93	BRSMG Conai	1.00	0.00

BRS Pelota	0.00	1.00	IRGA 420	0.07	0.93	BRSMG Relâmpago	1.00	0.00
BRS Roraima	0.00	1.00	Metica 1	0.07	0.93	Cacho Grande	1.00	0.00
BRSMG Seleta	0.00	1.00	BRS Alvorada	0.08	0.92	Caiapó	1.00	0.00
Cachinho	0.00	1.00	EPAGRI 106	0.08	0.92	Carajás	1.00	0.00
CICA 9	0.00	1.00	TOX-514-16-101-1	0.08	0.92	Carnaroli	1.00	0.00
EMPASC 101	0.00	1.00	BRS Ligeirinho	0.11	0.89	Cina	1.00	0.00
EMPASC 102	0.00	1.00	BRS Querência	0.11	0.89	Dawn	1.00	0.00
EMPASC 103	0.00	1.00	IAS12-9-FORMOSA	0.11	0.89	EEA 406	1.00	0.00
EMPASC 104	0.00	1.00	M1150	0.11	0.89	Empasc 100	1.00	0.00
EPAGRI 108	0.00	1.00	M1313	0.11	0.89	Farroupilha	1.00	0.00
EPAGRI 109	0.00	1.00	M1410	0.11	0.89	Fernandes	1.00	0.00
IRGA 417	0.00	1.00	I GEO TSE	0.12	0.88	Guaporé	1.00	0.00
IRGA 419	0.00	1.00	Dee-Geo-Woo-Ten	0.13	0.87	IAC 114	1.00	0.00
IRGA 424 RI	0.00	1.00	OR 63-252	0.13	0.87	IAC 165	1.00	0.00
IRGA 427	0.00	1.00	EPAGRI 107	0.14	0.86	IAC 201	1.00	0.00
IRGA 428	0.00	1.00	Austral	0.15	0.85	IAC 202	1.00	0.00
IRGA 429	0.00	1.00	BR-IRGA 410	0.15	0.85	IAC 203	1.00	0.00
JASMINE 85	0.00	1.00	BRS 358	0.15	0.85	IAC 25	1.00	0.00
Lemont	0.00	1.00	BRS A902	0.17	0.83	IAC 301	1.00	0.00
Meio Chumbinho	0.00	1.00	BRS CIRAD 302	0.17	0.83	IAC 400	1.00	0.00
Oryzica1	0.00	1.00	Reetz	0.18	0.82	IAC 47	1.00	0.00
Peta	0.00	1.00	Chatinho	0.23	0.77	IAC 500	1.00	0.00
Puitá INTA CL	0.00	1.00	TETEP	0.27	0.73	IAC 600	1.00	0.00
SAMBUC	0.00	1.00	BRS A901	0.28	0.72	IRAT 162	1.00	0.00
SCS 112	0.00	1.00	Artiglio	0.29	0.71	Koschikari	1.00	0.00
SCS 114 Andosan	0.00	1.00	Rexoro	0.33	0.67	Lacassine	1.00	0.00
SCS 115 CL	0.00	1.00	Arroz da Terra	0.35	0.65	Mogi	1.00	0.00
SCS 117 CL	0.00	1.00	Qualimax	0.40	0.60	Nowrin Mochi	1.00	0.00
SCS 118 Marques	0.00	1.00	Japonês de Várzea	0.56	0.44	Selênio	1.00	0.00

SCS 119 Rubi	0.00	1.00	Ambar	0.71	0.29	Sirio	1.00	0.00
SCS 120 Ônix	0.00	1.00	BRS Bonança	0.81	0.19	Yin Lu 30	1.00	0.00
SCS 122 Miura	0.00	1.00	BRS Aroma	0.86	0.14	Zenith	1.00	0.00

*Q – Matriz Q.

Verde = subpopulação 1; Azul = misto; Vermelho = subpopulação 2.

Fonte: Elaborada pelo autor.

Venske *et al.*, (2019), analisou parte dos acessos deste estudo e observou que o número de componentes que melhor explica a estrutura da população era oito subpopulações, porém já havia detectado restrita variabilidade entre os genótipos. Busanello *et al.*, (2020) em estudo com os mesmos acessos utilizados por Venske *et al.*, (2019), porém avaliando características fenotípicas, também observou esse estreitamento da variabilidade. Isso ocorre principalmente pois os genótipos de arroz que originaram as cultivares elites normalmente são usados repetidamente nos blocos de cruzamento. A variabilidade desempenha um papel vital na seleção de genótipos superiores em programas de melhoramento, na sua ausência, é necessário buscar alternativas para obter genes e alelos de interesse, algumas opções são genótipos silvestres, indução de mutação e edição gênica (Kadam *et al.*, 2023; Kulsum; Sarker; Rasul, 2022; Raina *et al.*, 2022; Vu *et al.*, 2022).

Estudos anteriores com outro germoplasma têm relatado a existência de duas a oito subpopulações por meio de análise de variabilidade genética. Em uma coleção de 101 acessos de arroz (43 Tailandeses e 57 obtidos no germoplasma do IRRI), foi observado uma estrutura de população com seis subpopulações (Chakhonkaen *et al.*, 2012). Em uma coleção de 91 genótipos, oriundos da Índia, foi identificada uma estrutura de população com quatro subpopulações (Das *et al.*, 2013). A estrutura de população de 305 genótipos de arroz, selecionados pela variabilidade no conteúdo de proteínas, oriundos da Índia, apresentaram apenas duas subpopulações (Pradhan *et al.*, 2019). Esse resultado também foi observado em uma população de 54 genótipos, oriundos da Tanzânia, Filipinas e Moçambique (Suvi *et al.*, 2020). Em uma população com 205 acessos de arroz dos EUA, foi observada uma estrutura de população com oito subpopulações (Bhattarai; Subudhi, 2019).

A formação das subpopulações (Figura 4, Tabela 3) pode ser explicada pela composição da coleção ser principalmente de acessos brasileiros. Os genótipos estrangeiros presentes no estudo são utilizados apenas nos cruzamentos, com isso a constituição genética desses é restrita.

A subpopulação 1 (verde) foi composta por 62 acessos e a subpopulação 2 (vermelho) apresenta 113 acessos. Os genótipos que não mostraram mais de 65% de associação de determinada subpopulação foram considerados mistos. Quando se observa os acessos de arroz que ficaram em cada subpopulação, pode-se observar que a cultivar BRS Pampeira e os cinco mutantes derivados dela e BRS Querência e seus mutantes ficaram na subpopulação 2, como esperado.

Quando se considera a subespécie, verifica-se que há acessos da subespécie *indica* e *japonica* presentes nas duas subpopulações. Para subespécie *indica* 40 acessos foram alocados na subpopulação 1 (verde) e 100 acessos fazem parte da subpopulação 2 (vermelho). Para a subespécie *japonica* 20 acessos formam alocados na subpopulação 1 e 12 acessos fazem parte da subpopulação 2.

Se a empresa detentora for considerada observa-se que os dois acessos da empresa BASF ficaram na subpopulação 2. As cultivares desenvolvidas pela EMBRAPA e parceiros foram distribuídos nas duas subpopulações, enquanto que as cultivares desenvolvidas pela EPAGRI ficaram na subpopulação 2, exceto o acesso EMPASC 100 que ficou na subpopulação 1. Todos os genótipos desenvolvidos pela empresa IAC foram alocados na subpopulação 1. Por outro lado, os acessos desenvolvidos pelo IRGA e parceiros ficaram na subpopulação 2, exceto o acesso BR IRGA 411 (subpopulação 1).

Quando se leva em consideração o sistema de cultivo, verifica-se que a maioria dos genótipos (111) do sistema irrigado pertence a subpopulação 2, restando 27 acessos na subpopulação 1, e dois acessos classificados como misto. Dos genótipos de cultivo em terras altas ou sequeiro, 35 foram alocados na subpopulação 1 e apenas dois na subpopulação 2.

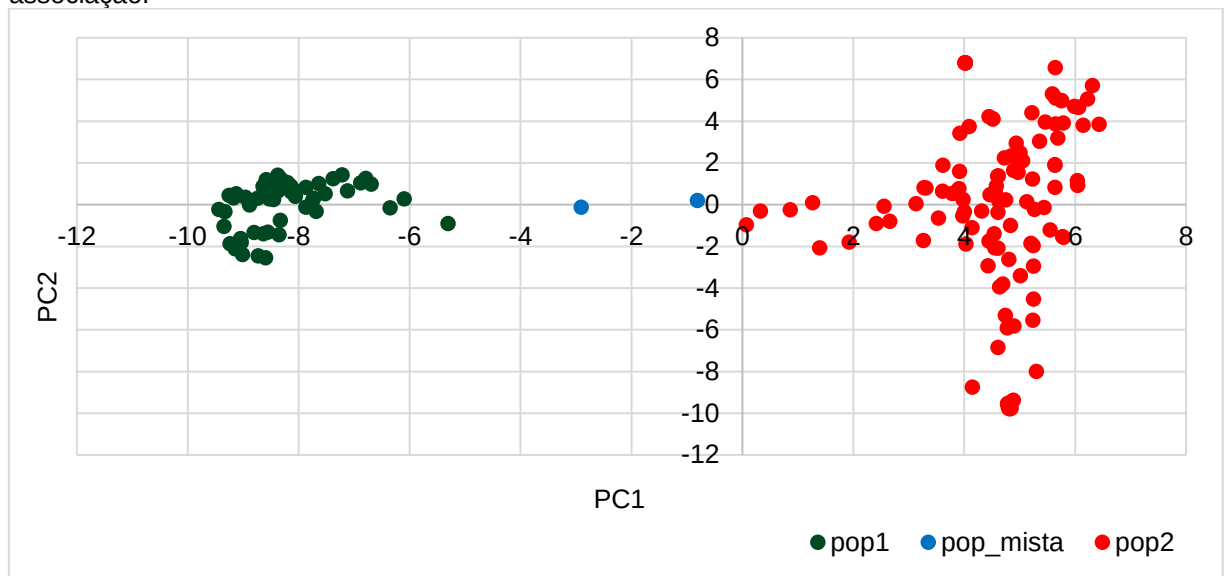
Os parâmetros que mais contribuíram com a separação dos genótipos em subpopulações foram o sistema de cultivo e as empresas de melhoramento que desenvolveram as cultivares. Em estudo prévio, os autores observaram que o parâmetro que mais contribuiu com a formação das subpopulações foi a empresa detentora (Venske *et al.*, 2019).

Ao que parece a subespécie não foi um fator determinante na formação das subpopulações. Isso pode ser explicado pela utilização genitores de ambas as subespécies nos blocos de cruzamento. Dessa forma, as novas cultivares, apesar de apresentarem fenótipo mais do tipo *indica* ou mais do tipo *japonica*, possuem a constituição genética das duas subespécies. Estudo avaliando a variabilidade de 205 acessos de arroz, realizado nos EUA, observou a formação de oito subpopulações, sendo que o local de origem foi o fator mais determinante para a formação destes grupos. Zhao *et al.*, (2009) mostraram que os 150 acessos de arroz utilizados em seu estudo se dividiram em três subpopulações, uma da subespécie *indica* e duas compostas por acessos da subespécie *japonica*, e em análise posterior os autores verificaram que estes acessos se dividiram nas subpopulações pelo país de origem.

Similarmente, um estudo com 15 linhagens neo-tetraplóides (NTR), 18 autotetraplóides e 38 acessos de arroz (8 acessos de arroz selvagem comum, 15 de arroz *indica* e 15 de arroz *japonica*), mostrou que na estrutura da população os acessos se dividiram em cinco subpopulações, *Oryza rufipogon* (arroz selvagem), *indica*, *japonica*, *javanica* e NTR, e as classificações da maioria das amostras estava de acordo com as características de suas subespécies conhecidas (Yu *et al.*, 2021).

Outra estratégia utilizada para visualizar a variabilidade genética é a análise de componentes principais (PCA). A partir dessa análise se observa a formação clara de dois grupos. Os acessos da subpopulação1 ficaram agrupados a esquerda do gráfico e os da subpopulação 2 a direita do gráfico (Figura 5). Esse resultado mostra a confiabilidade das análises, visto que os genótipos foram igualmente agrupados na estrutura da população e no PCA.

Figura 5 - Análise de componentes principais para 177 acessos de arroz avaliados em 1185 locos SNP. Foi plotado neste gráfico PC1 versus PC2, as cores seguiram a classificação dos acessos na estrutura da população, sendo considerados da mesma subpopulação aqueles acessos com $\geq 65\%$ de associação.

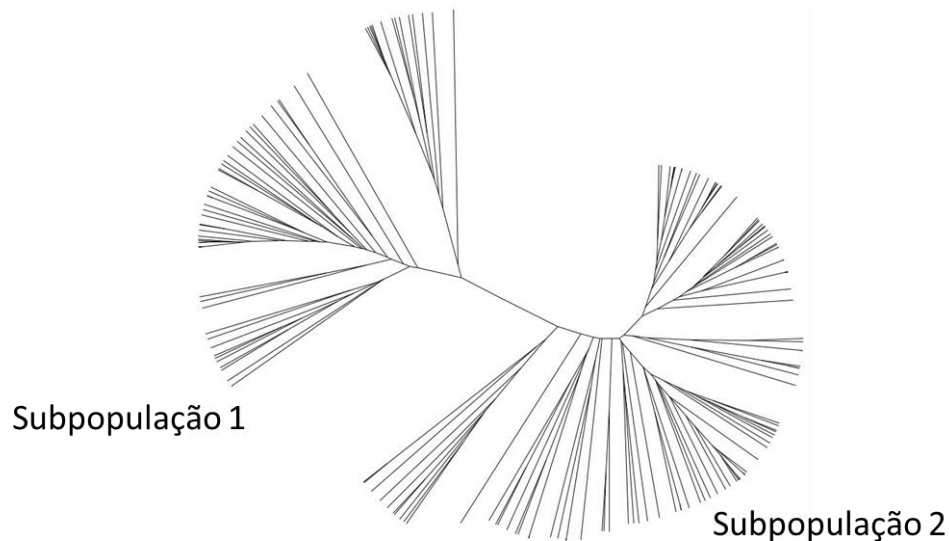


Fonte: Elaborada pelo autor.

Adicionalmente, outra abordagem utilizada foi a construção de uma árvore filogenética não enraizada, utilizando o método de agrupamento UPGMA (*Unweighted Pair Group Method using Arithmetic averages*). Assim como no método Bayesiano, foi demonstrada graficamente a separação dos acessos em dois grupos (Figura 6). Os dois grupos são formados pelos mesmos genótipos que se separam na estrutura da população. As três análises, estrutura da população, PCA e árvore filogenética trazem

os mesmos resultados, confirmando a similaridade dos genótipos distribuídos em cada grupo.

Figura 6 - Árvore filogenética não enraizada dos 177 acessos de arroz, utilizando o método UPGMA no programa Tassel.



Fonte: Elaborada pelo autor.

2.4 Conclusão

A queda do desequilíbrio de ligação foi relativamente lenta na coleção de arroz avaliada, cerca de 100kb, com pequena variação entre os cromossomos. A estrutura da população foi dividida em duas subpopulações, assim como PCA e árvore filogenética, evidenciando estreita variabilidade genética. Os parâmetros que mais contribuíram para essa divisão foram sistema de cultivo e empresa obtentora. A coleção estudada, assim como os SNPs remanescentes podem ser utilizados para estudos de associação genômica ampla.

3 CAPÍTULO II – Variabilidade genética de genótipos de arroz em resposta ao estresse salino no estágio reprodutivo

3.1 Introdução

O arroz (*Oryza sativa* L.), é um dos cereais mais importantes do mundo, no entanto é sensível à salinidade no limiar de 3 dS m^{-1} . Embora esta espécie tenha alta variabilidade genética para esse estresse, para algumas cultivares uma condutividade elétrica de $\sim 6 \text{ dS m}^{-1}$ pode resultar em mais de 50% de redução de rendimento (Lekklar *et al.*, 2019; Singh; Kota; Flowers, 2021).

A sensibilidade à salinidade varia ao longo do ciclo de crescimento do arroz. Esta espécie é mais sensível no início do estágio vegetativo e reprodutivo e relativamente tolerante durante a germinação. Há evidências de que os genes envolvidos no controle da tolerância à salinidade na fase inicial de desenvolvimento são diferentes daqueles responsáveis por essa característica na fase reprodutiva. Isso acontece porque não há correlação na tolerância à salinidade entre esses dois estádios (Razzaque *et al.*, 2017).

A produtividade de grãos será mais impactada quando a salinidade ocorrer na fase reprodutiva, principalmente quando o estresse coincidir com a iniciação da panícula (IP) antes do emborrachamento. Na panícula, o estresse salino causa esterilidade, bem como afeta o número de espiguetas, ramos primários e secundários, número de grãos, grãos cheios, espiguetas estéreis, peso de grãos e peso de 1000 grãos (Singh; Kota; Flowers, 2021).

A salinização do solo é causada principalmente por sistemas de irrigação e drenagem de baixa qualidade, mudanças climáticas e eventos de seca. A salinidade afeta 20% das terras aráveis do mundo, incluindo metade da área agrícola irrigada, atingindo cerca de 30% das terras de cultivo de arroz (Qin; Li; Huang, 2020; Singh; Kota; Flowers, 2021). No Brasil, principal produtor de arroz fora do continente asiático, grande parte da produção do cereal ocorre no estado do Rio Grande do Sul, utilizando condições de irrigação por inundação. Na região Sul e Planície Costeira, a Lagoa dos Patos é utilizada como fonte de água para irrigação. A restrição de chuvas e o aumento da temperatura durante o verão, aliados à maior demanda de água nos campos, levam a uma redução do nível da lagoa. Nesse período, devido à sua conexão com o Oceano Atlântico, há um aumento nos teores de sal que prejudicam a

cultura do arroz (Fraga *et al.*, 2010), em sua fase reprodutiva. Além disso, isso contribui para a salinização do solo, o que afetará as safras futuras.

O desenvolvimento de cultivares de arroz tolerantes à salinidade é uma das estratégias mais eficientes e sustentáveis para mitigar os efeitos do estresse. Para isso, os melhoristas podem utilizar a variabilidade genética disponível em diferentes coleções de germoplasma. Assim, estudos de triagem são necessários na busca de genótipos tolerantes para utilização em blocos de cruzamento. No entanto, poucos estudos caracterizando genótipos para tolerância à salinidade na fase reprodutiva estão disponíveis na literatura (Islam *et al.*, 2018; Mansuri; Jelodar; Bagheri, 2012; Rashid; Hassan; Begum, 2017; Székely *et al.*, 2022; Tabassum *et al.*, 2021). Além disso, se considerado o germoplasma utilizado no Brasil, as informações são ainda mais restritas. Nesse sentido, o objetivo deste estudo foi caracterizar uma coleção de genótipos utilizados no Brasil quanto à tolerância à salinidade na fase reprodutiva.

3.2 Material e métodos

Uma coleção de 183 genótipos de arroz utilizados no Brasil (Tabela 4) foi analisada neste estudo. Esses genótipos são utilizados em programas de melhoramento como fonte de genes para tolerância a estresses bióticos e abióticos, aumento de produtividade e para ampliar a variabilidade genética. Dentre esses acessos estão cultivares estrangeiras, cultivares brasileiras elite, cultivares híbridas, linhagens mutantes e genótipos com grãos especiais aromáticos, vermelhos e pretos.

Tabela 4 - Acessos de arroz utilizados no estudo.

Código	Acesso	Código	Acesso	Código	Acesso	Código	Acesso
G1	250_1_425	G47	BRS 902	G93	Dee-Geo-Woo-Ten	G139	Jasmine
G2	250_1_498	G48	BRS AG	G94	Diamante	G140	Jasmine 85
G3	250_1_519	G49	BRS Bojuru	G95	Douradão	G141	Koshihikari
G4	250_1_636	G50	BRS Bonança	G96	EEA 304	G142	Lacassine
G5	300_2_267	G51	BRS Catiana	G97	EEA 404	G143	Lemont
G6	Agulhão	G52	BRS CIRAD 302	G98	EEA 406	G144	M1150
G7	Aliança	G53	BRS Colosso	G99	Empasc 100	G145	M1313
G8	Amaroo	G54	BRS Esmeralda	G100	Empasc 101	G146	M1410
G9	Ambar	G55	BRS Formoso	G101	Empasc 102	G147	Metica 1
G10	Arbório	G56	BRS Fronteira	G102	Empasc 103	G148	Mogi
G11	Arroz do seco	G57	BRS GO Guará	G103	Empasc 104	G149	Nowrin Mochi
G12	Arroz da Terra	G58	BRS GO Serra Dourada	G104	Empasc 105	G150	OR 63-252
G13	Artiglio	G59	BRS Jaçanã	G105	Epagri 106	G151	Oryzica 1
G14	Austral	G60	BRS Ligeirinho	G106	Epagri 107	G152	SCS Pantaneira
G15	Balilla	G61	BRS MA 357	G107	Epagri 108	G153	Peta
G16	Basmat 370	G62	BRS MG Caravera	G108	Epagri 109	G154	SCS Piracema
G17	Batatais Coimbra	G63	BRSMG Conai	G109	Farroupilha	G155	Puitá INTA-CL
G18	Belle Patna	G64	BRSMG Predileta	G110	Fernandes	G156	Qualimax
G19	Bico Preto	G65	BRSMG Relâmpago	G111	Guaporé	G157	Reetz
G20	Bico Torto	G66	BRSMG Rubelita	G112	Guri Inta CL	G158	Rexoro
G21	Bluebonnet	G67	BRSMG Seleta	G113	IAC 101	G159	Sambuc
G22	Bolinha/Catetinho	G68	BRS Monarca	G114	IAC 114	G160	SC 173
G23	Brilhante	G69	BRS Ouro Minas	G115	IAC 165	G161	SC 460
G24	BR-IRGA 409	G70	BRS Pampa	G116	IAC 201	G162	SCS 112
G25	BR-IRGA 410	G71	BRS Pampeira	G117	IAC 202	G163	SCS 115 CL
G26	BR-IRGA 411	G72	BRS Pelota	G118	IAC 203	G164	SCS 117 CL
G27	BR-IRGA 412	G73	BRS Pepita	G119	IAC 25	G165	SCS 121 CL
G28	BR-IRGA 413	G74	BRS Primavera	G120	IAC 301	G166	SCS 114 Andosan

G29	BR-IRGA 414	G75	BRS Querência	G121	IAC 400	G167	SCS BRS 111
G30	IRGA 416	G76	BRS Roraima	G122	IAC 47	G168	SCS 118 Marques
G31	IRGA 421	G77	BRS Sertaneja	G123	IAC 500	G169	SCS 122 Miura
G32	IRGA 422 CL	G78	BRS Sinuelo CL	G124	IAC 600	G170	SCS 120 Ônix
G33	IRGA 423	G79	BRS Tropical	G125	IAS 12-9 Formosa	G171	SCS 123 Perola
G34	IRGA 431 CL	G80	Cachinho	G126	I GEO TSE	G172	SCS 119 Rubi
G35	BRS 6 Chui	G81	Cacho Grande	G127	IR 8	G173	SCS 124 Sardo
G36	BRS 7 Taim	G82	Caiapó	G128	IRAT 124	G174	SCS 116 Satoru
G37	BRS Agrisul	G83	Cana Roxa	G129	IRAT 162	G175	Selenio
G38	BRS Alvorada	G84	Canastra	G130	IRGA 417	G176	Sirio
G39	BRS Apinajé	G85	Carajás	G131	IRGA 418	G177	Tetep
G40	BRS Aroma	G86	Carnaroli	G132	IRGA 419	G178	SCSBRS Tio Taka
G41	BRS Atalanta	G87	Chatinho	G133	IRGA 420	G179	Tomoe Mochi
G42	BRS 358	G88	Meio Chumbinho	G134	IRGA 424 RI	G180	TOX 514-16-101-1
G43	BRS A501 CL	G89	CICA 8	G135	IRGA 427	G181	YIN LU 30
G44	BRS A701 CL	G90	CICA 9	G136	IRGA 428	G182	Zebu
G45	BRS A702 CL	G91	Cina	G137	IRGA 429	G183	Zenith
G46	BRS 901	G92	Dawn	G138	Japões de Várzea		

Fonte: Elaborada pelo autor.

O cultivo foi realizado em vasos (capacidade de 12L) utilizando sistema de irrigação com alagamento permanente, em casa de vegetação pertencente à Universidade Federal de Pelotas, Capão do Leão, Rio Grande do Sul, Brasil, na safra 2021/2022. O manejo agrícola e fitossanitário foi realizado de acordo com as recomendações técnicas para o cultivo de arroz no sul do Brasil (SOSBAI, 2018). O delineamento experimental foi inteiramente casualizado, com duas repetições, sendo cada uma composta por um balde com três plantas, ambas repetições receberam o tratamento com estresse salino.

O estresse salino foi aplicado quando as plantas atingiram o estágio R2 – emborrachamento (Counce; Keisling; Mitchell, 2000), e esse período variou de acordo com o ciclo de cada genótipo (Tabela 5). No momento da aplicação do estresse, a água de irrigação foi drenada e 900mL de solução de NaCl 150mM foram adicionados diariamente (Lekklar *et al.*, 2019), durante 7 dias. Em seguida, a solução salina foi drenada e a irrigação foi restabelecida utilizando apenas água até a colheita.

Quando cada genótipo atingiu o estágio R7 – secagem do grão (Counce; Keisling; Mitchell, 2000), as panículas de cada planta foram colhidas individualmente. Após a secagem, foram analisados o número de panículas por planta (NPP), número de panículas estéreis por planta (NPEP) e porcentagem de esterilidade da panícula principal (PEPP).

Tabela 5 - Dias da semeadura até atingir o estágio de emborrachamento (R2).

Código	Dias até R2	Código	Dias até R2	Código	Dias até R2	Código	Dias até R2	Código	Dias até R2
G1	88	G38	122	G75	77	G112	77	G149	80
G2	84	G39	88	G76	78	G113	97	G150	103
G3	90	G40	97	G77	88	G114	115	G151	115
G4	87	G41	73	G78	97	G115	88	G152	115
G5	84	G42	103	G79	115	G116	90	G153	150
G6	136	G43	81	G80	77	G117	94	G154	115
G7	115	G44	97	G81	87	G118	88	G155	87
G8	90	G45	108	G82	97	G119	90	G156	87
G9	119	G46	97	G83	117	G120	103	G157	77
G10	80	G47	103	G84	112	G121	103	G158	103
G11	77	G48	90	G85	112	G122	103	G159	88
G12	97	G49	90	G86	80	G123	94	G160	115
G13	90	G50	90	G87	150	G124	77	G161	103
G14	94	G51	108	G88	88	G125	94	G162	103
G15	94	G52	90	G89	115	G126	94	G163	103
G16	108	G53	88	G90	115	G127	119	G164	119
G17	108	G54	87	G91	117	G128	103	G165	115
G18	94	G55	119	G92	97	G129	103	G166	115
G19	115	G56	90	G93	103	G130	87	G167	97
G20	108	G57	115	G94	117	G131	94	G168	119
G21	115	G58	77	G95	112	G132	90	G169	119
G22	103	G59	94	G96	97	G133	94	G170	90
G23	84	G60	84	G97	103	G134	108	G171	119
G24	84	G61	164	G98	103	G135	103	G172	103
G25	90	G62	88	G99	115	G136	90	G173	112
G26	108	G63	80	G100	112	G137	97	G174	115
G27	94	G64	117	G101	112	G138	97	G175	74
G28	94	G65	77	G102	108	G139	112	G176	80
G29	77	G66	112	G103	115	G140	112	G177	122
G30	88	G67	117	G104	103	G141	80	G178	122
G31	68	G68	88	G105	94	G142	88	G179	84
G32	94	G69	117	G106	103	G143	88	G180	112
G33	77	G70	94	G107	115	G144	77	G181	136
G34	94	G71	112	G108	122	G145	77	G182	103
G35	75	G72	94	G109	150	G146	78	G183	103
G36	94	G73	84	G110	103	G147	115		
G37	94	G74	88	G111	103	G148	112		

Fonte: Elaborada pelo autor.

Para verificar a normalidade, os resíduos foram submetidos ao teste de Shapiro-Wilk. As características que não apresentaram distribuição normal tiveram seus resultados transformados. As características NPP e NPEP foram transformadas pelo método Standardized $\sqrt{x+a}$, enquanto PEPP foi submetido à transformação Standardized Box Cox. Posteriormente, foi realizada a análise de variância (ANOVA), seguida do agrupamento das médias pelo teste de Scott-Knott ($p \leq 0,05$).

A distância euclidiana entre genótipos com base nas três características também foi calculada. Essa matriz de distâncias foi utilizada para obter o agrupamento hierárquico de genótipos usando o método de média aritmética de grupos de pares não ponderados (UPGMA). Para estabelecer o número de clusters formados, o ponto de corte foi calculado de acordo com o método proposto por Moneja (1977), onde ponto de corte = média + $k (1,25) \times SD$, onde k é uma constante e SD é o desvio padrão. Para análise de componentes principais (PCA), o algoritmo K-means foi aplicado para o agrupamento de genótipos e o critério Elbow foi usado para determinar o número de grupos. Toda a análise estatística foi feita pelo software RStudio (RStudio, 2020).

3.3 Resultados e discussão

A resposta da salinidade varia de acordo com o ciclo de desenvolvimento da planta de arroz (Singh; Kota; Flowers, 2021). No início do estágio vegetativo (1-3 semanas) e a iniciação da panícula à antese são fases em que a planta é mais sensível. O estágio reprodutivo é o mais importante, pois afeta diretamente o rendimento geral de grãos (Kumar *et al.*, 2022; Singh; Kota; Flowers, 2021). Estudos anteriores relatam uma redução significativa na produtividade de grãos sob condição de salinidade no estágio reprodutivo. Isso se deve principalmente à redução do número de panículas e espiguetas, ao aumento da esterilidade das espiguetas e sua degeneração ou malformação (Chattopadhyay *et al.*, 2018; Gerona *et al.*, 2019). Neste estudo, a salinidade na fase reprodutiva afetou negativamente a maioria dos genótipos (Tabela 6, Tabela 7, Tabela 8).

Ao considerar a característica número de panículas por planta (NPP), os genótipos são separados em sete grupos (Tabela 6). As cultivares que apresentaram os maiores valores médios de NPP foram BRS A501, BR/IRGA 421 e Lemont, com

21,17, 19,75 e 18,83 panículas por planta, respectivamente. Os menores valores médios foram observados em um grupo composto por 13 genótipos, variando de 3 a 4,83 panículas por planta. Os grupos intermediários apresentam NPP médio variando de 13,5 a 16,5; 9,8 a 13,33; 7,17 a 9,67; 6,17 a 7; e 5 a 6, com 20, 53, 51, 23 e 20 genótipos, respectivamente.

O número de panículas por planta depende da capacidade da planta em produzir afilhos primários, secundários e terciários (Xing; Zhang, 2010), e é determinado na transição do estágio vegetativo para o reprodutivo (Das; Parida, 2022). Dentro dessa perspectiva, essa característica não foi afetada pelo sal, pois neste estudo o estresse foi aplicado no estágio R2, quando o NPP já havia sido definido. Além disso, mesmo que o estresse tenha ocorrido antes do estágio reprodutivo, estudos anteriores demonstraram que a ocorrência de estresse salino ao longo do desenvolvimento do arroz não afeta o NPP (Mitsuya *et al.*, 2019; Zheng *et al.*, 2021). Por outro lado, Zhang *et al.*, (2022b) observaram uma redução significativa no NPP em genótipos de arroz submetidos à salinidade ao longo do ciclo de desenvolvimento. Da mesma forma, Gerona *et al.*, (2019) também encontraram uma redução significativa no NPP quando o estresse salino foi aplicado na fase reprodutiva.

Levando em consideração todos esses aspectos, a presente pesquisa não conseguiu identificar se a variação observada para NPP entre os acessos de arroz é majoritariamente controlada pelo genótipo ou o quanto é influenciada pela salinidade. Vários fatores podem influenciar o NPP, como genótipo, densidade de semeadura e ambiente, tornando esta característica difícil de ser interpretada. Além disso, considerando uma relação negativa entre NPP e número de espiguetas por panícula, como demonstrado por Zhang e Yamagishi (2010), os genótipos com maior NPP identificados neste estudo podem não ser os melhores.

Tabela 6 - Médias agrupadas do número de panículas por planta (NPP) avaliadas em 183 genótipos (G) de arroz sob estresse salino (150mM) na fase reprodutiva. As médias seguidas da mesma letra na coluna não diferem entre si pelo teste de Scott-Knott ($p \leq 0,05$).

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

Fonte: Elaborada pelo autor.

O estresse salino aumenta a esterilidade do arroz, afetando diretamente o rendimento (Abdullah; Khan; Flowers, 2001; Saidy; Arslan, 2022). Neste estudo, observou-se que a maioria das panículas produzidas sob salinidade eram completamente estéreis. Com base nos valores do número de panículas estéreis por planta (NPEP), os genótipos foram divididos em cinco grupos (Tabela 7). Observou-se que apesar do genótipo BRS A501 apresentar alto valor de NPP, possui maior

média de número de panículas estéreis (20,5 - 96,84%). Os demais grupos com maiores valores médios de NPEP, 15 a 15,67 e 11,83 a 13,67, são formados por 5 e 10 genótipos, respectivamente. Os dois maiores grupos apresentam NPEP médio variando de 8 a 11,5 (54 genótipos) e 5 a 7,83 (69 genótipos). O grupo com os menores valores médios de NPEP (0,17 a 4,8) é composto por 44 genótipos, que, em geral, são menos sensíveis à salinidade. Similarmente, aumento significativo na esterilidade também foi observado em genótipos de arroz submetidos a 8 dS m⁻¹ (Chattopadhyay *et al.*, 2021). Tem sido demonstrado que o PEPP foi severamente afetado pela salinidade na fase reprodutiva porque a viabilidade do pólen, que reflete no número de flores férteis por panícula, foi substancialmente reduzida por este estresse (Rao *et al.*, 2008).

Inibição da viabilidade polínica e fotossíntese, menor acúmulo de K⁺ e maior acúmulo de Na⁺ em diferentes partes da flor são causas da esterilidade em arroz sob estresse salino. Além disso, o alto acúmulo de fotoassimilados (açúcares) nos ramos primário e secundário da panícula, haste principal da panícula e caule da panícula, ou seja, limitação da translocação de fotoassimilados em espiguetas primárias e secundárias, também estão envolvidos neste problema. Além disso, a atividade reduzida de amido sintase em grãos em desenvolvimento também contribui para a esterilidade de espiguetas de plantas sob salinidade (Abdullah; Khan; Flowers, 2001, Abdullah; Khan; Flowers, 2002).

Tabela 7 - Agrupamento médio do número de panículas estéreis por planta (NPEP) avaliado em 183 genótipos (G) de arroz sob estresse salino (150mM) em fase reprodutiva. As médias seguidas da mesma letra na coluna não diferem entre si por Scott-Knott ($p \leq 0,05$).

G	NPEP	G	NPEP	G	NPEP	G	NPEP	G	NPEP
43	20,50 a	100	10,00 d	2	7,33 e	53	6,17 e	137	4,50 f
164	15,67 b	12	9,50 d	19	7,33 e	127	6,17 e	173	4,50 f
154	15,33 b	90	9,50 d	24	7,33 e	84	6,00 e	4	4,33 f
170	15,33 b	107	9,50 d	49	7,33 e	124	6,00 e	13	4,33 f
31	15,00 b	161	9,50 d	174	7,33 e	129	6,00 e	48	4,33 f
143	15,00 b	166	9,50 d	25	7,20 e	158	6,00 e	176	4,33 f
167	13,67 c	30	9,33 d	3	7,17 e	42	5,83 e	126	4,17 f
64	13,00 c	125	9,33 d	27	7,17 e	141	5,83 e	59	4,00 f
134	13,00 c	169	9,33 d	52	7,17 e	118	5,80 e	94	4,00 f
136	12,83 c	28	9,17 d	145	7,17 e	46	5,75 e	97	4,00 f
66	12,17 c	140	9,17 d	96	7,00 e	77	5,67 e	110	4,00 f
168	12,17 c	144	9,17 d	160	7,00 e	113	5,67 e	112	4,00 f
172	12,17 c	156	9,17 d	162	7,00 e	103	5,50 e	11	3,83 f
101	12,00 c	8	9,00 d	22	6,83 e	111	5,50 e	119	3,83 f
108	11,83 c	45	9,00 d	34	6,83 e	122	5,50 e	35	3,80 f
177	11,83 c	67	9,00 d	104	6,83 e	153	5,50 e	68	3,67 f
7	11,50 d	75	9,00 d	92	6,80 e	5	5,33 e	115	3,67 f
51	11,50 d	152	9,00 d	20	6,67 e	81	5,33 e	39	3,50 f
69	11,50 d	138	8,83 d	54	6,67 e	120	5,33 e	40	3,50 f
79	11,50 d	6	8,75 d	56	6,67 e	132	5,33 e	58	3,50 f
165	11,50 d	10	8,67 d	178	6,67 e	62	5,17 e	80	3,50 f
99	11,33 d	55	8,67 d	15	6,50 e	85	5,17 e	86	3,50 f
38	11,17 d	78	8,67 d	37	6,50 e	87	5,17 e	106	3,33 f
171	11,00 d	157	8,67 d	83	6,50 e	17	5,00 e	131	3,33 f
128	10,83 d	135	8,50 d	142	6,50 e	21	5,00 e	60	3,17 f
147	10,83 d	36	8,33 d	163	6,50 e	23	5,00 e	65	3,00 f
175	10,83 d	155	8,33 d	182	6,50 e	76	5,00 e	133	3,00 f
57	10,80 d	93	8,20 d	47	6,40 e	123	5,00 e	183	3,00 f
29	10,67 d	1	8,17 d	50	6,33 e	33	4,83 f	179	2,83 f
89	10,50 d	71	8,17 d	72	6,33 e	63	4,83 f	181	2,17 f
41	10,40 d	88	8,17 d	91	6,33 e	70	4,83 f	116	1,83 f
44	10,33 d	139	8,00 d	95	6,33 e	73	4,75 f	61	1,67 f
102	10,33 d	151	8,00 d	98	6,33 e	74	4,67 f	159	1,67 f
9	10,17 d	121	7,83 e	146	6,33 e	114	4,67 f	117	0,83 f
16	10,17 d	149	7,60 e	26	6,20 e	109	4,60 f	105	0,17 f
150	10,17 d	148	7,50 e	14	6,17 e	82	4,50 f		
32	10,00 d	180	7,50 e	18	6,17 e	130	4,50 f		

Fonte: Elaborada pelo autor.

A esterilidade da panícula principal (PEPP) é outro fator diretamente afetado pelo estresse salino. Para PEPP os genótipos foram alocados em quatro grupos (Tabela 8). Os genótipos IAC 600 e BRS Ligeirinho apresentaram o menor percentual

de esterilidade da panícula principal. Entre os genótipos avaliados, 142 apresentam mais de 82% de esterilidade, sendo distribuídos no mesmo grupo.

Um estudo realizado no IRRI (*International Rice Research Institute*) no Burundi, também observou que o estresse salino afeta a porcentagem de grãos cheios na panícula, à medida que a dose de estresse aumenta (Irakoze *et al.*, 2021). Como mencionado anteriormente, a esterilidade causada pela salinidade é consequência da menor viabilidade do pólen e deficiência de nutrientes para o grão (Alhammadi; Kurup, 2012).

Tabela 8 - Agrupamento médio da esterilidade da panícula principal (MPS), expressa em porcentagem, avaliada em 183 genótipos (G) de arroz sob estresse salino (150mM) em fase reprodutiva. As médias seguidas da mesma letra na coluna não diferem entre si por Scott-Knott

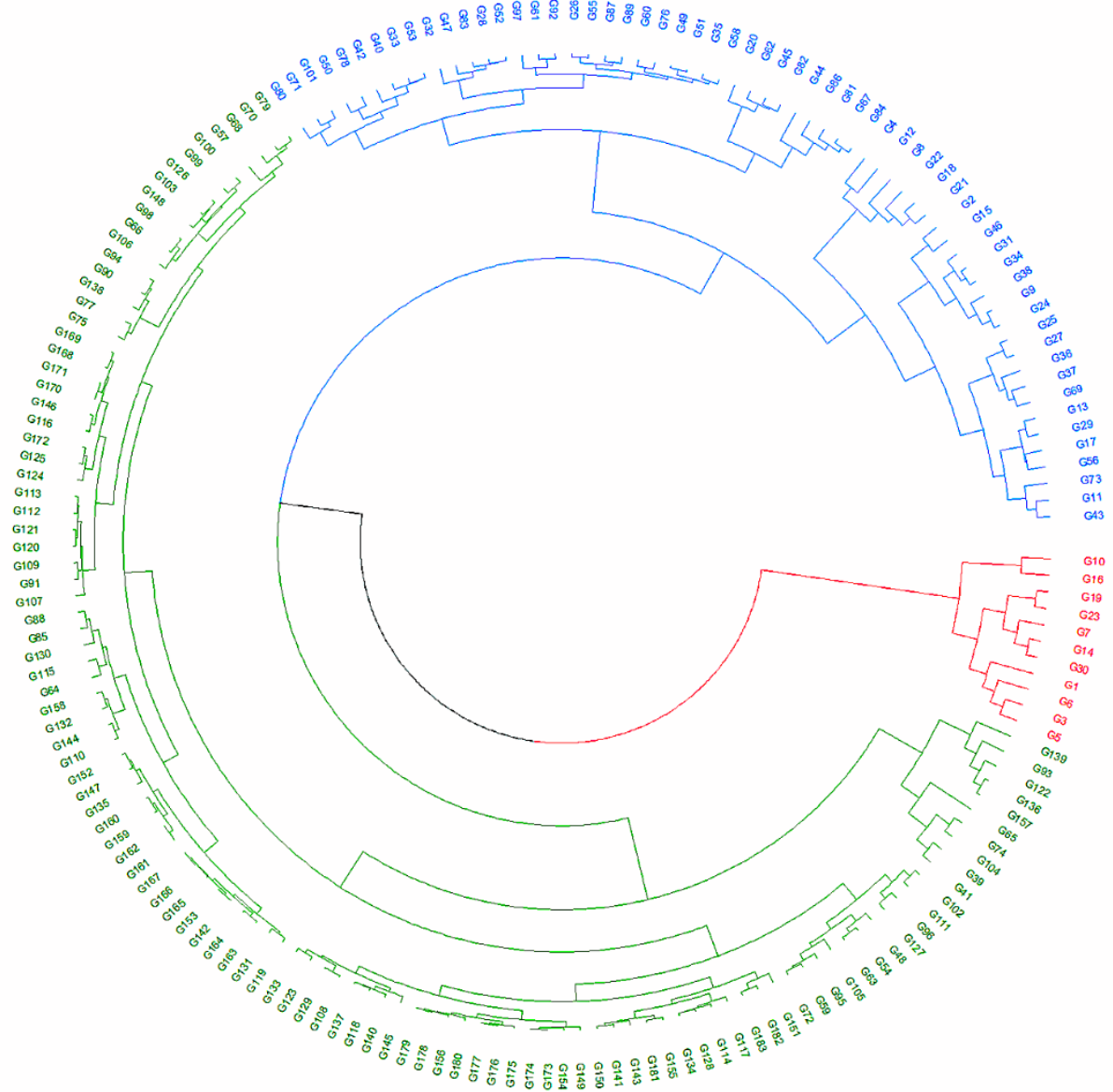
G	MPS	G	MPS	G	MPS	G	MPS	G	MPS
6	100,00 a	168	99,46 a	111	97,02 a	142	89,12 a	58	77,90 b
20	100,00 a	154	99,33 a	122	96,98 a	18	88,79 a	42	77,31 b
21	100,00 a	135	99,23 a	55	96,94 a	71	88,72 a	61	77,05 b
44	100,00 a	45	99,18 a	162	96,90 a	22	88,62 a	56	75,66 b
57	100,00 a	62	99,15 a	54	96,88 a	127	88,51 a	29	75,62 b
64	100,00 a	69	99,11 a	145	96,68 a	155	88,48 a	32	75,25 b
66	100,00 a	174	99,09 a	75	96,67 a	181	88,32 a	70	75,21 b
79	100,00 a	134	99,07 a	167	96,63 a	13	88,31 a	16	75,12 b
83	100,00 a	43	99,01 a	169	96,61 a	14	88,27 a	24	74,89 b
89	100,00 a	100	99,01 a	177	96,57 a	77	87,84 a	46	71,66 b
91	100,00 a	17	98,84 a	7	96,55 a	132	87,77 a	176	71,49 b
96	100,00 a	128	98,79 a	12	96,15 a	123	87,76 a	157	71,43 b
97	100,00 a	136	98,77 a	118	96,00 a	47	87,53 a	106	71,12 b
98	100,00 a	81	98,58 a	175	94,98 a	87	87,45 a	35	71,09 b
102	100,00 a	51	98,55 a	53	94,98 a	143	87,33 a	86	70,71 b
108	100,00 a	15	98,53 a	120	94,87 a	8	87,32 a	131	70,34 b
121	100,00 a	113	98,32 a	156	94,55 a	88	87,07 a	159	68,20 c
129	100,00 a	178	98,31 a	152	94,45 a	78	86,73 a	133	67,22 c
138	100,00 a	103	98,21 a	180	93,78 a	25	86,65 a	93	66,56 c
140	100,00 a	125	98,20 a	99	93,77 a	158	86,49 a	130	64,64 c
160	100,00 a	110	98,13 a	28	93,73 a	49	85,15 a	76	62,51 c
161	100,00 a	48	98,12 a	59	93,69 a	65	84,98 a	172	61,69 c
164	100,00 a	166	97,99 a	73	93,49 a	36	84,88 a	149	61,19 c
165	100,00 a	114	97,92 a	151	93,12 a	112	84,38 a	4	59,99 c
171	100,00 a	119	97,87 a	94	93,10 a	115	84,11 a	141	59,47 c
173	100,00 a	67	97,73 a	68	92,91 a	163	83,74 a	39	59,46 c
182	100,00 a	34	97,67 a	139	92,79 a	95	83,70 a	117	57,67 c
183	100,00 a	146	97,63 a	40	92,74 a	1	83,43 a	116	56,20 c
52	99,87 a	31	97,49 a	148	92,33 a	23	82,87 a	80	56,19 c
90	99,84 a	107	97,46 a	10	92,04 a	72	82,84 a	179	53,01 c
9	99,82 a	170	97,45 a	63	91,95 a	2	82,16 a	126	52,78 c
85	99,81 a	41	97,42 a	82	91,38 a	27	81,11 b	5	50,08 c
150	99,81 a	101	97,42 a	104	91,19 a	30	80,71 b	105	48,21 c
26	99,80 a	50	97,42 a	109	91,06 a	144	79,98 b	60	44,08 d
92	99,61 a	37	97,35 a	38	91,00 a	33	78,74 b	124	41,80 d
19	99,56 a	84	97,16 a	147	89,85 a	74	78,46 b		
153	99,52 a	3	97,05 a	137	89,45 a	11	78,23 b		

Fonte: Elaborada pelo autor.

Quando consideradas as três variáveis e calculada a distância genética, o agrupamento hierárquico dividiu os genótipos em três grupos (Figura 7). O maior grupo possui 111 genótipos (cluster III - verde), enquanto o menor grupo é formado

por 17 acessos (cluster I – vermelho). Os 55 genótipos restantes foram alocados para o terceiro grupo (cluster II - azul).

Figura 7 - Agrupamento hierárquico obtido pelo método UPGMA (*Unweighted Pair Group Method Arithmetic Mean*) a partir da distância euclidiana de 183 genótipos de arroz submetidos à salinidade (150mM) no estágio reprodutivo, com base no número de panículas por planta (NPP), número de panículas estéreis por planta (NPEP) e porcentagem de esterilidade da panícula principal (PEPP).



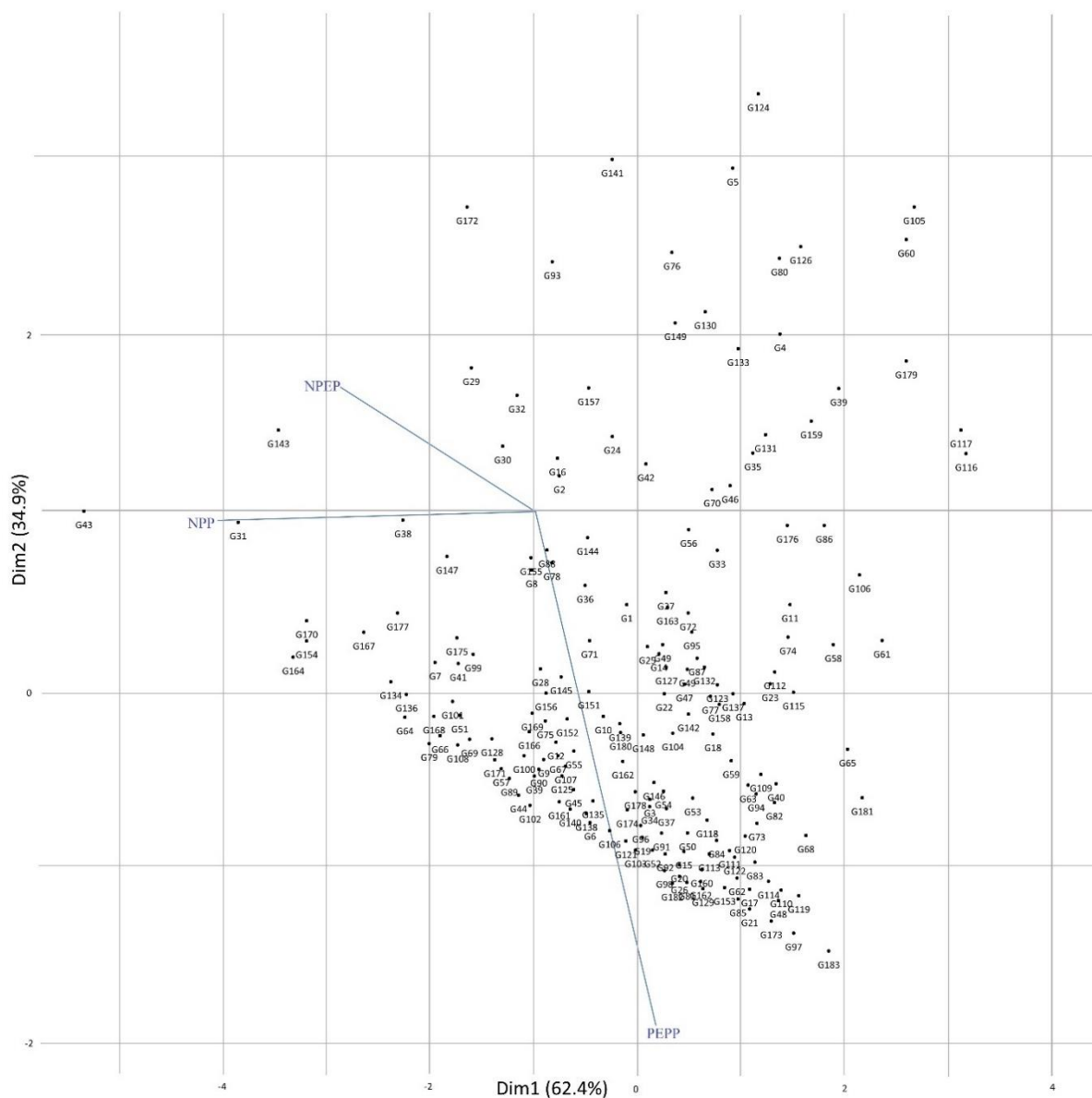
desses acessos foram previamente estudados sob estresse salino na fase inicial de desenvolvimento e diferentes respostas foram verificadas. Esse resultado já era esperado, pois os genes que controlam a tolerância à salinidade no início do estágio vegetativo não são os mesmos responsáveis por essa característica na fase reprodutiva (Singh; Kota; Flowers, 2021).

Os clusters II e III são formados por genótipos sensíveis ao estresse salino na fase reprodutiva. O cluster III contém acessos nos quais o PEPP varia de 90 a 100%, sendo que grande parte (93) pertence à subespécie *indica*. As cultivares BRS AG e BRS Pampa são sensíveis à salinidade na fase inicial de desenvolvimento (Cavalcante *et al.*, 2019), bem como na fase reprodutiva observada neste estudo (Tabela 8 e Figura 7). O genótipo IRGA 424 RI foi amplamente afetado pelo estresse salino na fase reprodutiva (Tabela 7 e Figura 7), resultado semelhante foi encontrado por Fraga *et al.*, (2010). Esses autores verificaram que a entrada de solução salina na fase reprodutiva causa esterilidade e afeta os componentes do desempenho. Outro estudo, com 10 genótipos cultivados *in vitro* sob estresse salino na fase vegetativa, constatou que o BRS Bojuru é o mais tolerante, enquanto o BRS Ligeirinho e o BRS 7 Taim são os mais sensíveis (Benitez *et al.*, 2010). Curiosamente, BRS Ligeirinho é menos sensível que BRS Bojuru na fase reprodutiva (Tabela 8 e Figura 7). Esse comportamento pode ser explicado pela falta de correlação da tolerância ao estresse salino entre o início do estágio vegetativo e o reprodutivo.

Para complementar os resultados obtidos pelo método hierárquico, foi realizada uma análise de PCA. Com base nas características analisadas (NPP, NPEP e PEPP), dois componentes explicaram 97,3% da variação total (Figura 8). O primeiro componente principal (PC1) é responsável por 60,4% da variação total, enquanto o segundo componente principal (PC2) explicou 34,9%. Pesquisas anteriores com coleções de acessos de arroz também observaram resultados semelhantes em PCA. Em um estudo com 50 genótipos de arroz submetidos à salinidade na fase reprodutiva, os dois primeiros componentes principais também explicaram grande parte da variação genética (Barrera Jr. *et al.*, 2019). Os autores encontraram 95,51% em um minicampo controlado, 89,19% em um campo, 95% em uma estufa usando hidroponia e 92,49% em uma estufa usando o método do solo. Adicionalmente, em outro estudo realizado com 82 acessos de arroz sob salinidade na fase reprodutiva, os três primeiros componentes explicam 68,44% da variação total (Manohara; Morajkar;

Shanbagh, 2020). Apparently, the PCA is adequate for visualizing the variability of the response to salinity in the reproductive phase of rice.

Figura 8 - Análise de componentes principais (PCA) de 183 genótipos de arroz submetidos à salinidade (NaCl 150mM) no estágio reprodutivo, com base nas características número de panículas por planta (NPP), número de panículas estéreis por planta (NPEP) e porcentagem de esterilidade da panícula principal (PEPP).



Fonte: Elaborada pelo autor.

When considering the distribution of the accessions according to the vectors, the genotypes less sensitive to salinity are located in the upper-right quadrant. They are located on the opposite side of the vectors of direction NPP, NPEP and PEPP, presenting lower values for these characteristics when compared to other genotypes (Figure 8). The majority of these accessions corresponds to group I

(vermelho) do cluster hierárquico (Figura 7). Por outro lado, genótipos que possuem alto NPP também possuem alto NPEP, como Lemont. Por fim, um grande número de genótipos é agrupado pelo vetor PEPP.

A concentração de salinidade usada neste estudo (150 mM ou $\sim 15 \text{ dS m}^{-1}$) foi estabelecida de acordo com a pesquisa feita por Lekklar *et al.*, (2019), que identificaram genes envolvidos com a tolerância a esse estresse na fase reprodutiva. Esta concentração é em parte semelhante às condições locais. Carmona *et al.*, (2011) relataram que a condutividade elétrica (CE) da lagoa Laguna dos Patos, que é utilizada para irrigação de arroz, pode variar de valores próximos a 0 a acima de 12 dS m^{-1} , enquanto no solo a CE pode ser maior que 5 dS m^{-1} . Assim, esta pesquisa simula uma situação de uso de água com alta salinidade, que pode ocorrer em determinadas regiões do Rio Grande do Sul. No entanto, se a salinidade do solo for considerada, novos estudos com menor concentração de sal, devem ser conduzidos.

3.4 Conclusões

Foi detectada variabilidade genética para tolerância à salinidade na fase reprodutiva entre genótipos de arroz. A maioria dos acessos foi severamente afetada pelo estresse, com alto número de panículas totalmente estéreis (NPEP) e alta porcentagem de esterilidade da panícula principal (PEPP). Por outro lado, alguns genótipos foram menos afetados pelo estresse de salinidade e podem ser considerados para estudos futuros, por exemplo, IAC 600 e BRS Ligeirinho.

4 CAPÍTULO III –Mapeamento associativo para características de interesse agrônômico em acessos de arroz utilizados no Brasil

4.1 Introdução

O arroz (*Oryza sativa* L.) é um dos alimentos básicos mais significativos, pois é consumido diariamente por metade da população mundial, portanto essa cultura é importante para a segurança alimentar (Tang *et al.*, 2023). O incremento de produtividade é essencial para atender a demanda crescente, principalmente pelo aumento populacional (Satrio *et al.*, 2023).

O desenvolvimento de novos genótipos elites, com elevada produtividade, qualidade e cada vez mais adaptados às adversidades é fundamental para garantir a disponibilidade de alimentos (Tang *et al.*, 2023). Com os avanços da biotecnologia, como a genotipagem de polimorfismo de nucleotídeo único (SNP) de alta densidade, os estudos da genômica do arroz foram impulsionados (Huang; Lu; Han, 2013; Jing-Hua; Chang-Yin; Qi-Fa 2013). Nos últimos anos, o estudo de associação genômica ampla (GWAS) tem sido amplamente utilizado para identificar regiões genômicas que controlam características de interesse. Embora essa ferramenta esteja propensa a falsos resultados positivos, sua alta resolução e ampla cobertura de alelos tornam o GWAS uma adição importante ao conjunto de ferramentas para a dissecação genética de características complexas (Fang *et al.*, 2017; Liu *et al.*, 2022b; Ma *et al.*, 2018; Wondimu *et al.*, 2023).

Estudos de associação estabelecem uma conexão entre fenótipo e genótipo, permitindo identificar pequenas variações no DNA que resultam em variações fenotípicas. Essa abordagem quantitativa é baseada em desequilíbrio de ligação (Flint-Garcia; Thornsberry; Buckler, 2003). Em plantas autógamas como o arroz, o desequilíbrio de ligação é relativamente maior, quando comparado a plantas alógamas. Consequentemente, são necessários um menor número de marcadores, assegurando a cobertura do genoma. No entanto, o marcador nesse caso pode estar localizado longe do gene-alvo (Aranzana *et al.*, 2005).

Nas últimas décadas, estudos de associação têm sido realizados frequentemente em arroz, tanto para a identificação de SNPs relacionados com características de interesse agrônômico, quanto para tolerância a estresses bióticos e abióticos, entre outros (Khatab *et al.*, 2022; Liu *et al.*, 2022b; Liu *et al.*, 2020; Lv *et al.*,

2022; Reig-Valiente *et al.*, 2018; Verma *et al.*, 2022; Yano *et al.*, 2016). Porém, há poucos estudos de GWAS empregando germoplasma de arroz utilizado no Brasil (Oliveira *et al.*, 2023b; Pantalião *et al.*, 2016, 2020). Desta forma, este trabalho teve como objetivo, realizar o mapeamento associativo para dez características de importância agrônômica em uma coleção de acessos de arroz que compõem o germoplasma brasileiro.

4.2 Material e métodos

4.2.1 Germoplasma

Para a composição do painel, um conjunto de 188 acessos de arroz foi selecionado para o estudo (Tabela 2), buscando amostrar a variabilidade genética existente no banco de germoplasma de arroz do Brasil. Como critério de seleção dos acessos, foi levado em consideração as instituições detentoras, obtendo-se genótipos de todas as instituições dedicadas ao melhoramento de arroz, além de acessos que apresentam importância nos programas de melhoramento, como cultivares estrangeiras. No estudo também foram incluídas linhagens mutantes, derivadas da cultivar BRS Querência e BRS Pampeira e uma cultivar híbrida. Genótipos de tipos especiais, ou seja, aromáticos, com epiderme colorida (vermelho e preto) e com baixo teor de amilose, também foram incluídos na amostra do germoplasma utilizado.

4.2.2 Genotipagem

No laboratório de biologia molecular do Centro de Genômica e Fitomelhoramento (CGF) foi realizada a coleta de folhas jovens dos 188 acessos de arroz, e as amostras foram fixadas em nitrogênio líquido. Posteriormente, as amostras foram maceradas e submetidas à extração de DNA pelo método CTAB (brometo de cetiltrimetilamônio) (Doyle; Doyle, 1990). O envio do DNA para o Laboratório de Serviços de Genotipagem do IRRI (Instituto Internacional de Investigação do Arroz), nas Filipinas, ocorreu após a liofilização das amostras, parte deste material foi enviado em 2017 (94) e parte em 2021 (94).

A genotipagem dos 188 acessos de arroz foi feita utilizando 7098 marcadores moleculares SNPs (polimorfismo de nucleotídeo único), usando a plataforma 7K

Infinium SNP (Illumina ®) (versão atualizada *6K Infinium array*), do Laboratório de Serviços de Genotipagem do IRRI/Filipinas (Thomson *et al.*, 2017).

4.2.3 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. Após a primeira filtração restaram 177 genótipos e 4843 marcadores.

A segunda filtração, baseada no desequilíbrio de ligação, foi executada no programa pLINK (Purcell *et al.*, 2007). Inicialmente, ainda no programa TASSEL V.5.2.41, foi feito o cálculo do desequilíbrio de ligação para cada cromossomo, que em média apresentou um R^2 de 0,5. 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 (*LD decay* de ~100.000pb). Após a segunda filtração restaram 1185 marcadores, os quais foram utilizados para construção da matriz de parentesco, estrutura da população e análise de GWAS (*genome-wide association study*).

4.2.4 Matriz de parentesco

Para construção da matriz de parentesco, os dados de genotipagem que passaram pelas duas filtrações, 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 no programa Coancestry (Wang, 2011). Posteriormente, os resultados foram transformados novamente utilizando o programa HMPtoCoancestry.

4.2.5 Estrutura da população

A estrutura da população foi simulada pelo método de agrupamento bayesiano usando o software Structure 2.3.4. Os valores de K da população de 1 a 10 foram simulados com 10 interações para cada K. A duração do período de queda de 150.000 seguida pelo número de repetições MCMC após a queda de 150.000 foi usada para obter uma estimativa do número mais provável de populações. Os demais parâmetros foram mantidos conforme padrão do software.

Os resultados foram interpretados no software Structure Harvester (Pritchard et al. 2000). Neste caso, o critério de Evanno foi aplicado para definir o número ideal de grupos em que a população está geneticamente estruturada (ΔK) (Evanno et al. 2005). O painel estudado foi dividido em duas subpopulações.

4.2.6 Fenotipagem

A condução dos 177 acessos em um mesmo ambiente de cultivo foi realizada na safra agrícola 2021/2022 na Estação Experimental Terras Baixas, pertencente a Embrapa Clima Temperado, localizada nas coordenadas geográficas, 31°48'49" de latitude Sul e 52°28'20" de longitude Oeste, no município do Capão do Leão, no estado do Rio Grande do Sul.

Na condução do experimento foi utilizado delineamento de blocos ao acaso, com três repetições. Cada genótipo foi semeado em linhas de 0,5m, espaçadas 0,18m, com densidade de semeadura de 35 sementes por linha. O manejo fitossanitário e os tratos culturais foram feitos de acordo com as recomendações técnicas para a cultura (SOSBAI, 2018).

As características analisadas no campo foram altura da planta (AP) e número de afilhos (NA). AP foi obtida quando as plantas estavam em estágio R6 (Counce; Keisling; Mitchell, 2000), usando régua graduada. A medida foi feita da base da planta até ponta da panícula principal de cinco plantas por genótipo. Na mesma ocasião em que foi avaliado AP, também foi realizada a contagem de afilhos por planta.

Após a maturação dos genótipos (R8), as plantas foram colhidas, secas e trilhadas individualmente. No laboratório de pós-colheita do CGF, foram avaliados número de panículas por planta (NP, unidades), comprimento da panícula principal

(CPP, em centímetros), peso da panícula principal (PPP, em gramas), número de grão cheios da panícula principal (GCPP, unidades), número de espiguetas estéreis da panícula principal (EEPP, unidades), peso grãos da panícula principal (PGPP, em gramas), peso de cem grãos (PCG, em gramas) e produtividade por planta (PP, em gramas). As medidas foram realizadas com auxílio de uma régua graduada e os pesos obtidos com uma balança de precisão (0,01g).

4.2.7 Análise dos dados de fenotipagem

Os dados de fenotipagem foram testados quanto à normalidade utilizando o procedimento *proc univariate*. Como nenhuma variável apresentou distribuição normal, os dados foram avaliados quanto ao tipo de distribuição (exp, gamma, igauss, logn) utilizando o procedimento *proc severity*. Todas as variáveis analisadas apresentaram distribuição gamma. Em seguida, foi feita análise de variância usando modelos lineares mistos generalizados – GLM (*generalized linear mixed model*), através do o procedimento *proc glimmix*. Foi observada diferença significativa para genótipo em todas as variáveis analisadas. As análises foram feitas no programa SAS Studio (SAS, 2023).

Os dados de fenotipagem foram transformados em BLUPs (*Best Linear Unbiased Prediction*) levando em consideração o tipo de distribuição gamma e a matriz de parentesco de Queller-Goodnight (Queller; Goodnight, 1989).

4.2.8 Análise do mapeamento associativo - GWAS

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 (estudo 1), ou estrutura da população (estudo 2). Para considerar um loco SNP associado às diferenças fenotípicas das variáveis estudadas foi estabelecido como ponto de corte valores de *p-value* com correção de Bonferroni ($p\text{-value} = 0,05 / n^{\circ} \text{ SNPs}$) (Gonzalo *et al.*, 2022). Os resultados foram apresentados em *Manhattan plot*.

4.2.9 Identificação de genes

Para a dissecação das regiões cromossômicas que apresentam SNPs significativos foi utilizado a Base de Dados do Projeto de Anotação do Genoma (<http://rapdb.dna.affrc.go.jp/>). Para identificar genes candidatos ligados a SNPs associados às características de interesse agrônômico, foi verificada a localização física de cada SNP em cada cromossomo. A partir dessa posição, foi analisada uma região de 10kb para cada lado.

4.3 Resultados e discussão

A produção de grãos de arroz consiste em quatro componentes principais: o número de panículas por planta, o número de grãos por panícula, a porcentagem de grãos férteis e o peso de 1000 grãos. Mudanças na arquitetura da panícula têm sido associadas com melhor rendimento de grãos (Hori; Shenton, 2022). Nesse sentido é importante identificar genes e QTLs associados a essas características.

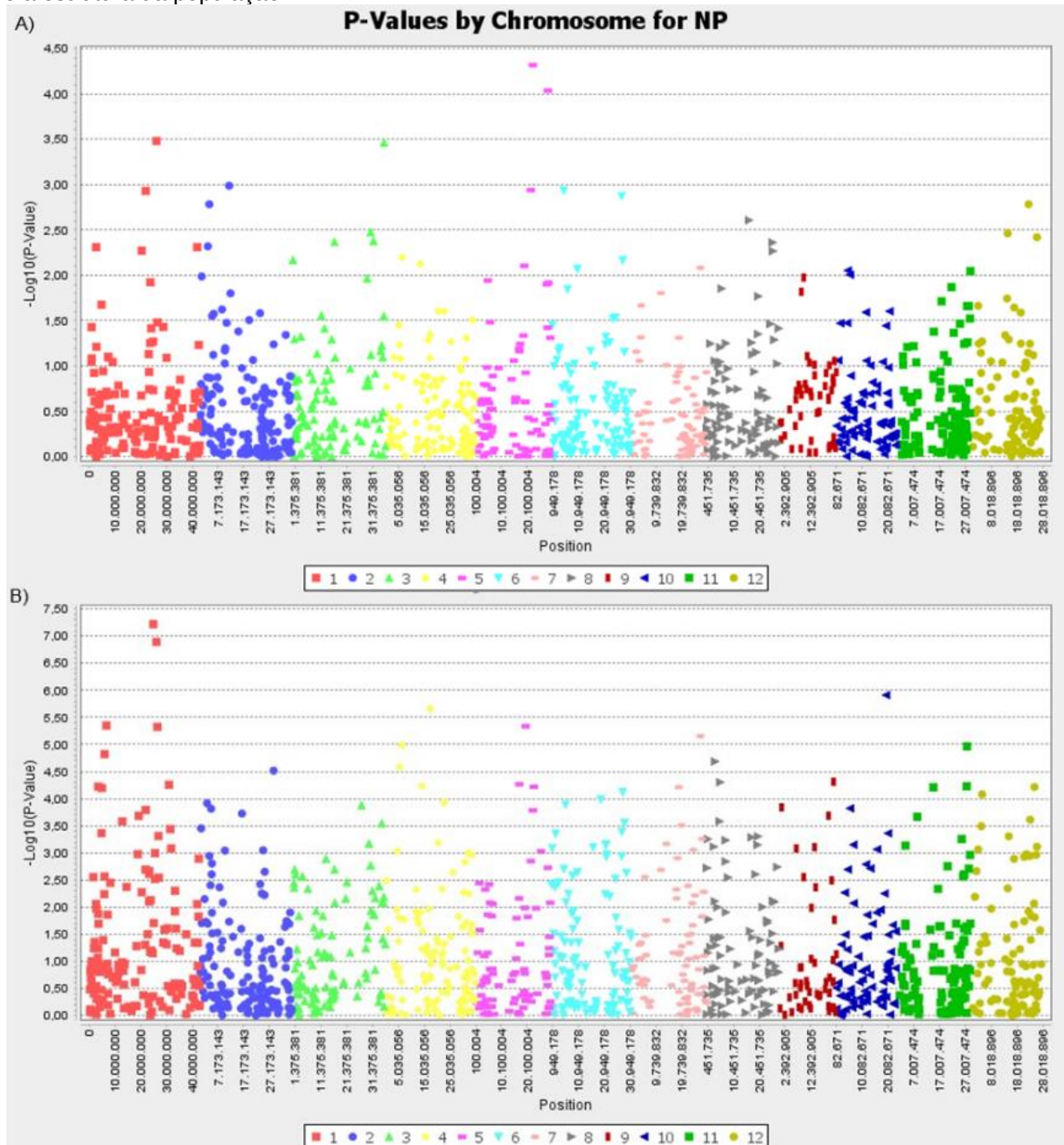
Para detectar associações entre marcadores SNP e variações nas características avaliadas nos 177 acessos da coleção, foi utilizado o conjunto de dados genotípicos que consiste em um painel de 1185 SNPs. Nesse estudo, ao utilizar o PCA, foram identificados 65 marcadores SNPs associadas as características avaliadas. Sendo um associado a NP, dois a CPP, oito a GCPP, 35 a PCG, 19 a AP, às características PPP, PGPP, PP e NA não possuem nenhum marcador SNP associado (Tabela 9). Para esses SNPs significativos foram anotados 158 genes no RAP-DB (Tabela 10). Utilizando a estrutura da população na análise GWAS foram identificados 175 marcadores SNPs significativos ligados às características, 14 associados a NP, 11 a CPP, quatro a PPP, 11 a GCPP, seis a GVPP, cinco a PGPP, 16 a PCG, seis a PP, 84 a AP e 18 a NA (Tabela 11). Na região 20kb desses SNPs significativos estão anotados 464 genes (Tabela 12).

Para a variável NP, utilizando PCA, foi mapeado apenas um marcador SNP significativo, localizado no cromossomo 5 (Figura 9 e Tabela 9). Nessa região foram encontrados cinco genes (Tabela 10), nenhum deles anteriormente relacionado a NP. Utilizando a estrutura da população 14 SNPs significativos foram identificados, localizados nos cromossomos 1, 2, 4, 8,10 e 11 (Figura 9 e Tabela 11). Próximos a

esses ficam localizados 25 genes (Tabela 12), dos quais nenhum está diretamente relacionado com o NP.

Estudo com 406 variedades de arroz identificou 17 QTLs associados ao NP (Zhong *et al.*, 2021). Entre eles, 11 foram detectados pelo método GLM, desses dois são consistentes com os genes *EP2/SRS1* e *DEP1*. Mutantes *srs1* mostraram NP significativamente reduzido em comparação com o tipo selvagem (Abe *et al.*, 2010). Outro estudo com 183 acessos de arroz, identificou 11 QTLs associados com NP (Thapa; Tabien; Septiningsih, 2021). O NP é um dos componentes chave do rendimento de grão de arroz. Inúmeros estudos avaliando o afilhamento têm sido realizados, uma vez que o NP está diretamente relacionado com a capacidade de afilhamento do genótipo. Vários QTLs ou genes associados a essas importantes características agronômicas foram identificadas (Liang *et al.*, 2014).

Figura 9 - Gráfico Manhattan plot do $-\log_{10}(P)$ vs. posição cromossômica de marcadores SNP associados ao número de panículas (NP) em um painel de arroz cultivado no Brasil. A: Método GLM (*general linear model*) utilizando dados fenotípicos, dados genotípicos e análise de componentes principais (PCA); B: Método GLM (*general linear model*) utilizando dados fenotípicos, dados genotípicos e a estrutura da população.



Fonte: Elaborada pelo autor.

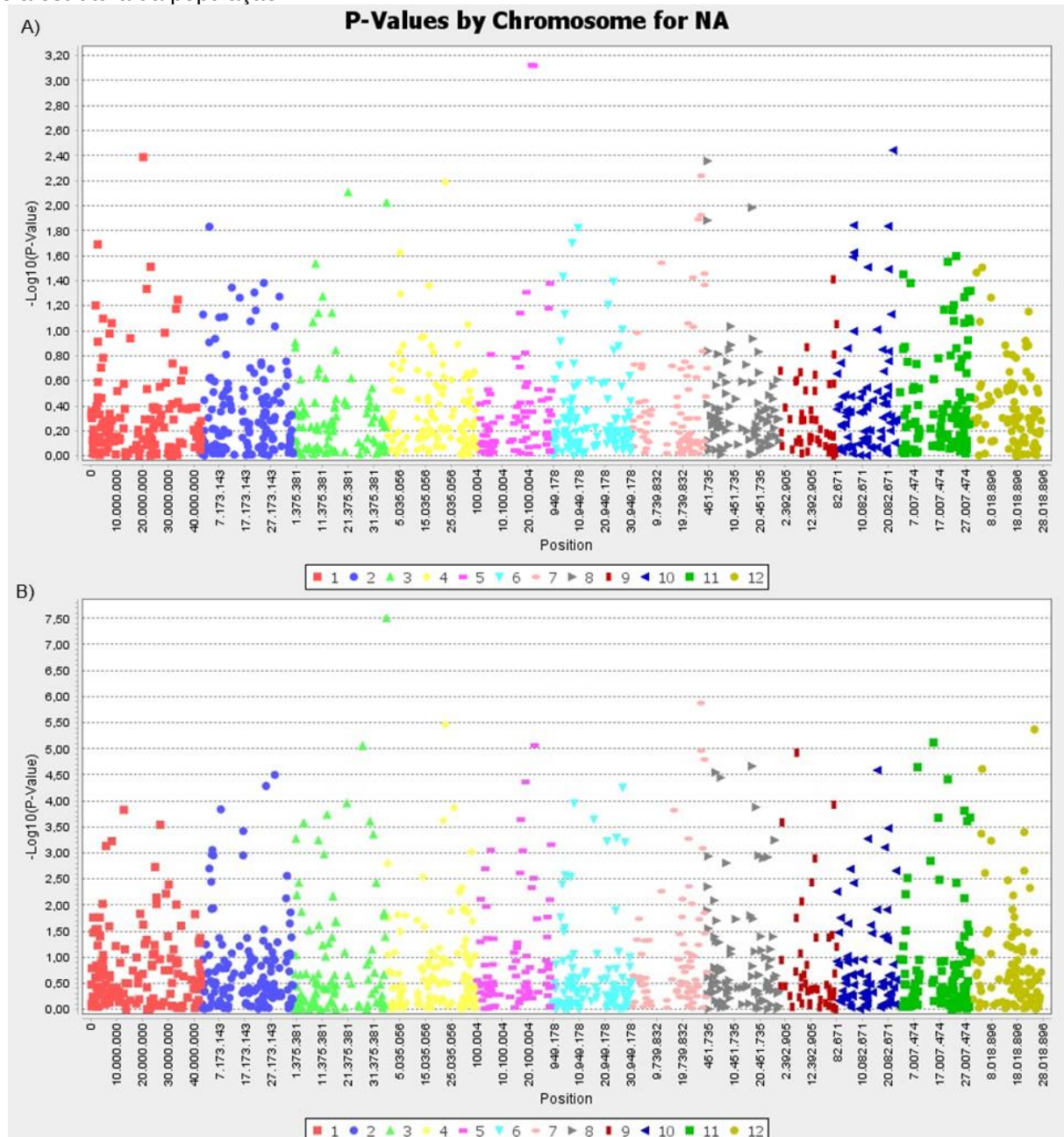
Para a variável NA não foi encontrado nenhum SNP significativo quando PCA foi empregado (Figura 10 e Tabela 9). Utilizando a estrutura da população foram identificados 18 SNPs (Figura 10 e Tabela 11). Na região destes SNPs estão anotados 47 genes (Tabela 12). O NA é uma característica importante, pois influencia o número de panículas. Além disso, plantas que possuem muitos afilhos produtivos podem não suportar a carga e levar ao aborto de panículas de afilhos altos. Por outro lado, as

plantas com poucos afilhos podem ter baixa produtividade (Azharudheen *et al.*, 2022). Azharudheen *et al.*, (2022) identificaram três marcadores associados ao NA em um estudo com 88 genótipos de arroz aplicando o método MLM.

O gene *Os08g0374100* (*UBIQUITIN-CONJUGATING ENZYME 5*) foi detectado para NA e AP (Tabela 10). Estudos demonstram que esse gene se expressa em inúmeros órgãos, como raízes, folhas, meristema apical do caule, no estágio reprodutivo na panícula (0 a 10 cm), óvulo e na semente (11 a 29 depois após a polinização) (E *et al.*, 2015). Da mesma forma, o gene *Os08g0157500* (*CAFFEIC ACID O-METHYLTRANSFERASE*) também foi identificado em NA e AP (Tabela 12), esse gene codifica uma enzima central para a biossíntese da lignina (Louie *et al.*, 2010).

Os genes *Os01g0649000* (NP) e *Os03g0860900* (CPP, AP e NA) (Tabela 12) codificam uma proteína contendo o domínio repetido WD40. Nas plantas, as proteínas de repetição WD40 desempenham papéis importantes na regulação de vários processos, como imunidade, formação da parede celular, regulação gênica, organização dos microtúbulos e degradação proteossômica (Jain; Pandey, 2018). As inúmeras funções das proteínas WD40 podem ser um indicativo do seu envolvimento no crescimento e desenvolvimento do arroz. As quatro características em que esses genes foram identificados estão diretamente relacionadas, por exemplo, o NA define o NP.

Figura 10 - Gráfico Manhattan plot do $-\log_{10}(P)$ vs. posição cromossômica de marcadores SNP associados ao número de afilhos (NA) em um painel de arroz cultivado no Brasil. A: Método GLM (*general linear model*) utilizando dados fenotípicos, dados genotípicos e análise de componentes principais (PCA); B: Método GLM (*general linear model*) utilizando dados fenotípicos, dados genotípicos e a estrutura da população.



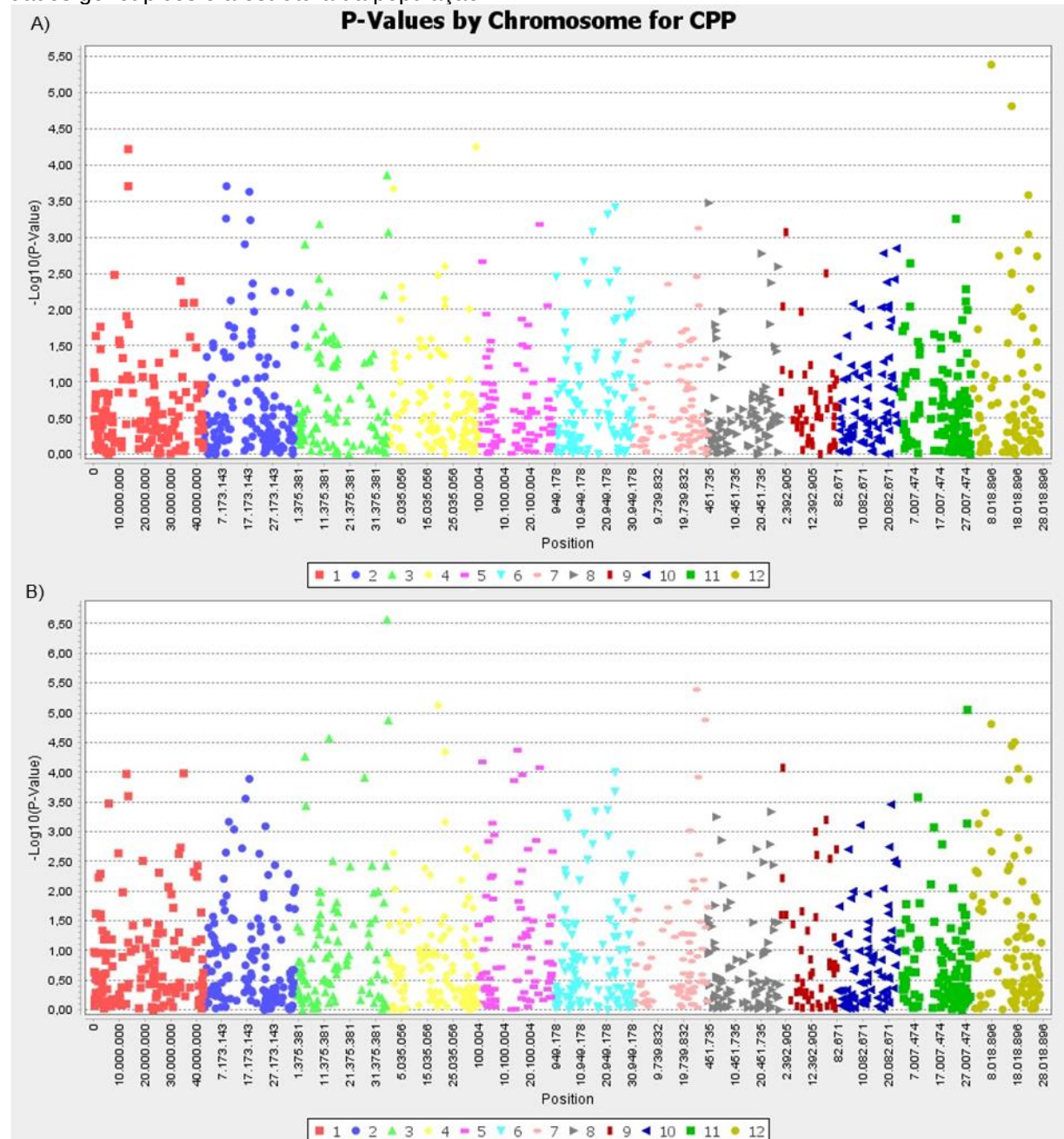
Fonte: Elaborada pelo autor.

Para a variável CPP, utilizando PCA, foram mapeados dois marcadores SNPs significativos, localizados no cromossomo 12 (Figura 11 e Tabela 9). Ligados a esses SNPs foram identificados cinco genes (Tabela 10). Utilizando a estrutura da população, 11 SNPs significativos foram mapeados (Figura 11 e Tabela 11). Na região 20kb desses SNPs foram anotados 35 genes (Tabela 12). Em ambos métodos foi detectado o gene *Os12g0242700* (Tabela 10 e Tabela 12). Esse gene é expresso na

antera, onde *β -Ketoacil* sintetiza compostos defensivos que beneficiam o seu desenvolvimento (Jeong; Jung, 2015; Tseng *et al.*, 2020). Os demais genes anotados ainda não possuem nenhuma relação descrita com CPP.

Estudo com 183 acessos de arroz, identificaram 6 QTLs associados com comprimento da panícula, sendo um localizado no cromossomo 12 (Thapa; Tabien; Septiningsih, 2021). Outro estudo obteve 14 marcadores significativos ligados ao comprimento da panícula. Cinco desses marcadores são comuns para genes envolvidos na altura da planta e comprimento da panícula (Reig-Valiente *et al.*, 2018). Crowell *et al.*, (2016) identificou um gene candidato *EP3/LP* perto de um SNP significativo, que se localiza no cromossomo dois, nenhum desses genes foi mapeado neste estudo. No experimento em que houve o silenciamento do gene *ep3* ocorreu redução no tamanho da panícula (Borna *et al.*, 2022). O comprimento da panícula é frequentemente associado ao rendimento, pois panículas longas podem produzir maior número de espiguetas e, portanto, maior número de grãos (Reig-Valiente *et al.*, 2018).

Figura 11 - Gráfico Manhattan plot do $-\log_{10}(P)$ vs. posição cromossômica de marcadores SNP associados ao comprimento da panícula principal (CPP) em um painel de arroz cultivado no Brasil. A: Método GLM (*general linear model*) utilizando dados fenotípicos, dados genotípicos e análise de componentes principais (PCA); B: Método GLM (*general linear model*) utilizando dados fenotípicos, dados genotípicos e a estrutura da população.

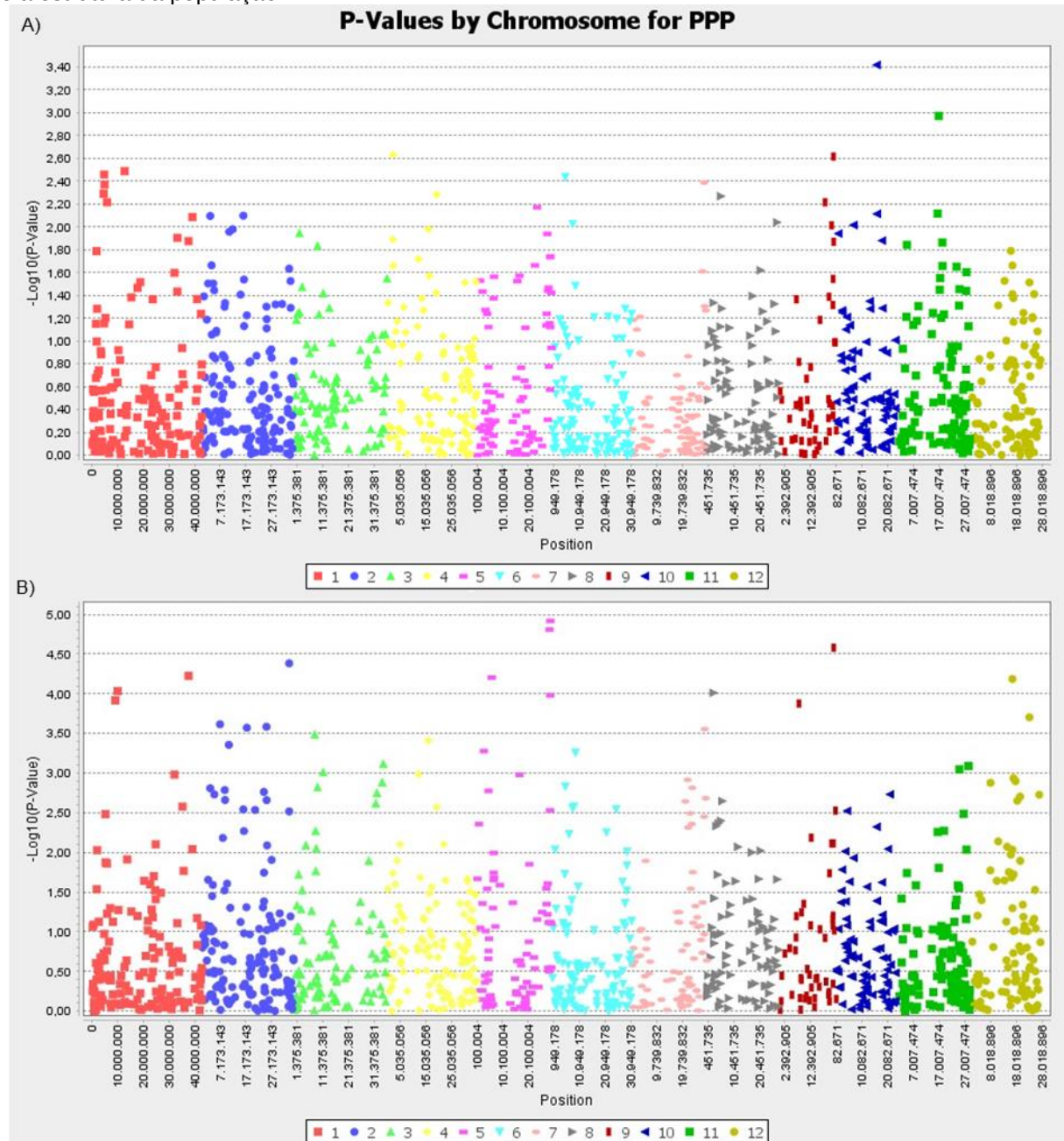


Fonte: Elaborada pelo autor.

Quando PCA foi utilizado como Q no modelo GLM, a variável PPP não apresentou nenhum SNP significativo (Figura 12 e Tabela 9). Da mesma forma, estudo com 328 acessos de arroz, utilizando o método MLM (*Mixed Linear Model*), não identificou nenhum SNP associado a peso relativo da panícula, usando um ponto de corte ($-\log_{10} p\text{value} > 4$) (Ueda *et al.*, 2015). Já quando se utiliza o método GLM, com a estrutura da população como Q foi mapeado quatro SNPs significativos (Figura

12 e Tabela 11) e nessa região estão anotados 15 genes (Tabela 12). Estudos demonstram que o gene *Os05g0569300* (*OsZIP45*) (Tabela 12) foi regulado positivamente em um ou mais estádios de desenvolvimento da panícula e, também, foi fortemente induzido pelo estresse induzido por desidratação, sal e frio (Zhang *et al.*, 2012). O gene *OsZIP45* pode estar relacionado com o PPP já que é positivamente expresso na panícula. O gene *Os05g0576300* (*OsC3H39*) (Tabela 12) é expresso exclusivamente em inflorescências (Wang *et al.*, 2008a), por isso sugere-se que esse gene pode contribuir para a formação adequada de grãos e consequente com o PPP.

Figura 12 - Gráfico Manhattan plot do $-\log_{10}(P)$ vs. posição cromossômica de marcadores SNP associados ao peso da panícula principal (PPP) em um painel de arroz cultivado no Brasil. A: Método GLM (*general linear model*) utilizando dados fenotípicos, dados genotípicos e análise de componentes principais (PCA); B: Método GLM (*general linear model*) utilizando dados fenotípicos, dados genotípicos e a estrutura da população.



Fonte: Elaborada pelo autor.

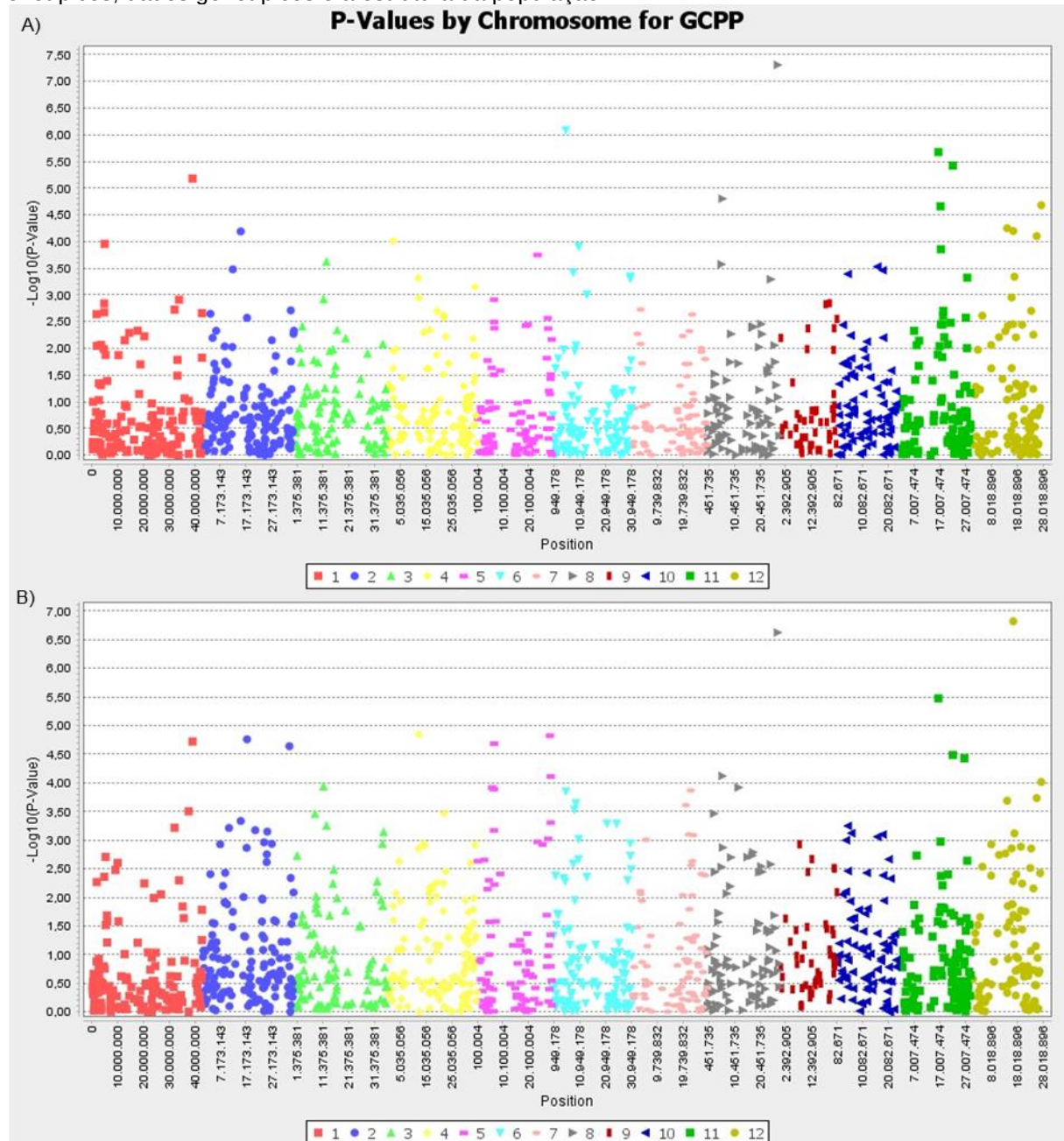
Para a variável GCPP, quando PCA foi aplicado, foram mapeados oito marcadores SNPs significativos (Figura 13 e Tabela 9), e próximo a localização desses foram identificados 17 genes (Tabela 10). Já pelo método GLM com a estrutura da população foram mapeados 11 SNPs significativos (Figura 13 e Tabela 11), próximo aos quais estão anotados 30 genes (Tabela 12). Para essa característica foi observado que oito genes anotados são iguais nos dois métodos (*Os01g0899500*,

Os01g0899700, *Os01g0899800*, *Os08g0545900*, *Os08g0546100*, *Os11g0474583*, *Os11g0474600* e *Os11g0584100*) (Tabela 10 e Tabela 12).

Estudo realizado com 620 acessos de arroz, aplicando o método MLM, identificou apenas um SNP significativo associado a número de grãos, localizado no cromossomo 6 (Huang *et al.*, 2012). Outro estudo, usando quatro métodos (GLM, MLM, BLINK e FarmCPU), identificou 21 QTLs associados a número de grãos, dos quais 16 QTLs foram identificados pelo método GLM. Dos QTLs identificados, cinco já haviam sido mapeados anteriormente (*OsERF77*, *EUI1*, *OsPFPB*, *OsCOL13* e *DEP3*), os quais estão relacionados com o desenvolvimento de sementes, panículas ou floração (Zhong *et al.*, 2021). No entanto, o presente estudo não mapeou nenhum dos genes relatados anteriormente.

O gene *Os08g0546100* (*OsBAG2*), anotado nesse estudo, é expresso em inúmeros tecidos, incluindo pistilo, antera, ovário e embrião (Zhou *et al.*, 2021). O desenvolvimento adequado desses órgãos está diretamente relacionado com a formação dos grãos, sugerindo a participação desse gene no controle GCPP. O gene *OsZIP45* (*Os05g0569300*), já relatado anteriormente para PPP, também foi observado para GCPP, reforçando sua participação no controle da formação de grãos da panícula. Estudos prévios demonstram que o gene *Os02g0498700* (Tabela 12) é positivamente expresso em anteras, pistilos, inflorescência pré-emergência, inflorescência pós-emergência, sementes 5 dias após a polinização (DAP), embriões em 25 DAP, endosperma aos 25 DAP e sementes aos 10 DAP (Kong *et al.*, 2019). Dessa forma, sugere-se que esse gene está diretamente relacionado com o número de GCPP.

Figura 13 - Gráfico Manhattan plot do $-\log_{10}(P)$ vs. posição cromossômica de marcadores SNP associados ao número de grãos cheios da panícula principal (GCPP) em um painel de arroz cultivado no Brasil. A: Método GLM (*general linear model*) utilizando dados fenotípicos, dados genotípicos e análise de componentes principais (PCA); B: Método GLM (*general linear model*) utilizando dados fenotípicos, dados genotípicos e a estrutura da população.

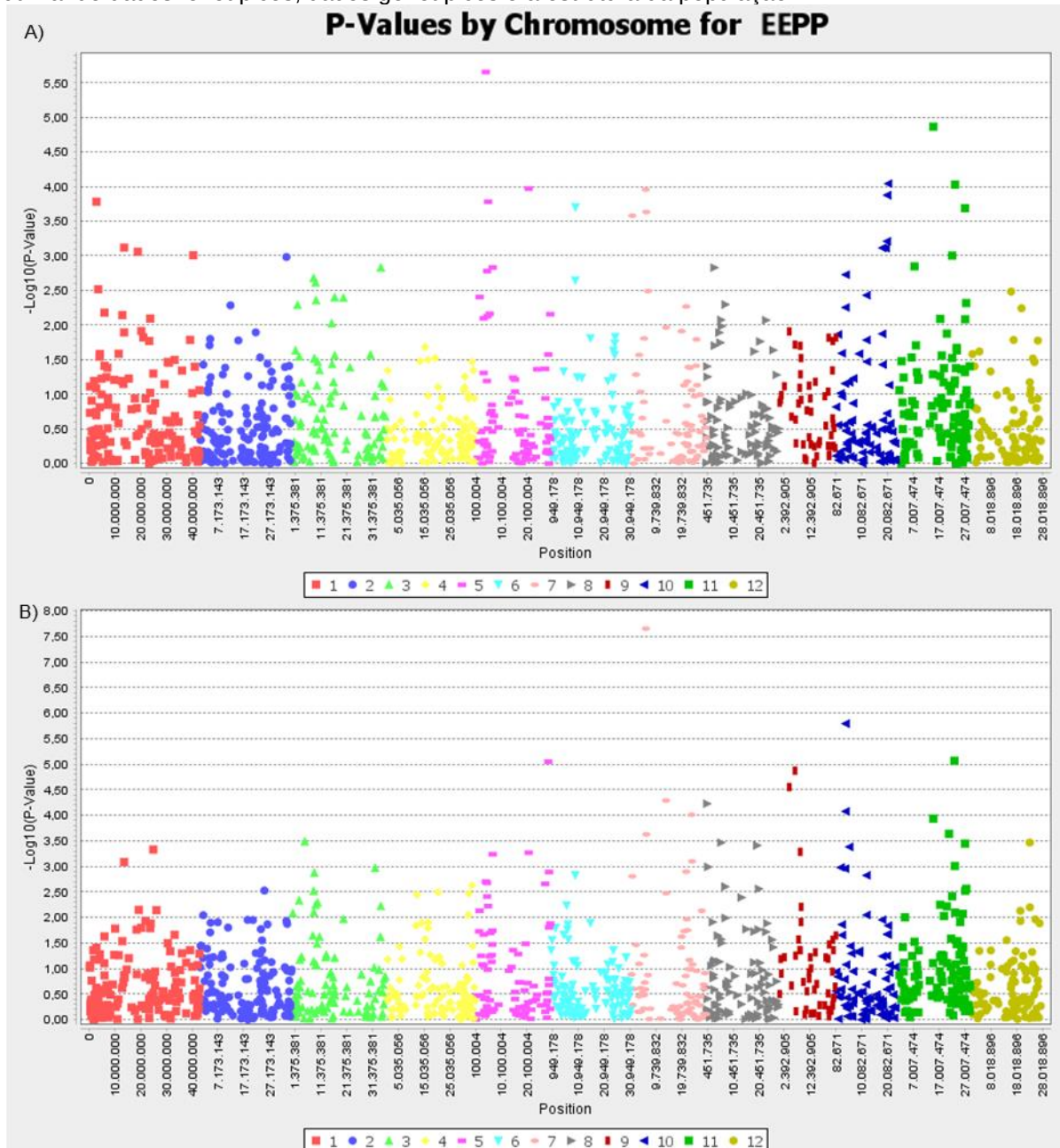


Fonte: Elaborada pelo autor.

Para a variável EEPP, quando PCA é utilizado no modelo GLM, foram detectados dois marcadores SNPs significativos, localizados nos cromossomos 5 e 11 (Figura 14 e Tabela 9). Próximo a esses SNPs foram identificados seis genes (*Os05g0168200*, *Os05g0168300*, *Os05g0168400*, *Os05g0168500*, *Os11g0444700* e *Os11g0444900*), nenhum deles ainda nomeado/identificado (Tabela 10). Utilizando a estrutura da população foram mapeados seis SNPs significativos (Figura 14 e Tabela

11). Próximo a estes marcadores estão anotados 16 genes (Tabela 12). Nenhum desses genes foi relacionado com EEPP anteriormente. O gene *OsZIP45* (*Os05g0569300*) anotado anteriormente associado à PPP e GCPP, também está associado a EEPP, reforçando sua participação no enchimento de grãos e peso de panícula. Em um estudo, utilizando o método GLM, foram identificados 14 QTLs associados a número de espiguetas estéreis por panícula. Desses um localizado próximo ao gene *OsOAT* e outro próximo ao gene *OsBOR4* (Zhong *et al.*, 2021). No entanto, neste estudo nenhum desses genes estão localizados próximos aos SNPs significativos.

Figura 14 - Gráfico Manhattan plot do $-\log_{10}(P)$ vs. posição cromossômica de marcadores SNP associados ao número de espiguetas estéreis da panícula principal (EEPP) em um painel de arroz cultivado no Brasil. A: Método GLM (*general linear model*) utilizando dados fenotípicos, dados genotípicos e análise de componentes principais (PCA); B: Método GLM (*general linear model*) utilizando dados fenotípicos, dados genotípicos e a estrutura da população.

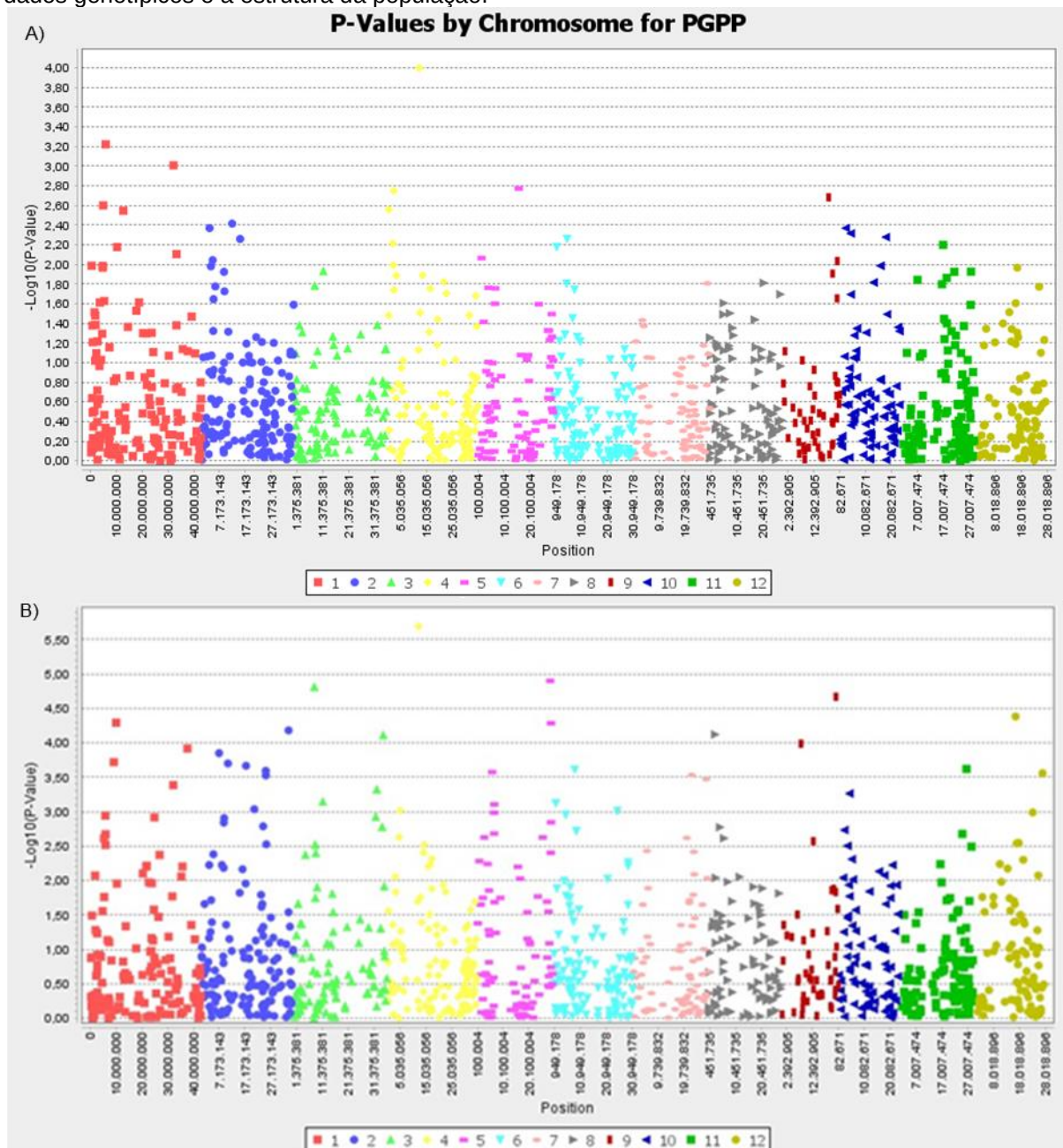


Fonte: Elaborada pelo autor.

Quando a análise de GWAS foi feita utilizando PCA, a variável PGPP não apresentou nenhum SNP significativo (Figura 15 e Tabela 9). Por outro lado, usando a estrutura da população foram mapeados cinco SNPs significativos (Figura 15 e Tabela 11), e próximo destes estão anotados 15 genes (Tabela 12). O gene *Os09g0542000* (*OsAlba7*) (Tabela 12) foi anotado tanto para PGPP como para PPP, isso pode indicar uma relação com a produtividade. O peso dos grãos é determinante

para a produtividade. Alguns genes que controlam essa característica já foram identificados previamente *GW2*, *GW7/OsSPL16*, *GS2/OsGRF4*, *GS5* e *TGW2* (Hu *et al.*, 2015; Li; Xue, 2011; Ponce *et al.*, 2020; Ruan *et al.*, 2020; Song *et al.*, 2007). Porém nenhum desses genes foi detectado neste estudo.

Figura 15 - Gráfico Manhattan plot do $-\log_{10}(P)$ vs. posição cromossômica de marcadores SNP associados ao peso de grãos da panícula principal (PGPP) em um painel de arroz cultivado no Brasil. A: Método GLM (*general linear model*) utilizando dados fenotípicos, dados genotípicos e análise de componentes principais (PCA); B: Método GLM (*general linear model*) utilizando dados fenotípicos, dados genotípicos e a estrutura da população.



Fonte: Elaborada pelo autor.

Para a variável PCG, aplicando PCA, foram mapeados 35 marcadores SNPs (Figura 16 e Tabela 9), e perto desses SNPs estão localizados 80 genes (Tabela 10). Utilizando a estrutura da população foram detectados 16 SNPs significativos (Figura 16 e Tabela 11), e próximos a esses estão anotados 24 genes (Tabela 12), os quais já haviam sido identificados pelo método anterior (PCA). Um dos genes anotado, o *Os08g0432300* (*TG1*) (Tabela 10 e Tabela 12), detectado pelos dois métodos utilizados neste estudo, está relacionado com o ângulo de afilhamento (Zhang *et al.*, 2019d). Durante a domesticação foram selecionadas plantas com menor expressão de *TG1*, consequentemente obtendo plantas mais eretas, o que é favorável para a eficiência fotossintética, que afeta a produtividade (Zhang *et al.*, 2019d). Estudos demonstram que o gene *Os03g0122600* (*OsMADS50/OsDTH3/OsSOC1*) (Tabela 10 e Tabela 12) desempenha um papel importante no controle do tempo de floração do arroz. Análises de expressão revelaram que esse gene atua precocemente no desenvolvimento da planta, sendo mais abundantemente expresso nos órgãos vegetativos, mas diminuindo a um nível muito baixo durante a formação dos órgãos florais (Bian *et al.*, 2011; Lee *et al.*, 2004).

Um estudo de mapeamento com 275 acessos de arroz, utilizando o método GLM para identificar genes relacionados com o peso e formato do grão foi desenvolvido (Wang *et al.*, 2023). Os autores obtiveram 168 QTLs associados com seis características de importância agrônômica quando as plantas foram cultivadas sob estresse hídrico (seca) e 302 QTLs foram encontrados quando as plantas foram mantidas em condições normais de irrigação. Um total de 1350 genes candidatos foram obtidos e 16 QTLs com associações significativas foram identificados (Wang *et al.*, 2023). No entanto, este estudo não encontrou nenhum gene em comum aos identificados por Wang *et al.* 2023.

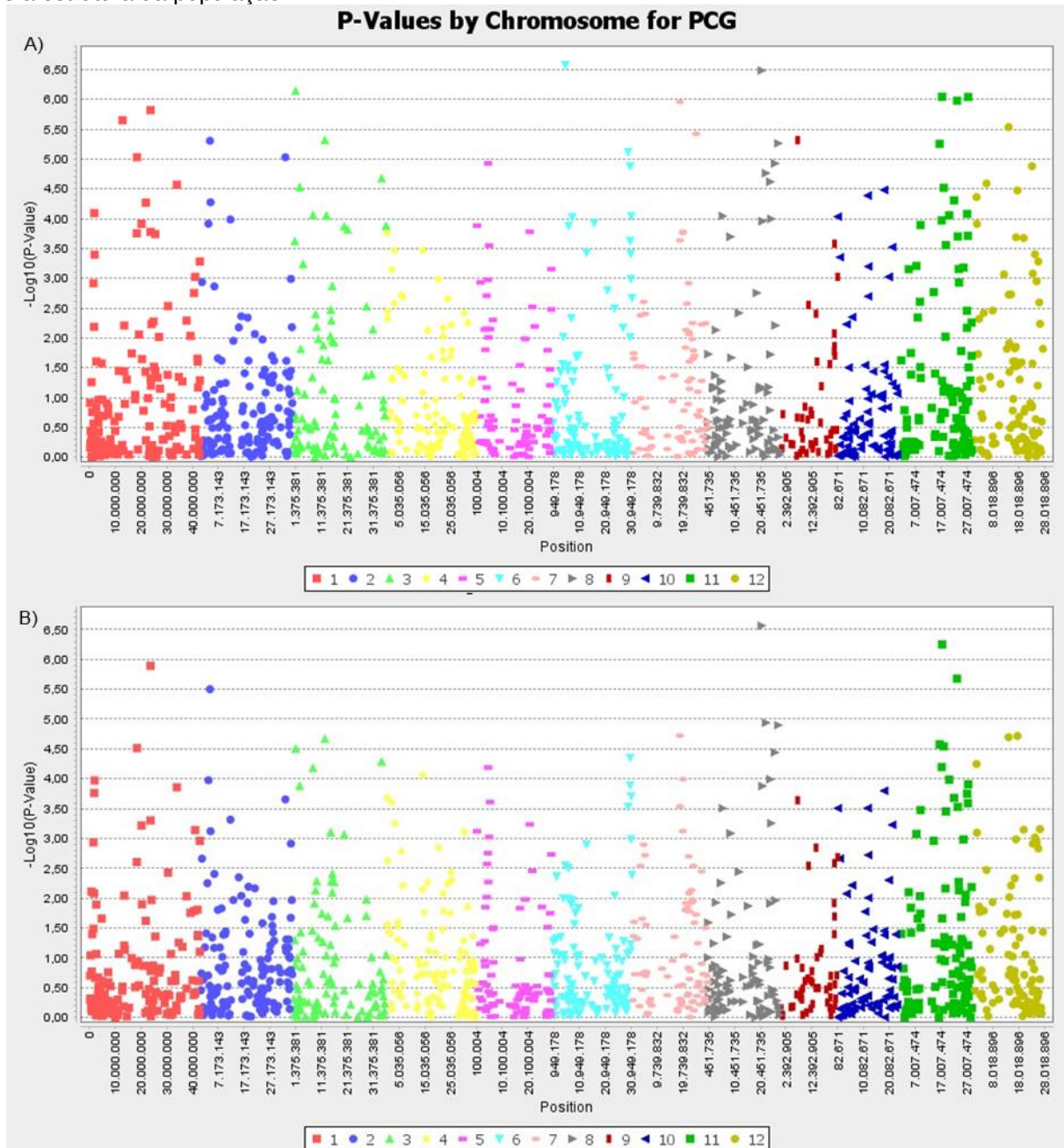
O gene *OsDOF24* (*Os08g0490100*) (Tabela 10) regula negativamente a senescência da folha no arroz, reprimindo a expressão de genes associados à senescência e genes de degradação da clorofila (Shim *et al.*, 2019). Isso pode contribuir para um maior período de acúmulo de fotoassimilados e auxiliar no aumento da produtividade.

O gene *OsGCD1* (*Os01g0801700*) (Tabela 10) é essencial tanto para a embriogênese inicial quanto para o desenvolvimento do endosperma e, portanto, essencial para a fertilidade (Huang; Peng; Sun, 2017), dessa forma, quanto maior a fertilidade mais produtiva será a planta.

Em estudo de expressão analisando a família *OsbZIP*, os autores sugerem a participação desses fatores de transcrição na regulação do padrão de expressão de genes envolvidos na transição floral, determinação do meristema floral, identidade do órgão floral e desenvolvimento precoce da panícula em arroz. No entanto, *OsbZIP07* não apresentou resultados significativos (Nijhawan *et al.*, 2008). Portanto, serão necessários mais estudos para identificar a relação do gene *OsbZIP07* (anotado neste estudo) com PCG.

Fatores de resposta a auxina (*ARFs*) regulam a expressão de genes de resposta a auxina. Em arroz 25 genes *ARFs* já foram identificados, e em plantas que o *OsARF24* foi silenciado foi observado redução na altura da planta, no tamanho da panícula e no número de sementes por panícula (Sakamoto; Inukai, 2013). O gene *OsARF24* (*Os12g0479400*) (Tabela 10 e Tabela 12) talvez possa atuar também no PCG.

Figura 16 - Gráfico Manhattan plot do $-\log_{10}(P)$ vs. posição cromossômica de marcadores SNP associados ao peso de cem grãos (PCG) em um painel de arroz cultivado no Brasil. A: Método GLM (*general linear model*) utilizando dados fenotípicos, dados genotípicos e análise de componentes principais (PCA); B: Método GLM (*general linear model*) utilizando dados fenotípicos, dados genotípicos e a estrutura da população.

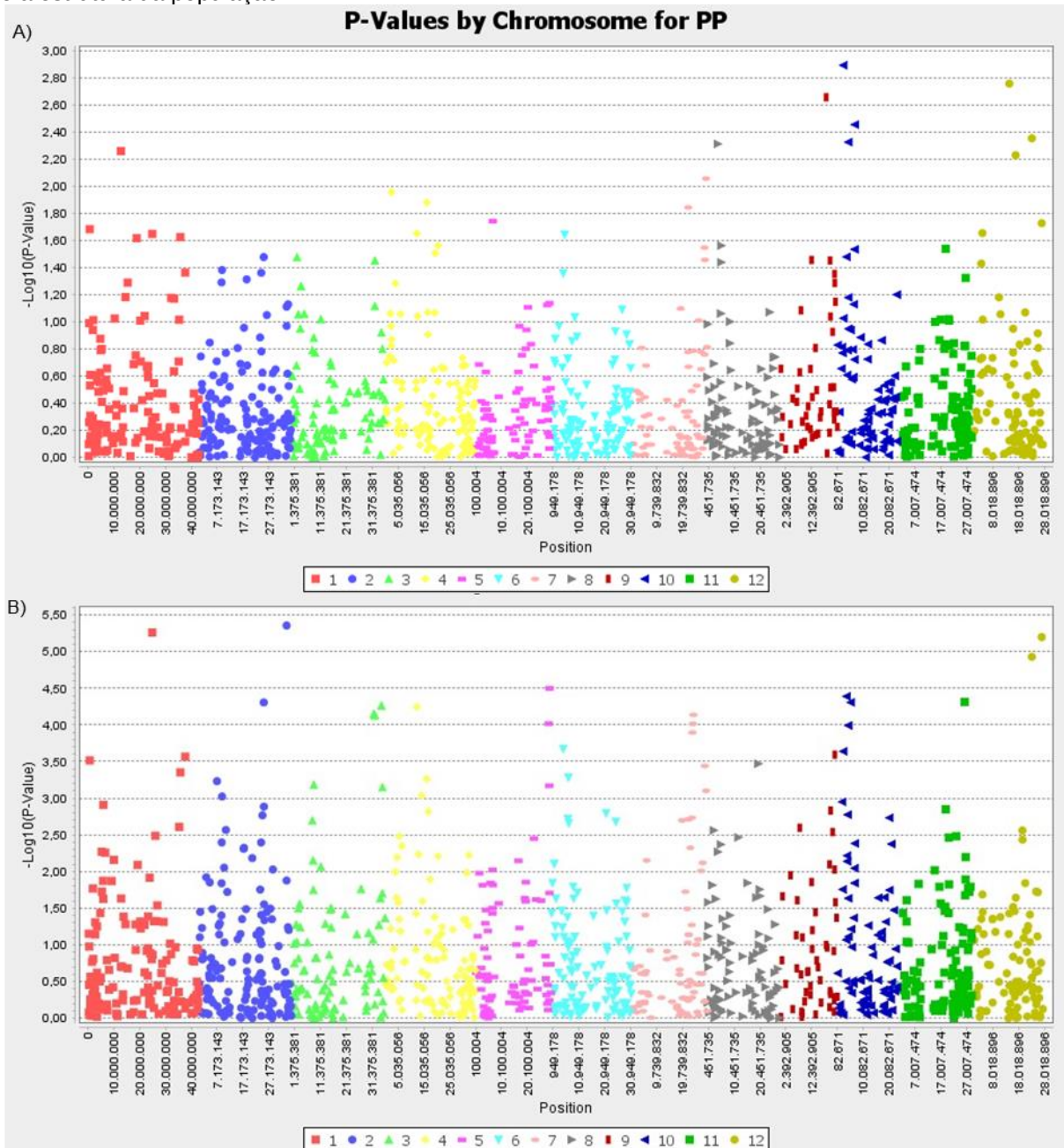


Fonte: Elaborada pelo autor.

Empregando PCA para análise de GWAS, a variável PP não possui nenhum SNP significativo (Figura 17 e Tabela 9). No entanto, se a estrutura da população for utilizada, seis SNPs significativos foram encontrados (Figura 17 e Tabela 11). Próximo a esses SNPs estão anotados 14 genes (Tabela 12). Desses, apenas três já foram identificados. O gene *Os05g0576300* (Tabela 12) está relacionado com a característica PPP. Estudos demonstram que esse gene é expresso exclusivamente

em inflorescências (Wang *et al.*, 2008a), o que pode explicar sua relação com PPP e PP. Em um estudo prévio, realizado com 88 genótipos de arroz, usando o modelo MLM, foram mapeados dois marcadores associados a produtividade, localizados nos cromossomos 5 e 8 (Azharudheen *et al.*, 2022). O rendimento é uma característica complexa, que é influenciada por outras características de forma direta ou indireta, o que dificulta o mapeamento.

Figura 17 - Gráfico Manhattan plot do $-\log_{10}(P)$ vs. posição cromossômica de marcadores SNP associados a produtividade por planta (PP) em um painel de arroz cultivado no Brasil. A: Método GLM (*general linear model*) utilizando dados fenotípicos, dados genotípicos e análise de componentes principais (PCA); B: Método GLM (*general linear model*) utilizando dados fenotípicos, dados genotípicos e a estrutura da população.



Fonte: Elaborada pelo autor.

Considerando o PCA na análise de GWAS, foram encontrados 19 SNPs significativos para a variável AP (Figura 18 e Tabela 9). Perto desses SNPs estão localizados 45 genes (Tabela 10). Utilizando a estrutura da população foram identificados 84 SNPs significativos (Figura 18 e Tabela 11), próximo dos quais estão anotados 247 genes (Tabela 12). Desses genes, 14 também foram identificados pelo método anterior (PCA). Dentre os genes detectados estão oito *RECEPTOR-LIKE*

CYTOPLASMIC KINASE (2, 3, 4, 24, 25, 127 e 187) (Tabela 10), que pertencem a família *OsRLKs*. RLK é uma das maiores famílias de proteínas em plantas, com diversas funções biológicas, que incluem resposta hormonal, diferenciação celular, crescimento e desenvolvimento, autoincompatibilidade, resposta a estresse, simbiose e reconhecimento de patógeno (Vij *et al.*, 2008). Além disso, foram encontrados sete genes *RING-TYPE E3 UBIQUITIN LIGASE* (55, 101, 224, 402, 419, 468 e 472) (Tabela 10). As ubiquitinas ligases E3 do tipo RING desempenham um papel importante no crescimento e desenvolvimento das plantas, bem como nas respostas de defesa a estresses abióticos e patógenos (Zhang *et al.*, 2021).

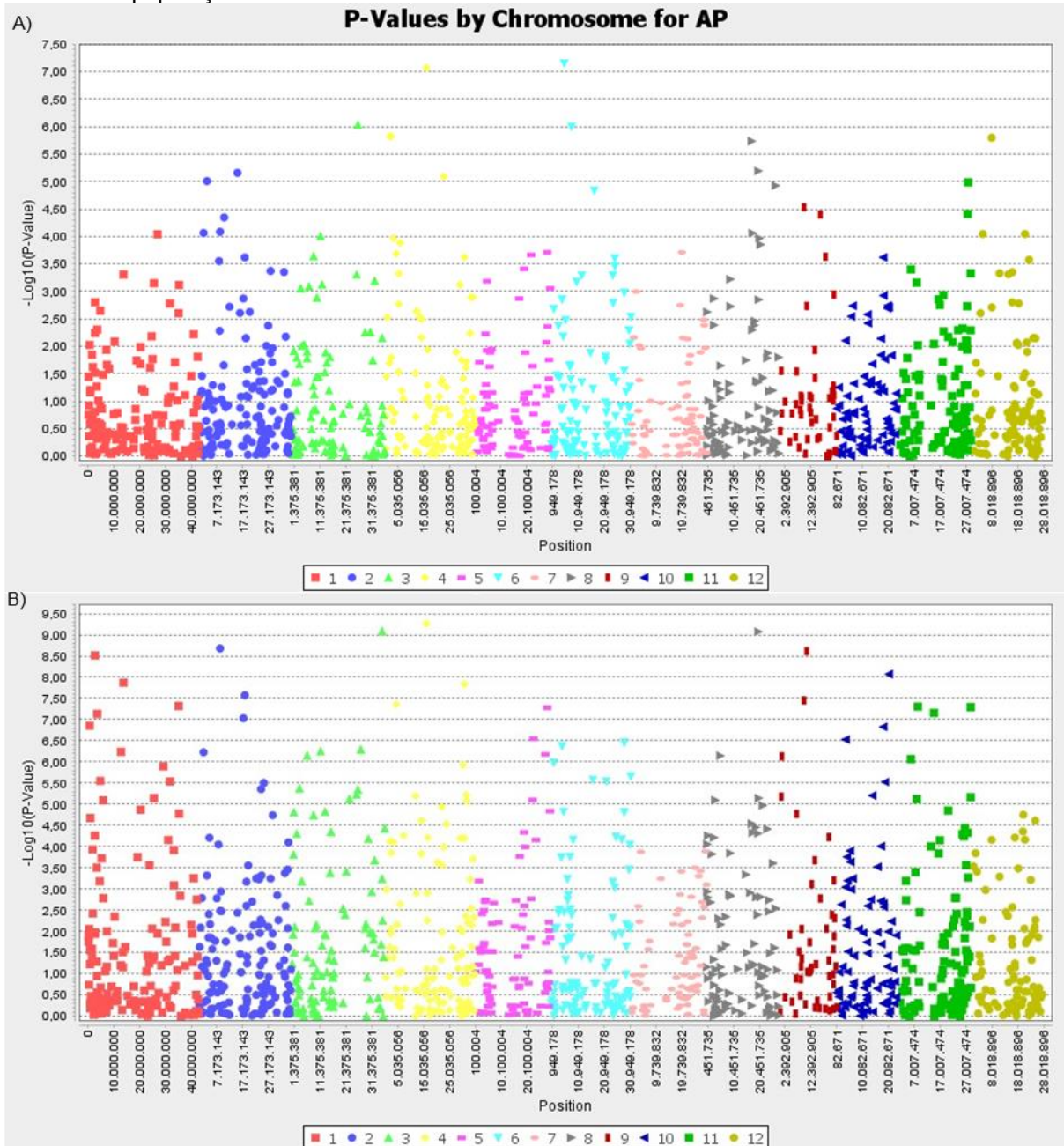
O gene *Os03g0219500 (IRON-SULFUR CLUSTER PROTEIN 4)* (Tabela 12) atua na regulação do crescimento da planta, afetando as atividades das proteínas Fe-S e as atividades resultantes da respiração, síntese de hormônios e outros processos celulares (frazzon *et al.*, 2007; Tsugama; Liu; Takano, 2009). O gene *Os08g0191200 (PHOSPHORIBOSYLAMINE-GLYCINE LIGASE - PurD)* (Tabela 12), quando silenciado, afetou a expressão de genes associados ao desenvolvimento do cloroplasto e à fotossíntese, o que resultou no desenvolvimento defeituoso do cloroplasto (Zhang *et al.*, 2018), redução da capacidade fotossintética, e afetou o crescimento e desenvolvimento das plantas. O gene *Os09g0114500 (KINESIN-4 PROTEIN WITH TRANSCRIPTION REGULATION ACTIVITY)* (Tabela 12) é essencial para o alongamento celular, pois o silenciamento de *BC12/GDD1*, que codifica uma proteína semelhante à cinesina, que se liga a um promotor do gene da biossíntese giberelina, leva ao nanismo, com alongamento celular prejudicado. Em outro estudo, o mutante *bc12-1* apresenta um fenótipo de colmo quebradiço, com defeitos na ordem das microfibrilas de celulose (Li; Xu; Chong, 2012; Zhang; Yamagishi, 2010).

O gene *Os11g0210100 (CLASS III PEROXIDASE 132)* (Tabela 12) pertence a uma grande família multigênica. As proteínas dessa família participam de uma ampla gama de processos fisiológicos incluindo o alongamento celular (Passardi *et al.*, 2004). A superexpressão do gene *Os08g0157500 (CAFFEIC ACID O-METHYLTRANSFERASE)* (Tabela 12) resultou no aumento da altura da planta e do comprimento da panícula. Por outro lado, o silenciamento promoveu o aparecimento de fenótipos opostos. Além disso, esse gene retarda a senescência foliar e melhora a fotossíntese (Huangfu *et al.*, 2022). O gene *Os01g0118300 (PHOSPHATIDYLSERINE SYNTHASE)* (Tabela 12) é responsável pela expansão

celular. O silenciamento desse gene leva à expansão celular defeituosa e compromete a biossíntese da parede celular (MA *et al.*, 2016a).

Em um estudo de mapeamento com 270 acessos de arroz, foram mapeados 13 SNPs significativos associados com altura da planta cultivada em condições normais, sendo o mais significativo encontrado no cromossomo 1 (MA *et al.*, 2016b). No presente estudo, os SNPs mais significativos estão localizados nos cromossomos 6 e 4 (utilizando PCA), e no cromossomo 4 (estrutura da população). Em outro estudo, com 619 acessos de arroz, foram detectados quatro QTLs de interesse, três localizados no cromossomo 1 e um localizado no cromossomo 2 (Hong *et al.*, 2023).

Figura 18 - Gráfico Manhattan plot do $-\log_{10}(P)$ vs. posição cromossômica de marcadores SNP associados altura da planta (AP) em um painel de arroz cultivado no Brasil. A: Método GLM (*general linear model*) utilizando dados fenotípicos, dados genotípicos e análise de componentes principais (PCA); B: Método GLM (*general linear model*) utilizando dados fenotípicos, dados genotípicos e a estrutura da população.



Fonte: Elaborada pelo autor.

Tabela 9 - Descrição de SNPs significativos para cada característica pelo método GLM utilizando PCA.

Variável	SNP	Chr	Posição	-log10	Variável	SNP	Chr	Posição	-log10
NP	5604007	5	22295097	4.3	PCG	rd12003492	12	23238473	4.9
CPP	id12003172	12	7923001	5.4	PCG	SNP-6.30484345.	6	30485344	4.9
CPP	12660593	12	15960393	4.8	PCG	id8006511	8	22621016	4.8
PPP	-	-	-	-	PCG	3518912	3	34623570	4.7
GCPP	rd8002538	8	27349869	7.3	PCG	8938960	8	24241338	4.6
GCPP	5971843	6	5395867	6.1	PCG	12180611	12	5605539	4.6
GCPP	SNP-11.15941391.	11	16406515	5.7	PCG	rd1000321	1	33956205	4.6
GCPP	SNP-11.21596684.	11	22062814	5.4	PCG	2544768	3	2876421	4.5
GCPP	SNP-1.39143403.	1	39144447	5.2	PCG	SNP-11.17609061.	11	18075204	4.5
GCPP	8172039	8	5836628	4.8	PCG	10678891	10	18019644	4.5
GCPP	SNP-12.27444627.	12	27478228	4.7	PCG	12732307	12	17571428	4.5
GCPP	SNP-11.16797379.	11	17263528	4.7	PCG	10454323	10	11640183	4.4
GVPP	SNP-5.4097450.	5	4097474	5.7	PCG	12047861	12	1742146	4.4
GVPP	SNP-11.14241649.	11	14705336	4.9	PCG	SNP-11.21596684.	11	22062814	4.3
PGPP	-	-	-	-	PP	-	-	-	-
PCG	5971843	6	5395867	6.6	AP	5971843	6	5395867	7.1
PCG	8848108	8	20939712	6.5	AP	4238950	4	16131197	7.1
PCG	2509250	3	1292063	6.1	AP	id3011085	3	25967161	6
PCG	SNP-11.16889230.	11	17355379	6	AP	id6005350	6	8244694	6
PCG	id11010897	11	27494728	6	AP	id4001113	4	2484571	5.8
PCG	SNP-11.22701656.	11	23167786	6	AP	wd4000229	4	2032639	5.8
PCG	7643802	7	18573822	6	AP	id12003172	12	7923001	5.8
PCG	SNP-1.23711708.	1	23712753	5.8	AP	8696593	8	17516403	5.7
PCG	402939	1	12928822	5.7	AP	8815450	8	20045845	5.2
PCG	12565979	12	14184747	5.5	AP	1845605	2	15102274	5.2
PCG	id7004596	7	24845026	5.4	AP	4476964	4	22793988	5.1
PCG	2786361	3	12656825	5.3	AP	1448733	2	3296459	5
PCG	9334403	9	6781421	5.3	AP	11955796	11	27817978	5

PCG	1465151	2	3961930	5.3	AP	SNP-8.26796600.	8	26799315	4.9
PCG	rd8002538	8	27349869	5.3	AP	SNP-6.17043995.	6	17044993	4.8
PCG	SNP-11.15941391.	11	16406515	5.3	AP	9459070	9	9628298	4.5
PCG	SNP-6.29728084.	6	29729083	5.1	AP	SNP-11.27201712.	11	27673326	4.4
PCG	SNP-1.18539601.	1	18540648	5	AP	9696771	9	15992331	4.4
PCG	id2014722	2	33158248	5	AP	1667949	2	9975660	4.3
PCG	SNP-5.4623502.	5	4623526	4.9	NA	-	-	-	-
PCG	SNP-8.26090329.	8	26093044	4.9					

Ponto de corte $-\log_{10} = 4,3$

Fonte: Elaborada pelo autor.

Tabela 10- Genes localizados próximos aos SNPs significativos pelo método GLM utilizando PCA.

Variável	SNP	Genes	Nomes do gene
NP	5604007	-	None
NP	5604007	Os05g0454200	Bright Green Leaf, Guanine Nucleotide Exchange Factor for Rop 10
NP	5604007	Os05g0454300	Receptor-Like Cytoplasmic Kinase 187
NP	5604007	Os05g0454400	Conserved hypothetical protein
NP	5604007	Os05g0454451	-
NP	5604007	Os05g0454500	Conserved hypothetical protein
CPP	id12003172	-	None
CPP	id12003172	Os12g0242700	Beta Ketoacyl Reductase
CPP	id12003172	Os12g0242800	TRAM
CPP	id12003172	Os12g0242900	DNA polymerase alpha, subunit B domain containing protein
CPP	12660593	-	None
CPP	12660593	Os12g0457200	Hypothetical conserved gene
CPP	12660593	-	None
CPP	12660593	Os12g0457500	Conserved hypothetical protein
CPP	12660593	-	None
PPP	-	-	-
GCPP	rd8002538	Os08g0545900	Multi antimicrobial extrusion protein MatE family protein
GCPP	rd8002538	-	None
GCPP	rd8002538	Os08g0546100	BCL-2-associated Athanogene 2
GCPP	5971843	-	None
GCPP	5971843	-	None
GCPP	5971843	Os06g0206700	Similar to Kinesin-related protein
GCPP	SNP-11.15941391.	Os11g0474583	-
GCPP	SNP-11.15941391.	Os11g0474600	-
GCPP	SNP-11.21596684.	Os11g0583366	-
GCPP	SNP-11.21596684.	-	None
GCPP	SNP-11.21596684.	-	None
GCPP	SNP-11.21596684.	Os11g0584100	Cyclin-like F-box domain containing protein

GCPP	SNP-1.39143403.	Os01g0899500	<i>Hypothetical conserved gene</i>
GCPP	SNP-1.39143403.	-	<i>None</i>
GCPP	SNP-1.39143403.	Os01g0899700	<i>Cold-Tolerance in Geng Rice 2</i>
GCPP	SNP-1.39143403.	-	<i>None</i>
GCPP	SNP-1.39143403.	Os01g0899800	<i>Plethora 5</i>
GCPP	8172039	-	<i>None</i>
GCPP	8172039	-	<i>None</i>
GCPP	8172039	Os08g0200500	<i>Receptor-Like Cytoplasmic Kinase 247</i>
GCPP	SNP-12.27444627.	Os12g0640600	<i>Carotenoid-cleavage Dioxygenase 1</i>
GCPP	SNP-12.27444627.	Os12g0640700	<i>Membrane-associated kinase-11</i>
GCPP	SNP-12.27444627.	Os12g0640800	<i>Similar to Serine/threonine-protein kinase PRP4 homolog (EC 2.7.1.37) (PRP4 pre- mRNA processing factor 4 homolog) (PRP4 kinase)</i>
GCPP	SNP-12.27444627.	Os12g0640900	<i>Myosin II heavy chain-like family protein</i>
GCPP	SNP-11.16797379.	Os11g0489600	-
GCPP	SNP-11.16797379.	Os11g0489800	-
GCPP	SNP-11.16797379.	-	<i>None</i>
GVPP	SNP-5.4097450.	-	<i>None</i>
GVPP	SNP-5.4097450.	Os05g0168200	<i>Pentaxin domain containing protein</i>
GVPP	SNP-5.4097450.	Os05g0168300	<i>Haloacid dehalogenase-like hydrolase domain containing protein</i>
GVPP	SNP-5.4097450.	Os05g0168400	<i>Conserved hypothetical protein</i>
GVPP	SNP-5.4097450.	Os05g0168500	<i>Nonaspanin (TM9SF) family protein</i>
GVPP	SNP-11.14241649.	-	<i>None</i>
GVPP	SNP-11.14241649.	Os11g0444700	<i>Octicosapeptide/Phox/Bem1p domain containing protein</i>
GVPP	SNP-11.14241649.	Os11g0444900	<i>Octicosapeptide/Phox/Bem1p domain containing protein</i>
PGPP	-	-	-
PCG	5971843	-	<i>None</i>
PCG	5971843	-	<i>None</i>
PCG	5971843	Os06g0206700	<i>Similar to Kinesin-related protein</i>
PCG	8848108	Os08g0432300	<i>Tiller Inclined Growth 1</i>
PCG	8848108	Os08g0432500	<i>Plastídeo Caseinolítico Protease S1</i>

PCG	8848108	-	None
PCG	2509250	Os03g0122600	Mads Box Gene 50, Mads-Box Transcription Factor 50, Protein Suppressor of Constans Overexpression 1-Like, Protein Agamous-Like 20
PCG	SNP-11.16889230.	Os11g0490900	WRKY Gene 72, WRKY Transcription Factor 72
PCG	SNP-11.16889230.	-	None
PCG	SNP-11.16889230.	-	None
PCG	id11010897	Os11g0679700	Glycerol-3-Phosphate Acyltransferase 3
PCG	id11010897	Os11g0679900	Conserved hypothetical protein
PCG	id11010897	Os11g0680200	Pentatricopeptide repeat domain containing protein
PCG	id11010897	-	None
PCG	id11010897	-	None
PCG	SNP-11.22701656.	Os11g0602200	Similar to SET domain protein SDG111
PCG	SNP-11.22701656.	Os11g0602250	-
PCG	SNP-11.22701656.	Os11g0602300	Similar to HVA22-like protein a (AtHVA22a
PCG	SNP-11.22701656.	Os11g0602400	tRNA intron endonuclease, catalytic domain-like domain containing protein)
PCG	7643802	Os07g0495900	Similar to low-level beta-amylase 1
PCG	7643802	-	None
PCG	7643802	-	None
PCG	7643802	Os07g0496000	Similar to Nt-rab6 protein
PCG	SNP-1.23711708.	-	None
PCG	SNP-1.23711708.	-	None
PCG	402939	Os01g0332800	Serine Carboxypeptidase 3
PCG	402939	Os01g0332900	Similar to immediate early protein RSP40
PCG	402939	-	None
PCG	12565979	-	None
PCG	12565979	-	None
PCG	id7004596	Os07g0605800	Similar to STF-1 (Fragment)
PCG	id7004596	Os07g0605900	Similar to Protein EGG Apparatus-1
PCG	id7004596	-	None
PCG	2786361	-	None

PCG	2786361	Os03g0340100	<i>Ring-Type E3 Ubiquitin Ligase 58</i>
PCG	2786361	-	<i>None</i>
PCG	2786361	-	<i>None</i>
PCG	9334403	-	<i>None</i>
PCG	1465151	Os02g0172600	<i>Heavy Metal ATPase 6</i>
PCG	1465151	-	<i>None</i>
PCG	1465151	Os02g0172800	<i>Similar to Zinc-binding protein</i>
PCG	rd8002538	Os08g0545900	<i>Multi antimicrobial extrusion protein MatE family protein</i>
PCG	rd8002538	-	<i>None</i>
PCG	rd8002538	Os08g0546100	<i>BCL-2-associated Athanogene 2</i>
PCG	SNP-11.15941391.	Os11g0474583	-
PCG	SNP-11.15941391.	Os11g0474600	-
PCG	SNP-6.29728084.	Os06g0703900	<i>Phosphate Starvation Response 4</i>
PCG	SNP-6.29728084.	Os06g0704000	<i>Protein of unknown function DUF659 domain containing protein</i>
PCG	SNP-6.29728084.	Os06g0704100	<i>Protein of unknown function DUF547 domain containing protein</i>
PCG	SNP-6.29728084.	Os06g0704200	<i>Conserved hypothetical protein</i>
PCG	SNP-6.29728084.	Os06g0704300	<i>Leaf and Tiller Angle Increased Controller, Zinc Finger CCCH Domain-Containing Protein 46</i>
PCG	SNP-1.18539601.	Os01g0520500	<i>Conserved hypothetical protein</i>
PCG	SNP-1.18539601.	Os01g0520600	<i>NB-ARC domain containing protein</i>
PCG	SNP-1.18539601.	-	<i>None</i>
PCG	id2014722	Os02g0782100	<i>Uncharacterised domain NUC173 domain containing protein</i>
PCG	id2014723	Os02g0782200	<i>Similar to NOT2/NOT3/NOT5 family protein, expressed</i>
PCG	SNP-5.4623502.	Os05g0177100	<i>F-box domain, cyclin-like domain containing protein</i>
PCG	SNP-5.4623502.	Os05g0177400	<i>Hypothetical conserved gene</i>
PCG	SNP-5.4623502.	-	<i>None</i>
PCG	SNP-5.4623502.	Os05g0177500	<i>Cytokinin-O-Glucosyltransferase 1</i>
PCG	SNP-8.26090329.	Os08g0524400	<i>Protein of unknown function DUF568</i>
PCG	SNP-8.26090329.	Os08g0524600	<i>Similar to 60S ribosomal protein L32</i>
PCG	SNP-8.26090329.	-	<i>None</i>
PCG	rd12003492	Os12g0565800	<i>Conserved hypothetical protein</i>

PCG	SNP-6.30484345.	Os06g0717300	<i>Conserved hypothetical protein</i>
PCG	SNP-6.30484345.	Os06g0717400	<i>Pseudouridine synthase domain containing protein</i>
PCG	SNP-6.30484345.	Os06g0717600	<i>Ring-Type E3 Ubiquitin Ligase 397</i>
PCG	id8006511	Os08g0460600	<i>Cytokinin Oxidase/Dehydrogenase 11</i>
PCG	id8006512	Os08g0460800	<i>Hypothetical conserved gene</i>
PCG	3518912	Os03g0824100	<i>Plastid Transcriptionally Active chromosome Protein 2</i>
PCG	3518912	Os03g0824200	<i>Methyltransferase small domain containing protein</i>
PCG	3518912	Os03g0824300	<i>Hypothetical conserved gene</i>
PCG	3518912	Os03g0824400	<i>Similar to Dolichol-phosphate mannosyltransferase (EC 2.4.1.83) (Dolichol- phosphate mannose synthase) (Dolichyl-phosphate beta-D- mannosyltransferase) (Mannose-P-dolichol synthase) (MPD synthase) (DPM synthase).)</i>
PCG	8938960	Os08g0490100	<i>DNA Binding with One Finger 24, DNA-Binding One Zinc Finger 24</i>
PCG	8938960	-	<i>None</i>
PCG	8938960	Os08g0490300	<i>RNA recognition motif, glycine rich protein domain containing protein</i>
PCG	8938960	Os08g0490400	<i>Arabinogalactan Protein 10</i>
PCG	8938960	-	<i>None</i>
PCG	12180611	Os12g0207200	<i>MYB/SANT-LIKE 41</i>
PCG	12180611		<i>Similar to Clathrin coat assembly protein AP17 (Clathrin coat associated protein AP17) (Plasma membrane adaptor AP-2 17 kDa protein) (HA2 17 kDa subunit) (Clathrin assembly protein 2 small chain)</i>
PCG	12180611	Os12g0207300	
PCG	12180611	Os12g0207500	<i>Similar to ATP synthase subunit beta</i>
PCG	12180611	Os12g0207600	<i>Similar to ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit</i>
PCG	rd1000321	-	<i>None</i>
PCG	rd1000321	Os01g0801500	<i>Beta-1, 3-Glucanase 7</i>
PCG	rd1000321	Os01g0801600	<i>Similar to Glycerol-3-phosphate dehydrogenase</i>
PCG	rd1000321	Os01g0801700	<i>Gamete Cells Defective 1</i>
PCG	rd1000321	Os01g0801800	<i>Hypothetical gene</i>
PCG	rd1000321	Os01g0801901	<i>b-ZIP Transcription Factor 7</i>
PCG	2544768	Os03g0152000	<i>Heavy-Metal-Associated Isoprenylated Plant Protein 36</i>
PCG	2544768	Os03g0152100	<i>Similar to E2F-DP transcription factor</i>
PCG	2544768	Os03g0152300	<i>Haem peroxidase family protein</i>

PCG	2544768	Os03g0152400	<i>Similar to 4-coumarate--CoA ligase-like 1</i>
PCG	SNP-11.17609061.	-	<i>None</i>
PCG	SNP-11.17609061.	Os11g0506800	<i>BCL-2-associated Athanogene 5, BCL-2-associated Athanogene 6</i>
PCG	SNP-11.17609061.	Os11g0506901	-
PCG	10678891	Os10g0479700	<i>Protein of unknown function DUF250 domain containing protein</i>
PCG	12732307	Os12g0479400	<i>Auxin Response Factor 24</i>
PCG	10454323	Os10g0370000	<i>Protein Phosphatase 2C71</i>
PCG	10454323	Os10g0370100	<i>NB-ARC domain containing protein</i>
PCG	12047861	Os12g0135200	<i>Kelch-type beta propeller domain containing protein</i>
PCG	12047861	Os12g0135300	<i>Similar to Kelch motif family protein</i>
PCG	12047861	Os12g0135500	<i>Similar to cDNA clone:006-207-G09, full insert sequence</i>
PCG	12047861	Os12g0135800	<i>Alpha/beta hydrolase fold-3 domain containing protein</i>
PCG	12047861	Os12g0135850	<i>Similar to No apical meristem protein</i>
PCG	12047861	Os12g0135900	<i>Similar to 50S ribosomal protein L24</i>
PCG	12047861	Os12g0136100	<i>Similar to Plastidic phosphate translocator-like protein1</i>
PCG	SNP-11.21596684.	Os11g0583366	-
PCG	SNP-11.21596684.	-	<i>None</i>
PCG	SNP-11.21596684.	-	<i>None</i>
PCG	SNP-11.21596684.	Os11g0584100	<i>Cyclin-like F-box domain containing protein</i>
PP	-	-	
AP	5971843	-	<i>None</i>
AP	5971843	-	<i>None</i>
AP	5971843	Os06g0206700	<i>Similar to Kinesin-related protein</i>
AP	4238950	Os04g0341100	<i>Similar to OSIGBa0159H11-OSIGBa0137A07.5 protein</i>
AP	4238950	-	<i>None</i>
AP	id3011085	Os03g0661500	<i>Conserved hypothetical protein</i>
AP	id3011086	Os03g0661600	<i>Similar to Alpha-amylase/trypsin inhibitor (Antifungal protein)</i>
AP	id6005350	Os06g0257600	<i>GDSL Esterase/Lipase Protein 82</i>
AP	id6005351	Os06g0257700	<i>Ring-Type E3 Ubiquitin Ligase 402</i>
AP	id6005352	-	<i>None</i>

AP	id6005353	-	None
AP	id6005354	Os06g0258000	Similar to Typical P-type R2R3 Myb protein (Fragment)
AP	id4001113	Os04g0137201	Pectate lyase-like 4.1, Pectate lyase-like 4.2
AP	id4001114	-	None
AP	wd4000229	Os04g0132300	Similar to cePP protein
AP	wd4000230	Os04g0132500	Cold Tolerance at Booting Stage 4a, Receptor-Like Cytoplasmic Kinase 127
AP	wd4000231	-	None
AP	id12003172	-	None
AP	id12003173	Os12g0242700	Beta Ketoacyl Reductase
AP	id12003174	Os12g0242800	TRAM
AP	id12003175	Os12g0242900	DNA polymerase alpha, subunit B domain containing protein
AP	8696593	Os08g0373900	Hypothetical conserved gene
AP	8696593	Os08g0374000	Bet v I allergen family protein
AP	8696593	Os08g0374100	Ubiquitin-Conjugating Enzyme 5
AP	8696593	Os08g0374200	Similar to Ubiquitin carrier protein
AP	8815450	Os08g0419100	Conserved hypothetical protein
AP	8815450	Os08g0419200	Non-protein coding transcript
AP	8815450	Os08g0419300	
AP	1845605	-	None
AP	1845605	-	None
AP	1845605	Os02g0455400	Hypothetical conserved gene
AP	1845605	-	None
AP	4476964	Os04g0455200	Similar to OSIGBa0093K19.7 protein
AP	4476964	Os04g0455401	Similar to OSIGBa0093K19.10 protein
AP	4476964	-	None
AP	4476964	Os04g0455600	Similar to H0523F07.2 protein
AP	4476964	Os04g0455700	Similar to H0523F07.3 protein
AP	4476964	Os04g0455800	Similar to Lipoic acid synthetase, mitochondrial precursor (Lip-syn) (Lipoate synthase) (mLIP1)
AP	1448733	Os02g0161100	Actin-binding FH2 domain containing protein
AP	1448733	Os02g0161200	Zinc Finger CCCH Domain-Containing Protein 13

AP	11955796	Os11g0686900	<i>Similar to NB-ARC domain containing protein, expressed</i>
AP	11955796	-	<i>None</i>
AP	SNP-8.26796600.	Os08g0536100	<i>Hypothetical conserved gene</i>
AP	SNP-8.26796600.	Os08g0536200	<i>Uncharacterised protein family UPF0497, trans-membrane plant subgroup domain containing protein</i>
AP	SNP-8.26796600.	Os08g0536300	<i>CONSTANS-like protein 15</i>
AP	SNP-6.17043995.	Os06g0492700	<i>Similar to Dynein light chain LC6, flagellar outer arm</i>
AP	SNP-6.17043995.	Os06g0492800	<i>Hypothetical conserved gene</i>
AP	SNP-6.17043995.	Os06g0492900	<i>F-box domain, cyclin-like domain containing protein</i>
AP	9459070	-	<i>None</i>
AP	9459070	Os09g0326800	<i>19S Regulatory Particle non-ATPase 1a</i>
AP	9459070	Os09g0326850	<i>Yos1-like domain containing protein</i>
AP	9459070	Os09g0326900	<i>Similar to Eukaryotic translation initiation factor 5 (eIF-5)</i>
AP	9459070	Os09g0326900	<i>Similar to Eukaryotic translation initiation factor 5 (eIF-5)</i>
AP	SNP-11.27201712.	Os11g0684000	<i>Fator de Transcrição MYB regulado por JA</i>
AP	9696771	Os09g0434900	<i>Ring-Type E3 Ubiquitin Ligase 472</i>
AP	9696771	Os09g0435250	<i>Ring-Type E3 Ubiquitin Ligase 468</i>
AP	9696771	Os09g0435400	<i>-</i>
AP	1667949	Os02g0273700	<i>VHS domain containing protein</i>
AP	1667949	Os02g0273800	<i>Multi antimicrobial extrusion protein MatE domain containing protein</i>
NA	-	-	<i>-</i>

A análise de haplótipos por genótipo em SNPs significativos e genes candidatos foram pesquisados em uma janela de 20 kbp no banco de dados para RAPDB (<https://rapdb.dna.affrc.go.jp/>).

Fonte: Elaborada pelo autor.

Tabela 11 - Descrição de SNPs significativos para cada característica pelo método GLM utilizando estrutura da população.

Variável	SNP	Chr	Pos	log10	Variável	SNP	Chr	Pos	log10
NP	id1014841	1	24893163	7.22	AP	11337326	11	14565502	7.16
NP	id1014841	1	24893163	7.22	AP	11337326	11	14565502	7.16
NP	id1014841	1	24893163	7.22	AP	11337326	11	14565502	7.16
NP	id1014841	1	24893163	7.22	AP	id1003050	1	3701291	7.13
NP	id1015390	1	26187514	6.89	AP	id1003050	1	3701291	7.13
NP	id1015390	1	26187514	6.89	AP	id1003050	1	3701291	7.13
NP	id1015390	1	26187514	6.89	AP	id1003050	1	3701291	7.13
NP	SNP-10.19278971.	10	19350417	5.91	AP	id1003050	1	3701291	7.13
NP	SNP-10.19278971.	10	19350417	5.91	AP	id1003050	1	3701291	7.13
NP	SNP-10.19278971.	10	19350417	5.91	AP	1921360	2	17414544	7.03
NP	SNP-10.19278971.	10	19350417	5.91	AP	1921360	2	17414544	7.03
NP	4295290.000	4	17444232	5.66	AP	1921360	2	17414544	7.03
NP	4295290.000	4	17444232	5.66	AP	1921360	2	17414544	7.03
NP	4295290.000	4	17444232	5.66	AP	1921360	2	17414544	7.03
NP	SNP-1.6682797.	1	6683798	5.35	AP	20215	1	729666	6.86
NP	5516978.000	5	19570480	5.33	AP	20215	1	729666	6.86
NP	id1015467	1	26463706	5.32	AP	20215	1	729666	6.86
NP	SNP-7.26952770.	7	26953765	5.15	AP	20215	1	729666	6.86
NP	SNP-7.26952770.	7	26953765	5.15	AP	20215	1	729666	6.86
NP	SNP-7.26952770.	7	26953765	5.15	AP	10678891	10	18019644	6.83
NP	id4002562	4	6478580	4.99	AP	10678891	10	18019644	6.83
NP	id4002562	4	6478580	4.99	AP	5615443	5	22710279	6.55
NP	SNP-11.27201712.	11	27673326	4.96	AP	5615443	5	22710279	6.55
NP	SNP-1.6000006.	1	6001007	4.82	AP	5615443	5	22710279	6.55
NP	SNP-1.6000006.	1	6001007	4.82	AP	5615443	5	22710279	6.55
NP	SNP-1.6000006.	1	6001007	4.82	AP	id10000969	10	3475995	6.53
NP	SNP-1.6000006.	1	6001007	4.82	AP	id10000969	10	3475995	6.53

NP	SNP-1.6000006.	1	6001007	4.82	AP	id10000969	10	3475995	6.53
NP	SNP-1.6000006.	1	6001007	4.82	AP	id10000969	10	3475995	6.53
NP	SNP-1.6000006.	1	6001007	4.82	AP	SNP-6_28653037	6	28654036	6.46
NP	8081078.000	8	3340298	4.69	AP	SNP-6_28653037	6	28654036	6.46
NP	3857681.000	4	5475158	4.59	AP	SNP-6_28653037	6	28654036	6.46
NP	3857681.000	4	5475158	4.59	AP	SNP-6_28653037	6	28654036	6.46
NP	3857681.000	4	5475158	4.59	AP	SNP-6_28653037	6	28654036	6.46
NP	3857681.000	4	5475158	4.59	AP	SNP-6_28653037	6	28654036	6.46
NP	3857681.000	4	5475158	4.59	AP	5948926	6	4577289	6.38
NP	id2012493	2	28733338	4.52	AP	5948926	6	4577289	6.38
NP	id2012493	2	28733338	4.52	AP	5948926	6	4577289	6.38
CPP	SNP-3.35821164.	3	35828296	6.57	AP	5948926	6	4577289	6.38
CPP	SNP-3.35821164.	3	35828296	6.57	AP	3323682	3	27066394	6.29
CPP	SNP-3.35821164.	3	35828296	6.57	AP	2759587	3	11519535	6.25
CPP	SNP-3.35821164.	3	35828296	6.57	AP	2759587	3	11519535	6.25
CPP	SNP-3.35821164.	3	35828296	6.57	AP	2759587	3	11519535	6.25
CPP	SNP-3.35821164.	3	35828296	6.57	AP	2759587	3	11519535	6.25
CPP	id7004596	7	24845026	5.39	AP	402939	1	12928822	6.24
CPP	id7004596	7	24845026	5.39	AP	402939	1	12928822	6.24
CPP	id7004596	7	24845026	5.39	AP	402939	1	12928822	6.24
CPP	id4005623	4	19379880	5.12	AP	1412828	2	1994215	6.23
CPP	id4005623	4	19379880	5.12	AP	1412828	2	1994215	6.23
CPP	id4005623	4	19379880	5.12	AP	1412828	2	1994215	6.23
CPP	id4005623	4	19379880	5.12	AP	1412828	2	1994215	6.23
CPP	SNP-11.27201712.	11	27673326	5.04	AP	id5013231	5	27289052	6.18
CPP	id7005665	7	28249789	4.88	AP	id5013231	5	27289052	6.18
CPP	id7005665	7	28249789	4.88	AP	id5013231	5	27289052	6.18
CPP	id7005665	7	28249789	4.88	AP	id5013231	5	27289052	6.18

CPP	id7005665	7	28249789	4.88	AP	id3003638	3	6277498	6.15
CPP	SNP-3.36333194.	3	36340325	4.87	AP	id3003638	3	6277498	6.15
CPP	SNP-3.36333194.	3	36340325	4.87	AP	id3003638	3	6277498	6.15
CPP	SNP-3.36333194.	3	36340325	4.87	AP	id3003638	3	6277498	6.15
CPP	SNP-3.36333194.	3	36340325	4.87	AP	id3003638	3	6277498	6.15
CPP	SNP-3.36333194.	3	36340325	4.87	AP	id3003638	3	6277498	6.15
CPP	id12003172	12	7923001	4.81	AP	SNP-8.5340422.	8	5341420	6.15
CPP	id12003172	12	7923001	4.81	AP	SNP-8.5340422.	8	5341420	6.15
CPP	id12003172	12	7923001	4.81	AP	SNP-8.5340422.	8	5341420	6.15
CPP	id12003172	12	7923001	4.81	AP	SNP-9.1156455.	9	1157456	6.13
CPP	SNP-3.13262836.	3	13264119	4.57	AP	SNP-9.1156455.	9	1157456	6.13
CPP	SNP-3.13262836.	3	13264119	4.57	AP	10987941	11	5709778	6.06
CPP	SNP-3.13262836.	3	13264119	4.57	AP	10987941	11	5709778	6.06
CPP	SNP-3.13262836.	3	13264119	4.57	AP	10987941	11	5709778	6.06
CPP	SNP-3.13262836.	3	13264119	4.57	AP	S6_1362133	6	1362133	5.98
CPP	SNP-3.13262836.	3	13264119	4.57	AP	S6_1362133	6	1362133	5.98
CPP	SNP-3.13262836.	3	13264119	4.57	AP	S6_1362133	6	1362133	5.98
CPP	12703353	12	17003142	4.50	AP	S6_1362133	6	1362133	5.98
CPP	12703353	12	17003142	4.50	AP	S6_1362133	6	1362133	5.98
CPP	12660593	12	15960393	4.44	AP	S6_1362133	6	1362133	5.98
CPP	12660593	12	15960393	4.44	AP	4672837	4	30362053	5.93
CPP	12660593	12	15960393	4.44	AP	4672837	4	30362053	5.93
CPP	12660593	12	15960393	4.44	AP	4672837	4	30362053	5.93
CPP	12660593	12	15960393	4.44	AP	4672837	4	30362053	5.93
CPP	5372002	5	15468376	4.37	AP	id1017334	1	29316202	5.89
CPP	5372002	5	15468376	4.37	AP	id1017334	1	29316202	5.89
CPP	5372002	5	15468376	4.37	AP	id1017334	1	29316202	5.89
CPP	5372002	5	15468376	4.37	AP	id1017334	1	29316202	5.89

PPP	5776642	5	28698334	4.92	AP	id1017334	1	29316202	5.89
PPP	5776642	5	28698334	4.92	AP	id6017023	6	31209346	5.66
PPP	5776642	5	28698334	4.92	AP	id6017023	6	31209346	5.66
PPP	5776642	5	28698334	4.92	AP	id6017023	6	31209346	5.66
PPP	5776642	5	28698334	4.92	AP	id6017023	6	31209346	5.66
PPP	5776642	5	28698334	4.92	AP	6428379	6	16538847	5.58
PPP	id5014124	5	28344771	4.81	AP	6428379	6	16538847	5.58
PPP	id5014124	5	28344771	4.81	AP	6428379	6	16538847	5.58
PPP	id5014124	5	28344771	4.81	AP	6428379	6	16538847	5.58
PPP	id5014124	5	28344771	4.81	AP	153572	1	4831116	5.55
PPP	id5014124	5	28344771	4.81	AP	153572	1	4831116	5.55
PPP	9852552	9	21348882	4.58	AP	153572	1	4831116	5.55
PPP	9852552	9	21348882	4.58	AP	153572	1	4831116	5.55
PPP	9852552	9	21348882	4.58	AP	6647702	6	21645145	5.54
PPP	9852552	9	21348882	4.58	AP	6647702	6	21645145	5.54
PPP	2437583	2	34072964	4.38	AP	6647702	6	21645145	5.54
PPP	2437583	2	34072964	4.38	AP	6647702	6	21645145	5.54
PPP	2437583	2	34072964	4.38	AP	SNP-1.31817959.	1	31819004	5.54
PPP	2437583	2	34072964	4.38	AP	SNP-1.31817959.	1	31819004	5.54
GCPP	SNP-12.16535450.	12	16538158	6.82	AP	SNP-1.31817959.	1	31819004	5.54
GCPP	SNP-12.16535450.	12	16538158	6.82	AP	SNP-1.31817959.	1	31819004	5.54
GCPP	SNP-12.16535450.	12	16538158	6.82	AP	SNP-10.18716174.	10	18787618	5.53
GCPP	rd8002538	8	27349869	6.63	AP	SNP-10.18716174.	10	18787618	5.53
GCPP	rd8002538	8	27349869	6.63	AP	2204731	2	25339669	5.51
GCPP	rd8002538	8	27349869	6.63	AP	2204731	2	25339669	5.51
GCPP	SNP-11.15941391.	11	16406515	5.48	AP	id3001768	3	3313047	5.37
GCPP	SNP-11.15941391.	11	16406515	5.48	AP	id3001768	3	3313047	5.37
GCPP	wd4001738	4	12297152	4.85	AP	id3001768	3	3313047	5.37

GCPP	wd4001738	4	12297152	4.85	AP	id3001768	3	3313047	5.37
GCPP	wd4001738	4	12297152	4.85	AP	SNP-2.24274210.	2	24280080	5.36
GCPP	wd4001738	4	12297152	4.85	AP	SNP-2.24274210.	2	24280080	5.36
GCPP	id5014124	5	28344771	4.82	AP	SNP-2.24274210.	2	24280080	5.36
GCPP	id5014124	5	28344771	4.82	AP	SNP-2.24274210.	2	24280080	5.36
GCPP	id5014124	5	28344771	4.82	AP	SNP-2.24274210.	2	24280080	5.36
GCPP	id5014124	5	28344771	4.82	AP	id3011085	3	25967161	5.34
GCPP	id5014124	5	28344771	4.82	AP	id3011085	3	25967161	5.34
GCPP	1926538	2	17560758	4.76	AP	3270035	3	25466035	5.23
GCPP	1926538	2	17560758	4.76	AP	3270035	3	25466035	5.23
GCPP	SNP-1.39143403.	1	39144447	4.72	AP	SNP-4.31394197.	4	31579302	5.22
GCPP	SNP-1.39143403.	1	39144447	4.72	AP	SNP-4.31394197.	4	31579302	5.22
GCPP	SNP-1.39143403.	1	39144447	4.72	AP	SNP-4.31394197.	4	31579302	5.22
GCPP	SNP-1.39143403.	1	39144447	4.72	AP	SNP-4.31394197.	4	31579302	5.22
GCPP	SNP-1.39143403.	1	39144447	4.72	AP	id10003623	10	13782039	5.21
GCPP	id5003312	5	6607675	4.69	AP	id10003623	10	13782039	5.21
GCPP	id5003312	5	6607675	4.69	AP	id10003623	10	13782039	5.21
GCPP	id5003312	5	6607675	4.69	AP	id10003623	10	13782039	5.21
GCPP	2437583	2	34072964	4.64	AP	id10003623	10	13782039	5.21
GCPP	2437583	2	34072964	4.64	AP	id10003623	10	13782039	5.21
GCPP	2437583	2	34072964	4.64	AP	id4003693	4	11880412	5.19
GCPP	2437583	2	34072964	4.64	AP	id4003693	4	11880412	5.19
GCPP	SNP-11.21596684.	11	22062814	4.48	AP	9096255	9	855638	5.18
GCPP	SNP-11.21596684.	11	22062814	4.48	AP	9096255	9	855638	5.18
GCPP	SNP-11.21596684.	11	22062814	4.48	AP	9096255	9	855638	5.18
GCPP	SNP-11.21596684.	11	22062814	4.48	AP	9096255	9	855638	5.18
GCPP	11894392	11	26516772	4.43	AP	9096255	9	855638	5.18
GCPP	11894392	11	26516772	4.43	AP	id11011505	11	28767214	5.17

GCPP	11894392	11	26516772	4.43	AP	id11011505	11	28767214	5.17
GCPP	11894392	11	26516772	4.43	AP	id11011505	11	28767214	5.17
GCPP	11894392	11	26516772	4.43	AP	id11011505	11	28767214	5.17
GCPP	11894392	11	26516772	4.43	AP	id11011505	11	28767214	5.17
GVPP	id7000978	7	5887518	7.65	AP	id11011505	11	28767214	5.17
GVPP	id7000978	7	5887518	7.65	AP	867116	1	25575937	5.15
GVPP	id7000978	7	5887518	7.65	AP	867116	1	25575937	5.15
GVPP	id7000978	7	5887518	7.65	AP	867116	1	25575937	5.15
GVPP	SNP-10.3814952.	10	3815977	5.79	AP	867116	1	25575937	5.15
GVPP	11734873	11	22912310	5.07	AP	8822667	8	20213731	5.14
GVPP	11734873	11	22912310	5.07	AP	8822667	8	20213731	5.14
GVPP	id5014124	5	28344771	5.05	AP	8822667	8	20213731	5.14
GVPP	id5014124	5	28344771	5.05	AP	8822667	8	20213731	5.14
GVPP	id5014124	5	28344771	5.05	AP	3173191	3	22657915	5.13
GVPP	id5014124	5	28344771	5.05	AP	3173191	3	22657915	5.13
GVPP	id5014124	5	28344771	5.05	AP	3173191	3	22657915	5.13
GVPP	9311693	9	6360984	4.87	AP	SNP-11.7982850.	11	7987106	5.12
GVPP	9311693	9	6360984	4.87	AP	SNP-11.7982850.	11	7987106	5.12
GVPP	9311693	9	6360984	4.87	AP	SNP-11.7982850.	11	7987106	5.12
GVPP	9311693	9	6360984	4.87	AP	SNP-11.7982850.	11	7987106	5.12
GVPP	9215962	9	4162165	4.55	AP	5604007	5	22295097	5.10
PGPP	wd4001738	4	12297152	5.69	AP	5604007	5	22295097	5.10
PGPP	wd4001738	4	12297152	5.69	AP	5604007	5	22295097	5.10
PGPP	wd4001738	4	12297152	5.69	AP	5604007	5	22295097	5.10
PGPP	wd4001738	4	12297152	5.69	AP	5604007	5	22295097	5.10
PGPP	id5014124	5	28344771	4.90	AP	5604007	5	22295097	5.10
PGPP	id5014124	5	28344771	4.90	AP	8081078	8	3340298	5.10
PGPP	id5014124	5	28344771	4.90	AP	188269	1	5982772	5.09

PGPP	id5014124	5	28344771	4.90	AP	188269	1	5982772	5.09
PGPP	id5014124	5	28344771	4.90	AP	4711121	4	31678447	5.08
PGPP	id3004358	3	8217291	4.81	AP	4711121	4	31678447	5.08
PGPP	id3004358	3	8217291	4.81	AP	4711121	4	31678447	5.08
PGPP	id3004358	3	8217291	4.81	AP	8873873	8	21773808	4.97
PGPP	id3004358	3	8217291	4.81	AP	8873873	8	21773808	4.97
PGPP	9852552	9	21348882	4.67	AP	8873873	8	21773808	4.97
PGPP	9852552	9	21348882	4.67	AP	8873873	8	21773808	4.97
PGPP	9852552	9	21348882	4.67	AP	4453542	4	22038535	4.94
PGPP	9852552	9	21348882	4.67	AP	684468	1	20418175	4.87
PGPP	SNP-12.16535450.	12	16538158	4.38	AP	684468	1	20418175	4.87
PGPP	SNP-12.16535450.	12	16538158	4.38	AP	684468	1	20418175	4.87
PGPP	SNP-12.16535450.	12	16538158	4.38	AP	684468	1	20418175	4.87
PCG	8848108	8	20939712	6.56	AP	684468	1	20418175	4.87
PCG	8848108	8	20939712	6.56	AP	11598756	11	20108668	4.85
PCG	8848108	8	20939712	6.56	AP	11598756	11	20108668	4.85
PCG	SNP-11.16889230.	11	17355379	6.25	AP	11598756	11	20108668	4.85
PCG	SNP-11.16889230.	11	17355379	6.25	AP	11598756	11	20108668	4.85
PCG	SNP-11.16889230.	11	17355379	6.25	AP	5786110	5	29110069	4.84
PCG	SNP-1.23711708.	1	23712753	5.89	AP	5786110	5	29110069	4.84
PCG	SNP-1.23711708.	1	23712753	5.89	AP	SNP-3.13262836.	3	13264119	4.83
PCG	SNP-11.22701656.	11	23167786	5.67	AP	SNP-3.13262836.	3	13264119	4.83
PCG	SNP-11.22701656.	11	23167786	5.67	AP	SNP-3.13262836.	3	13264119	4.83
PCG	SNP-11.22701656.	11	23167786	5.67	AP	SNP-3.13262836.	3	13264119	4.83
PCG	1465151	2	3961930	5.50	AP	SNP-3.13262836.	3	13264119	4.83
PCG	1465151	2	3961930	5.50	AP	SNP-3.13262836.	3	13264119	4.83
PCG	1465151	2	3961930	5.50	AP	SNP-3.13262836.	3	13264119	4.83
PCG	id8006511	8	22621016	4.94	AP	5965570	6	5172991	4.82

PCG	id8006511	8	22621016	4.94	AP	5965570	6	5172991	4.82
PCG	rd8002538	8	27349869	4.90	AP	6889734	6	28694842	4.82
PCG	rd8002538	8	27349869	4.90	AP	6889734	6	28694842	4.82
PCG	rd8002538	8	27349869	4.90	AP	6889734	6	28694842	4.82
PCG	7643802	7	18573822	4.72	AP	6889734	6	28694842	4.82
PCG	7643802	7	18573822	4.72	AP	2506194	3	1155137	4.81
PCG	7643802	7	18573822	4.72	AP	1152251	1	35367274	4.78
PCG	7643802	7	18573822	4.72	AP	1152251	1	35367274	4.78
PCG	12732307	12	17571428	4.72	AP	1152251	1	35367274	4.78
PCG	12565979	12	14184747	4.70	AP	1152251	1	35367274	4.78
PCG	12565979	12	14184747	4.70	AP	9334403	9	6781421	4.77
PCG	2786361	3	12656825	4.67	AP	SNP-12.20165789.	12	20194348	4.75
PCG	2786361	3	12656825	4.67	AP	SNP-12.20165789.	12	20194348	4.75
PCG	2786361	3	12656825	4.67	AP	SNP-12.20165789.	12	20194348	4.75
PCG	2786361	3	12656825	4.67	AP	SNP-12.20165789.	12	20194348	4.75
PCG	SNP-11.15941391.	11	16406515	4.57	AP	SNP-12.20165789.	12	20194348	4.75
PCG	SNP-11.15941391.	11	16406515	4.57	AP	id2012493	2	28733338	4.74
PCG	SNP-11.17609061.	11	18075204	4.54	AP	id2012493	2	28733338	4.74
PCG	SNP-11.17609061.	11	18075204	4.54	AP	id3004633	3	8803255	4.74
PCG	SNP-11.17609061.	11	18075204	4.54	AP	id3004633	3	8803255	4.74
PCG	SNP-1.18539601.	1	18540648	4.51	AP	id3004633	3	8803255	4.74
PCG	SNP-1.18539601.	1	18540648	4.51	AP	id3004633	3	8803255	4.74
PCG	SNP-1.18539601.	1	18540648	4.51	AP	id3004633	3	8803255	4.74
PCG	2509250	3	1292063	4.50	AP	id3004633	3	8803255	4.74
PCG	SNP-8.26090329.	8	26093044	4.44	AP	id1000955	1	1044946	4.68
PCG	SNP-8.26090329.	8	26093044	4.44	AP	13006287	12	24819564	4.61
PCG	SNP-8.26090329.	8	26093044	4.44	AP	13006287	12	24819564	4.61
PCG	SNP-8.26090329.	8	26093044	4.44	AP	13006287	12	24819564	4.61

PP	2437583	2	34072964	5.35	AP	13006287	12	24819564	4.61
PP	2437583	2	34072964	5.35	AP	13006287	12	24819564	4.61
PP	2437583	2	34072964	5.35	AP	4187124	4	14229856	4.61
PP	2437583	2	34072964	5.35	AP	4187124	4	14229856	4.61
PP	id1014841	1	24893163	5.26	AP	4187124	4	14229856	4.61
PP	id1014841	1	24893163	5.26	AP	8696593	8	17516403	4.54
PP	id1014841	1	24893163	5.26	AP	8696593	8	17516403	4.54
PP	id1014841	1	24893163	5.26	AP	8696593	8	17516403	4.54
PP	13069784	12	27023424	5.20	AP	8696593	8	17516403	4.54
PP	13069784	12	27023424	5.20	AP	4504597	4	23875094	4.53
PP	13069784	12	27023424	5.20	AP	4504597	4	23875094	4.53
PP	13069784	12	27023424	5.20	AP	4504597	4	23875094	4.53
PP	12951919	12	23190179	4.93	AP	4504597	4	23875094	4.53
PP	12951919	12	23190179	4.93	AP	4504597	4	23875094	4.53
PP	12951919	12	23190179	4.93	AP	4504597	4	23875094	4.53
PP	5776642	5	28698334	4.50	AP	SNP-8.19028736.	8	19031450	4.46
PP	5776642	5	28698334	4.50	AP	SNP-8.19028736.	8	19031450	4.46
PP	5776642	5	28698334	4.50	AP	SNP-8.19028736.	8	19031450	4.46
PP	5776642	5	28698334	4.50	AP	SNP-8.19028736.	8	19031450	4.46
PP	5776642	5	28698334	4.50	AP	SNP-11.26057855.	11	26529441	4.44
PP	5776642	5	28698334	4.50	AP	SNP-3.36333194.	3	36340325	4.43
PP	SNP-10.3550576.	10	3551600	4.39	AP	SNP-3.36333194.	3	36340325	4.43
PP	SNP-10.3550576.	10	3551600	4.39	AP	SNP-3.36333194.	3	36340325	4.43
AP	4238950	4	16131197	9.26	AP	SNP-3.36333194.	3	36340325	4.43
AP	4238950	4	16131197	9.26	AP	SNP-3.36333194.	3	36340325	4.43
AP	3538410	3	35295694	9.08	AP	8922103	8	23544196	4.42
AP	3538410	3	35295694	9.08	AP	8922103	8	23544196	4.42
AP	3538410	3	35295694	9.08	AP	8922103	8	23544196	4.42

AP	3538410	3	35295694	9.08	NA	SNP-3.36333194.	3	36340325	7.50
AP	8815450	8	20045845	9.07	NA	SNP-3.36333194.	3	36340325	7.50
AP	8815450	8	20045845	9.07	NA	SNP-3.36333194.	3	36340325	7.50
AP	8815450	8	20045845	9.07	NA	SNP-3.36333194.	3	36340325	7.50
AP	id2004251	2	8402594	8.68	NA	SNP-3.36333194.	3	36340325	7.50
AP	id2004251	2	8402594	8.68	NA	SNP-7.26952770.	7	26953765	5.88
AP	id2004251	2	8402594	8.68	NA	SNP-7.26952770.	7	26953765	5.88
AP	id2004251	2	8402594	8.68	NA	SNP-7.26952770.	7	26953765	5.88
AP	id2004251	2	8402594	8.68	NA	4476964	4	22793988	5.47
AP	id2004251	2	8402594	8.68	NA	4476964	4	22793988	5.47
AP	id9002966	9	10771980	8.61	NA	4476964	4	22793988	5.47
AP	id9002966	9	10771980	8.61	NA	4476964	4	22793988	5.47
AP	id9002966	9	10771980	8.61	NA	4476964	4	22793988	5.47
AP	SNP-1.2839979.	1	2840980	8.51	NA	4476964	4	22793988	5.47
AP	SNP-1.2839979.	1	2840980	8.51	NA	13006287	12	24819564	5.37
AP	SNP-1.2839979.	1	2840980	8.51	NA	13006287	12	24819564	5.37
AP	SNP-1.2839979.	1	2840980	8.51	NA	13006287	12	24819564	5.37
AP	SNP-1.2839979.	1	2840980	8.51	NA	13006287	12	24819564	5.37
AP	SNP-1.2839979.	1	2840980	8.51	NA	13006287	12	24819564	5.37
AP	SNP-10.20184542.	10	20256063	8.07	NA	11337326	11	14565502	5.11
AP	SNP-10.20184542.	10	20256063	8.07	NA	11337326	11	14565502	5.11
AP	SNP-10.20184542.	10	20256063	8.07	NA	11337326	11	14565502	5.11
AP	441578	1	13839556	7.87	NA	5615443	5	22710279	5.06
AP	441578	1	13839556	7.87	NA	5615443	5	22710279	5.06
AP	441578	1	13839556	7.87	NA	5615443	5	22710279	5.06
AP	441578	1	13839556	7.87	NA	5615443	5	22710279	5.06
AP	441578	1	13839556	7.87	NA	3323682	3	27066394	5.05
AP	4683917	4	30843348	7.84	NA	SNP-7_26972908	7	26973903	4.96

AP	4683917	4	30843348	7.84	NA	SNP-7_26972908	7	26973903	4.96
AP	c2p17996374	2	17996375	7.57	NA	SNP-7_26972908	7	26973903	4.96
AP	c2p17996374	2	17996375	7.57	NA	9334403	9	6781421	4.92
AP	9459070	9	9628298	7.45	NA	7947435	7	28303039	4.79
AP	9459070	9	9628298	7.45	NA	7947435	7	28303039	4.79
AP	9459070	9	9628298	7.45	NA	7947435	7	28303039	4.79
AP	9459070	9	9628298	7.45	NA	7947435	7	28303039	4.79
AP	9459070	9	9628298	7.45	NA	7947435	7	28303039	4.79
AP	id4001876	4	4457154	7.35	NA	8696593	8	17516403	4.66
AP	id4001876	4	4457154	7.35	NA	8696593	8	17516403	4.66
AP	id4001876	4	4457154	7.35	NA	8696593	8	17516403	4.66
AP	SNP-1.35192029.	1	35193073	7.32	NA	8696593	8	17516403	4.66
AP	SNP-1.35192029.	1	35193073	7.32	NA	11097395	11	8439177	4.65
AP	SNP-1.35192029.	1	35193073	7.32	NA	11097395	11	8439177	4.65
AP	11097395	11	8439177	7.30	NA	11097395	11	8439177	4.65
AP	11097395	11	8439177	7.30	NA	11097395	11	8439177	4.65
AP	11097395	11	8439177	7.30	NA	11097395	11	8439177	4.65
AP	11097395	11	8439177	7.30	NA	12139549	12	4552754	4.61
AP	11097395	11	8439177	7.30	NA	12139549	12	4552754	4.61
AP	SNP-11.28230233.	11	28753455	7.29	NA	10604302	10	15844126	4.59
AP	SNP-11.28230233.	11	28753455	7.29	NA	8081078	8	3340298	4.55
AP	SNP-11.28230233.	11	28753455	7.29	NA	id2012493	2	28733338	4.50
AP	SNP-11.28230233.	11	28753455	7.29	NA	id2012493	2	28733338	4.50
AP	SNP-11.28230233.	11	28753455	7.29	NA	SNP-8.5340422.	8	5341420	4.45
AP	SNP-11.28230233.	11	28753455	7.29	NA	SNP-8.5340422.	8	5341420	4.45
AP	SNP-11.28230233.	11	28753455	7.29	NA	SNP-8.5340422.	8	5341420	4.45
AP	5757071	5	27946810	7.28	NA	11598756	11	20108668	4.41
AP	5757071	5	27946810	7.28	NA	11598756	11	20108668	4.41

AP	5757071	5	27946810	7.28	NA	11598756	11	20108668	4.41
AP	5757071	5	27946810	7.28	NA	11598756	11	20108668	4.41

Fonte: Elaborada pelo autor.

Tabela 12 - Genes localizados próximos aos SNPs significativos utilizando a estrutura da população.

Variável	SNP	Gene rap-db	Anotação rap-db
NP	id1014841	<i>None</i>	-
NP	id1014841	<i>Os01g0623500</i>	<i>ATPase</i>
NP	id1014841	<i>Os01g0623550</i>	<i>Hypothetical protein.</i>
NP	id1014841	<i>Os01g0623600</i>	<i>Glycoside hydrolase, family 28 protein.</i>
NP	id1015390	<i>None</i>	-
NP	id1015390	<i>Os01g0649000</i>	<i>WD40 repeat-like domain containing protein.</i>
NP	id1015390	<i>Os01g0649100</i>	<i>Mitochondrial malate dehydrogenase</i>
NP	SNP-10.19278971.	<i>Os10g0505900</i>	<i>Conserved hypothetical protein.</i>
NP	SNP-10.19278971.	<i>Os10g0506000</i>	<i>Pentatricopeptide repeat containing protein.</i>
NP	SNP-10.19278971.	<i>Os10g0506100</i>	<i>Heavy metal transport/detoxification protein domain containing protein.</i>
NP	SNP-10.19278971.	<i>Os10g0506200</i>	<i>Similar to Valyl-tRNA synthetase.</i>
NP	4295290.000	<i>None</i>	-
NP	4295290.000	<i>None</i>	-
NP	4295290.000	<i>None</i>	-
NP	SNP-1.6682797.	<i>None</i>	-
NP	5516978.000	<i>None</i>	-
NP	id1015467	<i>Os01g0653800</i>	<i>Similar to predicted protein.</i>
NP	SNP-7.26952770.	<i>None</i>	-
NP	SNP-7.26952770.	<i>Os07g0645900</i>	<i>Protein of unknown function DUF1677</i>
NP	SNP-7.26952770.	<i>Os07g0646000</i>	<i>Conserved hypothetical protein.</i>
NP	id4002562	<i>Os04g0194466</i>	<i>Transferase domain containing protein.</i>
NP	id4002562	<i>Os04g0194500</i>	<i>Similar to ABC transporter-like protein.</i>
NP	SNP-11.27201712.	<i>Os11g0684000</i>	<i>Myb transcription factor</i>
NP	SNP-1.6000006.	<i>Os01g0210000</i>	-
NP	SNP-1.6000006.	<i>None</i>	-
NP	SNP-1.6000006.	<i>Os01g0210200</i>	<i>Similar to Myb-like DNA-binding domain containing protein, expressed.</i>
NP	SNP-1.6000006.	<i>Os01g0210300</i>	<i>Conserved hypothetical protein.</i>

NP	SNP-1.6000006.	Os01g0210400	Ortholog of Arabidopsis TOD1
NP	SNP-1.6000006.	Os01g0210500	Similar to SOUL-like protein.
NP	SNP-1.6000006.	Os01g0210600	Protein of unknown function DUF538 family protein.
NP	8081078.000	Os08g0157500	Caffeic acid O-methyltransferase
NP	3857681.000	None	-
NP	3857681.000	None	-
NP	3857681.000	None	-
NP	3857681.000	Os04g0180300	Similar to OSIGBa0105N24.3 protein.
NP	3857681.000	Os04g0180400	Similar to Cytochrome P450 99A2.
NP	id2012493	Os02g0698800	WRKY transcription factor 66.
NP	id2012493	None	-
CPP	SNP-3.35821164.	Os03g0850800	Similar to transferase, transferring glycosyl groups.
CPP	SNP-3.35821164.	Os03g0850900	Similar to Chemocyanin precursor (Basic blue protein) (Plantacyanin).
CPP	SNP-3.35821164.	Os03g0851000	Similar to Transcription factor homolog BTF3-like protein.
CPP	SNP-3.35821164.	Os03g0851100	Similar to Translational elongation factor EF-TuM.
CPP	SNP-3.35821164.	Os03g0851200	Similar to CAXIP1 protein.
CPP	SNP-3.35821164.	Os03g0851300	26S proteasome 19S regulatory particle non-ATPase subunit 5
CPP	id7004596	None	-
CPP	id7004596	Os07g0645900	Protein of unknown function DUF1677
CPP	id7004596	Os07g0646000	Conserved hypothetical protein.
CPP	id4005623	Os04g0393900	Similar to H0718E12.2 protein.
CPP	id4005623	Os04g0394100	Similar to H0718E12.3 protein.
CPP	id4005623	Os04g0394200	Similar to 2-oxoglutarate dehydrogenase E2 subunit.
CPP	id4005623	Os04g0394300	Similar to H0718E12.5 protein.
CPP	SNP-11.27201712.	Os11g0684000	fator de transcrição Myb
CPP	id7005665	Os07g0668700	Lipase, class 3 family protein.
CPP	id7005665	Os07g0668800	BTB/POZ fold domain containing protein.
CPP	id7005665	Os07g0668900	Similar to Serine/threonine-protein kinase PBS1 (EC 2.7.1.37) (AvrPphB susceptible protein 1).

CPP	id7005665	Os07g0669000	<i>Similar to Catalytic subunit of polymerase zeta.</i>
CPP	SNP-3.36333194.	Os03g0860700	<i>Hypothetical conserved gene.</i>
CPP	SNP-3.36333194.	Os03g0860801	<i>Similar to Myosin head family protein, expressed.</i>
CPP	SNP-3.36333194.	Os03g0860900	<i>WD40 repeat-like domain containing protein.</i>
CPP	SNP-3.36333194.	Os03g0861000	<i>Conserved hypothetical protein.</i>
CPP	SNP-3.36333194.	Os03g0861100	<i>Conserved hypothetical protein.</i>
CPP	id12003172	None	-
CPP	id12003172	Os12g0242700	<i>Similar to 3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] reductase 1, chloroplast precursor (EC 1.1.1.100) (3-ketoacyl-acyl carrier protein reductase 1) (Beta- keto acyl-carrier protein reductase 1).</i>
CPP	id12003172	Os12g0242800	<i>TRAM</i>
CPP	id12003172	Os12g0242900	<i>DNA polymerase alpha, subunit B domain containing protein.</i>
CPP	SNP-3.13262836.	Os03g0352600	-
CPP	SNP-3.13262836.	Os03g0352700	<i>Hypothetical conserved gene.</i>
CPP	SNP-3.13262836.	Os03g0352800	<i>Similar to Acyl carrier protein 1 (EC 1.6.5.3) (EC 1.6.99.3).</i>
CPP	SNP-3.13262836.	Os03g0353000	<i>Conserved hypothetical protein.</i>
CPP	SNP-3.13262836.	None	-
CPP	SNP-3.13262836.	None	-
CPP	SNP-3.13262836.	Os03g0353300	<i>Similar to F-box domain containing protein, expressed.</i>
CPP	12703353	None	-
CPP	12703353	Os12g0472800	<i>B repeat unit of collagen binding surface protein (cna) containing protein.</i>
CPP	12660593	None	-
CPP	12660593	Os12g0457200	<i>Hypothetical conserved gene.</i>
CPP	12660593	None	-
CPP	12660593	Os12g0457500	<i>Conserved hypothetical protein.</i>
CPP	12660593	None	-
CPP	5372002	None	-
CPP	5372002	Os05g0330600	<i>Similar to Prolamin.</i>
CPP	5372002	Os05g0330700	<i>Hypothetical gene.</i>
CPP	5372002	None	-

PPP	5776642	None	-
PPP	5776642	None	-
PPP	5776642	None	-
PPP	5776642	None	-
PPP	5776642	Os05g0576300	<i>Zinc finger</i>
PPP	5776642	Os05g0576500	<i>Hypothetical conserved gene.</i>
PPP	id5014124	Os05g0569300	<i>Similar to G-box binding factor 1.</i>
PPP	id5014124	Os05g0569400	<i>Similar to apospory-associated protein C.</i>
PPP	id5014124	Os05g0569500	<i>Similar to Embryo-specific protein.</i>
PPP	id5014124	Os05g0569600	-
PPP	id5014124	Os05g0569700	<i>Similar to Glutamine amidotransferase, class I, active site.</i>
PPP	9852552	Os09g0541900	<i>26S proteasome regulatory particle non-ATPase 3 (Rpn3)</i>
PPP	9852552	Os09g0542000	<i>Similar to Ribonuclease P.</i>
PPP	9852552	Os09g0542100	<i>Peptidase A1 domain containing protein.</i>
PPP	9852552	Os09g0542200	<i>Thioredoxin-like fold domain containing protein.</i>
PPP	2437583	Os02g0800000	<i>PRLI-interacting factor L (Fragment).</i>
PPP	2437583	Os02g0800100	<i>Proteasome maturation factor UMP1 family protein.</i>
PPP	2437583	Os02g0800300	<i>Conserved hypothetical protein.</i>
PPP	2437583	Os02g0800300	<i>Conserved hypothetical protein.</i>
GCPP	SNP-12.16535450.	None	-
GCPP	SNP-12.16535450.	None	-
GCPP	SNP-12.16535450.	Os12g0466601	-
GCPP	rd8002538	Os08g0545900	<i>Multi antimicrobial extrusion protein MatE family protein.</i>
GCPP	rd8002538	None	-
GCPP	rd8002538	Os08g0546100	<i>Bcl-2-associated athanogene (BAG) protein</i>
GCPP	SNP-11.15941391.	Os11g0474583	-
GCPP	SNP-11.15941391.	Os11g0474600	-
GCPP	wd4001738	Os04g0285000	-

GCPP	wd4001738	Os04g0285401	-
GCPP	wd4001738	None	-
GCPP	wd4001738	None	-
GCPP	id5014124	Os05g0569300	<i>Similar to G-box binding factor 1.</i>
GCPP	id5014124	Os05g0569400	<i>Similar to apospory-associated protein C.</i>
GCPP	id5014124	Os05g0569500	<i>Similar to Embryo-specific protein.</i>
GCPP	id5014124	Os05g0569600	-
GCPP	id5014124	Os05g0569700	<i>Similar to Glutamine amidotransferase, class I, active site.</i>
GCPP	1926538	Os02g0498700	<i>Similar to QUA1 (QUASIMODO 1); polygalacturonate 4-alpha-galacturonosyltransferase/transferase, transferring glycosyl groups / transferase, transferring hexosyl groups.</i>
GCPP	1926538	None	-
GCPP	SNP-1.39143403.	Os01g0899500	<i>Hypothetical conserved gene.</i>
GCPP	SNP-1.39143403.	None	-
GCPP	SNP-1.39143403.	Os01g0899700	<i>Extensin</i>
GCPP	SNP-1.39143403.	None	-
GCPP	SNP-1.39143403.	Os01g0899800	<i>Pathogenesis-related transcriptional factor and ERF domain containing protein.</i>
GCPP	id5003312	Os05g0206500	-
GCPP	id5003312	Os05g0206600	<i>Non-protein coding transcript.</i>
GCPP	id5003312	Os05g0207000	-
GCPP	2437583	Os02g0800000	<i>PRLI-interacting factor L (Fragment).</i>
GCPP	2437583	Os02g0800100	<i>Proteasome maturation factor UMP1 family protein.</i>
GCPP	2437583	Os02g0800300	<i>Conserved hypothetical protein.</i>
GCPP	2437583	Os02g0800300	<i>Conserved hypothetical protein.</i>
GCPP	SNP-11.21596684.	Os11g0583366	-
GCPP	SNP-11.21596684.	None	-
GCPP	SNP-11.21596684.	None	-
GCPP	SNP-11.21596684.	Os11g0584100	<i>Cyclin-like F-box domain containing protein.</i>
GCPP	11894392	Os11g0660400	<i>Hypothetical protein.</i>
GCPP	11894392	Os11g0660500	<i>Translationally controlled tumor protein</i>

GCPP	11894392	Os11g0660600	-
GCPP	11894392	Os11g0660700	<i>Conserved hypothetical protein.</i>
GCPP	11894392	None	-
GCPP	11894392	Os11g0661000	<i>Pentatricopeptide repeat domain containing protein.</i>
GVPP	id7000978	Os07g0208801	<i>Similar to predicted protein.</i>
GVPP	id7000978	Os07g0208900	<i>Similar to transporter-related.</i>
GVPP	id7000978	Os07g0209000	<i>Dolichyl-diphosphooligosaccharide-protein glycosyltransferase 48 kDa subunit precursor</i>
GVPP	id7000978	Os07g0209100	<i>Similar to Seed imbibition protein (Fragment).</i>
GVPP	SNP-10.3814952.	None	-
GVPP	11734873	Os11g0599000	<i>Domain of unknown function DUF629 domain containing protein.</i>
GVPP	11734873	Os11g0599101	<i>Domain of unknown function DUF629 domain containing protein.</i>
GVPP	id5014124	Os05g0569300	<i>Similar to G-box binding factor 1.</i>
GVPP	id5014124	Os05g0569400	<i>Similar to apospory-associated protein C.</i>
GVPP	id5014124	Os05g0569500	<i>Similar to Embryo-specific protein.</i>
GVPP	id5014124	Os05g0569600	-
GVPP	id5014124	Os05g0569700	<i>Similar to Glutamine amidotransferase, class I, active site.</i>
GVPP	9311693	None	-
GVPP	9311693	None	-
GVPP	9311693	None	-
GVPP	9311693	Os09g0286300	<i>Hypothetical conserved gene.</i>
GVPP	9215962	None	-
PGPP	wd4001738	Os04g0285000	-
PGPP	wd4001738	Os04g0285401	-
PGPP	wd4001738	None	-
PGPP	wd4001738	None	-
PGPP	id5014124	Os05g0569300	<i>Similar to G-box binding factor 1.</i>
PGPP	id5014124	Os05g0569400	<i>Similar to apospory-associated protein C.</i>
PGPP	id5014124	Os05g0569500	<i>Similar to Embryo-specific protein.</i>

PGPP	id5014124	Os05g0569600	-
PGPP	id5014124	Os05g0569700	<i>Similar to Glutamine amidotransferase, class I, active site.</i>
PGPP	id3004358	Os03g0255200	<i>Heat shock protein DnaJ</i>
PGPP	id3004358	Os03g0255400	<i>FAR1 domain containing protein.</i>
PGPP	id3004358	Os03g0255500	<i>Similar to Phosphoenolpyruvate carboxykinase 4 (EC 4.1.1.49) (Fragment).</i>
PGPP	id3004358	None	-
PGPP	9852552	Os09g0541900	<i>26S proteasome regulatory particle non-ATPase 3 (Rpn3)</i>
PGPP	9852552	Os09g0542000	<i>Similar to Ribonuclease P.</i>
PGPP	9852552	Os09g0542100	<i>Peptidase A1 domain containing protein.</i>
PGPP	9852552	Os09g0542200	<i>Thioredoxin-like fold domain containing protein.</i>
PGPP	SNP-12.16535450.	None	-
PGPP	SNP-12.16535450.	None	-
PGPP	SNP-12.16535450.	Os12g0466601	-
PCG	8848108	Os08g0432300	<i>TCP transcriptional activator</i>
PCG	8848108	Os08g0432500	<i>Ribosomal protein L7/L12</i>
PCG	8848108	None	-
PCG	SNP-11.16889230.	Os11g0490900	<i>WRKY transcription factor 72</i>
PCG	SNP-11.16889230.	None	-
PCG	SNP-11.16889230.	None	-
PCG	SNP-1.23711708.	None	-
PCG	SNP-1.23711708.	None	-
PCG	SNP-11.22701656.	Os11g0490900	<i>WRKY transcription factor 72</i>
PCG	SNP-11.22701656.	None	-
PCG	SNP-11.22701656.	None	-
PCG	1465151	Os02g0172600	<i>Heavy metal P-Type ATPase 6</i>
PCG	1465151	None	-
PCG	1465151	Os02g0172800	<i>Similar to Zinc-binding protein.</i>
PCG	id8006511	Os08g0460600	<i>Cytokinin oxidase/dehydrogenase</i>

PCG	id8006511	Os08g0460800	<i>Hypothetical conserved gene.</i>
PCG	rd8002538	Os08g0545900	<i>Multi antimicrobial extrusion protein MatE family protein.</i>
PCG	rd8002538	None	-
PCG	rd8002538	Os08g0546100	<i>Bcl-2-associated athanogene (BAG) protein</i>
PCG	7643802	Os07g0495900	<i>Similar to low-level beta-amylase 1.</i>
PCG	7643802	None	-
PCG	7643802	None	-
PCG	7643802	Os07g0496000	<i>Similar to Nt-rab6 protein.</i>
PCG	12732307	Os12g0479400	<i>Auxin response factor 24</i>
PCG	12565979	None	-
PCG	12565979	None	-
PCG	2786361	None	-
PCG	2786361	Os03g0340100	<i>Similar to Zinc finger</i>
PCG	2786361	None	-
PCG	2786361	None	-
PCG	SNP-11.15941391.	Os11g0474583	-
PCG	SNP-11.15941391.	Os11g0474600	-
PCG	SNP-11.17609061.	None	-
PCG	SNP-11.17609061.	Os11g0506800	<i>Bcl-2-associated athanogene (BAG) protein</i>
PCG	SNP-11.17609061.	Os11g0506901	-
PCG	SNP-1.18539601.	Os01g0520500	<i>Conserved hypothetical protein.</i>
PCG	SNP-1.18539601.	Os01g0520600	<i>NB-ARC domain containing protein.</i>
PCG	SNP-1.18539601.	None	-
PCG	2509250	Os03g0122600	<i>MIKC-type MADS-box protein</i>
PCG	SNP-8.26090329.	Os08g0524400	<i>Protein of unknown function DUF568</i>
PCG	SNP-8.26090329.	Os08g0524600	<i>Similar to 60S ribosomal protein L32.</i>
PCG	SNP-8.26090329.	None	-
PCG	SNP-8.26090329.	Os08g0524800	<i>Similar to TA1 protein (Fragment).</i>

PP	2437583	Os02g0800000	<i>PRLI-interacting factor L (Fragment).</i>
PP	2437583	Os02g0800100	<i>Proteasome maturation factor UMP1 family protein.</i>
PP	2437583	Os02g0800300	<i>Conserved hypothetical protein.</i>
PP	2437583	Os02g0800300	<i>Conserved hypothetical protein.</i>
PP	id1014841	None	-
PP	id1014841	Os01g0623500	<i>ATPase</i>
PP	id1014841	Os01g0623550	<i>Hypothetical protein.</i>
PP	id1014841	Os01g0623600	<i>Glycoside hydrolase, family 28 protein.</i>
PP	13069784	None	-
PP	13069784	Os12g0631100	<i>Small GTPase</i>
PP	13069784	Os12g0631200	<i>Zinc finger</i>
PP	13069784	None	-
PP	12951919	Os12g0565100	<i>NB-ARC domain containing protein.</i>
PP	12951919	Os12g0565200	<i>Conserved hypothetical protein.</i>
PP	12951919	Os12g0565300	<i>Similar to Calmodulin-binding protein MPCBP.</i>
PP	5776642	None	-
PP	5776642	None	-
PP	5776642	None	-
PP	5776642	None	-
PP	5776642	Os05g0576300	<i>Zinc finger</i>
PP	5776642	Os05g0576500	<i>Hypothetical conserved gene.</i>
PP	SNP-10.3550576.	None	-
PP	SNP-10.3550576.	None	-
AP	4238950	Os04g0341100	<i>Similar to OSIGBa0159H11-OSIGBa0137A07.5 protein.</i>
AP	4238950	None	-
AP	3538410	Os03g0839300	<i>Conserved hypothetical protein.</i>
AP	3538410	Os03g0839400	<i>Conserved hypothetical protein.</i>
AP	3538410	None	-

AP	3538410	Os03g0839700	<i>Hypothetical conserved gene.</i>
AP	8815450	Os08g0419100	<i>Conserved hypothetical protein.</i>
AP	8815450	Os08g0419200	<i>Non-protein coding transcript.</i>
AP	8815450	Os08g0419300	-
AP	id2004251	None	-
AP	id2004251	Os02g0248440	<i>Zinc finger</i>
AP	id2004251	Os02g0248800	<i>Similar to Glutelin type-B 2 precursor.</i>
AP	id2004251	Os02g0248900	-
AP	id2004251	Os02g0249000	<i>Glutelin</i>
AP	id2004251	None	-
AP	id9002966	Os09g0344800	<i>Protein of unknown function DUF81 family protein.</i>
AP	id9002966	Os09g0344900	<i>Zinc finger</i>
AP	id9002966	Os09g0345000	<i>Similar to dendritic cell-derived ubiquitin-like protein.</i>
AP	SNP-1.2839979.	Os01g0152300	<i>Similar to Histone H2B.1.</i>
AP	SNP-1.2839979.	Os01g0152600	<i>Protein kinase, catalytic domain domain containing protein.</i>
AP	SNP-1.2839979.	Os01g0152687	<i>Serine-threonine/tyrosine-protein kinase domain containing protein.</i>
AP	SNP-1.2839979.	Os01g0152800	<i>Protein kinase, core domain containing protein.</i>
AP	SNP-1.2839979.	Os01g0152900	<i>Similar to Histone H2B.1.</i>
AP	SNP-1.2839979.	Os01g0153100	<i>Similar to Histone H2B-3 (Fragment).</i>
AP	SNP-10.20184542.	Os10g0522400	<i>Cyclin-like F-box domain containing protein.</i>
AP	SNP-10.20184542.	Os10g0522500	<i>Protein COFACTOR ASSEMBLY OF COMPLEX C SUBUNIT B CCB2, chloroplastic</i>
AP	SNP-10.20184542.	Os10g0522601	<i>Armadillo-like helical domain containing protein.</i>
AP	441578	None	-
AP	441578	None	-
AP	441578	Os01g0347500	<i>Similar to Papain-like cysteine proteinase (Fragment).</i>
AP	441578	Os01g0347600	<i>Ervatamin B (EC 3.4.22.-) (ERV-B).</i>
AP	441578	None	-
AP	4683917	Os04g0609100	<i>Similar to H0702G05.5 protein.</i>

AP	4683917	Os04g0609200	Major facilitator superfamily protein.
AP	c2p17996374	None	-
AP	c2p17996374	Os02g0506100	Conserved hypothetical protein.
AP	9459070	None	-
AP	9459070	Os09g0326800	26S proteasome 19S regulatory particle non-ATPase subunit 1a
AP	9459070	Os09g0326850	Yos1-like domain containing protein.
AP	9459070	Os09g0326900	Similar to Eukaryotic translation initiation factor 5 (eIF-5).
AP	9459070	Os09g0326900	Similar to Eukaryotic translation initiation factor 5 (eIF-5).
AP	id4001876	Os04g0165600	Peptidase S26A, signal peptidase I family protein.
AP	id4001876	Os04g0165700	Cysteine synthase (EC 2.5.1.47).
AP	id4001876	None	-
AP	SNP-1.35192029.	Os01g0823900	U-box E3ubiquitin ligase
AP	SNP-1.35192029.	Os01g0823951	Conserved hypothetical protein.
AP	SNP-1.35192029.	Os01g0824000	Conserved hypothetical protein.
AP	11097395	None	-
AP	11097395	Os11g0256100	Pentatricopeptide repeat domain containing protein.
AP	11097395	Os11g0256200	Protein of unknown function DUF842, eukaryotic family protein.
AP	11097395	Os11g0256300	Zinc finger
AP	11097395	Os11g0256400	Zinc finger
AP	SNP-11.28230233.	Os11g0701600	Glycoside hydrolase, family 18, catalytic domain domain containing protein.
AP	SNP-11.28230233.	Os11g0701700	Hypothetical gene.
AP	SNP-11.28230233.	Os11g0701800	Xylanase inhibitor
AP	SNP-11.28230233.	Os11g0701900	Glycoside hydrolase, family 18 protein.
AP	SNP-11.28230233.	Os11g0702100	Similar to Class III chitinase homologue (OsChib3H-h) (Fragment).
AP	SNP-11.28230233.	Os11g0702200	Glycoside hydrolase, family 18 protein.
AP	SNP-11.28230233.	Os11g0702300	Zinc finger
AP	5757071	Os05g0561500	Similar to CMP-KDO synthetase (EC 2.7.7.38) (Fragment).
AP	5757071	Os05g0561600	Protein of unknown function DUF1421 domain containing protein.

AP	5757071	Os05g0561800	<i>Hypothetical conserved gene.</i>
AP	5757071	Os05g0561900	<i>Conserved hypothetical protein.</i>
AP	11337326	None	-
AP	11337326	None	-
AP	11337326	Os11g0442500	<i>Similar to BHLH transcription factor.</i>
AP	id1003050	Os01g0171600	-
AP	id1003050	Os01g0171701	-
AP	id1003050	Os01g0171800	<i>Conserved hypothetical protein.</i>
AP	id1003050	Os01g0171900	-
AP	id1003050	Os01g0172000	<i>Glycosyltransferase</i> <i>Similar to Triose phosphate/phosphate translocator, non-green plastid, chloroplast precursor (CTPT).</i>
AP	id1003050	Os01g0172100	
AP	1921360	None	-
AP	1921360	Os02g0495400	<i>Armadillo-like helical domain containing protein.</i>
AP	1921360	None	-
AP	1921360	Os02g0495900	<i>Similar to predicted protein.</i>
AP	1921360	None	-
AP	20215	Os01g0113200	<i>Similar to Receptor serine/threonine kinase.</i>
AP	20215	Os01g0113300	<i>Similar to ARK protein (Fragment).</i>
AP	20215	Os01g0113350	<i>Membrane-associated kinase-1</i>
AP	20215	Os01g0113400	<i>Similar to Receptor-like kinase.</i>
AP	20215	Os01g0113600	<i>Hypothetical protein.</i>
AP	10678891	Os10g0479600	<i>Protein Transporter</i>
AP	10678891	Os10g0479700	<i>Protein of unknown function DUF250 domain containing protein.</i>
AP	5615443	None	-
AP	5615443	Os05g0462301	<i>Similar to predicted protein.</i>
AP	5615443	Os05g0462400	<i>Lipin</i>
AP	5615443	Os05g0462500	<i>Transmembrane receptor, eukaryota domain containing protein.</i>
AP	id10000969	Os10g0155300	<i>Cyclin-like F-box domain containing protein.</i>

AP	id10000969	Os10g0155400	<i>Similar to Amidase family protein, expressed.</i>
AP	id10000969	Os10g0155500	<i>Similar to Aldose 1-epimerase-like protein.</i>
AP	id10000969	None	-
AP	SNP-6_28653037	Os06g0687000	<i>Domain of unknown function DUF292, eukaryotic domain containing protein.</i>
AP	SNP-6_28653037	Os06g0687100	<i>Similar to predicted protein.</i>
AP	SNP-6_28653037	Os06g0687200	<i>Putative RING E3 ubiquitin (Ub) ligase</i>
AP	SNP-6_28653037	Os06g0687300	-
AP	SNP-6_28653037	Os06g0687400	<i>Similar to auxin-independent growth promoter-like protein.</i>
AP	SNP-6_28653037	Os06g0687450	<i>Similar to dehydration-responsive protein-related.</i>
AP	5948926	None	-
AP	5948926	Os06g0190500	<i>Similar to Glutamate receptor.</i>
AP	5948926	Os06g0190550	<i>Conserved hypothetical protein.</i>
AP	5948926	Os06g0190600	-
AP	3323682	Os03g0680800	<i>Similar to cDNA clone:J023038C04, full insert sequence.</i>
AP	2759587	Os03g0319100	<i>Similar to SNF1-related protein kinase regulatory subunit beta-1.</i>
AP	2759587	Os03g0319200	<i>Hypothetical conserved gene.</i>
AP	2759587	Os03g0319300	<i>Calmodulin</i>
AP	2759587	Os03g0319400	<i>Serine/threonine protein kinase</i>
AP	402939	Os01g0332800	<i>Similar to Serine carboxypeptidase II-like protein.</i>
AP	402939	Os01g0332900	<i>Similar to immediate-early protein RSP40.</i>
AP	402939	None	-
AP	1412828	Os02g0137450	<i>Conserved hypothetical protein.</i>
AP	1412828	Os02g0137500	<i>Similar to histone acetyltransferase.</i>
AP	1412828	Os02g0137600	<i>Bacterial methyltransferase family protein.</i>
AP	1412828	Os02g0137700	<i>NAD(P)-binding domain containing protein.</i>
AP	id5013231	None	-
AP	id5013231	Os05g0549500	<i>Conserved hypothetical protein.</i>
AP	id5013231	Os05g0549600	<i>Similar to cDNA clone:J013113G18, full insert sequence.</i>

AP	id5013231	Os05g0549700	<i>Similar to Threonine synthase, chloroplast precursor (EC 4.2.3.1) (TS).</i>
AP	id3003638	Os03g0219100	<i>Cellular retinaldehyde-binding/triple function</i>
AP	id3003638	Os03g0219200	<i>CuZn superoxide dismutase</i>
AP	id3003638	Os03g0219300	<i>Similar to Tubulin alpha-2 chain (Alpha-2 tubulin).</i>
AP	id3003638	Os03g0219400	<i>Glycoside hydrolase, family 20 protein.</i>
AP	id3003638	Os03g0219500	<i>Similar to Uv-induced protein uvi31.</i>
AP	id3003638	Os03g0219700	<i>DEAD-like helicase</i>
AP	SNP-8.5340422.	Os08g0191100	<i>Aconitase</i>
AP	SNP-8.5340422.	Os08g0191200	<i>Phosphoribosylamine-glycine ligase (PurD)</i>
AP	SNP-8.5340422.	Os08g0191300	<i>Conserved hypothetical protein.</i>
AP	SNP-9.1156455.	None	-
AP	SNP-9.1156455.	Os09g0114500	<i>Kinesin-4 protein with transcription regulation activity</i>
AP	10987941	Os11g0210100	<i>Similar to Class III peroxidase 133.</i>
AP	10987941	Os11g0210201	<i>Conserved hypothetical protein.</i>
AP	10987941	Os11g0210300	<i>Alcohol dehydrogenase 1.</i>
AP	S6_1362133	Os06g0125132	<i>Conserved hypothetical protein.</i>
AP	S6_1362133	Os06g0125200	<i>FCS-like zinc finger (FLZ) protein 18</i>
AP	S6_1362133	Os06g0125300	<i>Pentatricopeptide repeat domain containing protein.</i>
AP	S6_1362133	Os06g0125400	<i>Similar to Oligopeptide transporter 9.</i>
AP	S6_1362133	None	-
AP	S6_1362133	Os06g0125500	<i>Glutathione transporter</i>
AP	4672837	None	-
AP	4672837	Os04g0601400	<i>EF-HAND 2 domain containing protein.</i>
AP	4672837	Os04g0601500	<i>Similar to B0403H10-OSIGBa0105A11.11 protein.</i>
AP	4672837	Os04g0601600	-
AP	id1017334	Os01g0706400	<i>Protein of unknown function DUF292, eukaryotic domain containing protein.</i>
AP	id1017334	Os01g0706500	<i>Ribosomal protein L28e domain containing protein.</i>
AP	id1017334	Os01g0706600	<i>Conserved hypothetical protein.</i>

AP	id1017334	Os01g0706700	<i>Protein of unknown function DUF590 family protein.</i>
AP	id1017334	Os01g0706800	<i>Similar to agglutinin.</i>
AP	id6017023	Os06g0731700	<i>Similar to predicted protein.</i>
AP	id6017023	Os06g0731800	<i>Clathrin light chain family protein.</i>
AP	id6017023	Os06g0731900	<i>Protein of unknown function DUF707 family protein.</i>
AP	id6017023	Os06g0731950	<i>Conserved hypothetical protein.</i>
AP	6428379	None	-
AP	6428379	None	-
AP	6428379	Os06g0485100	<i>Similar to Homeobox-like resistance.</i>
AP	6428379	None	-
AP	153572	Os01g0190400	<i>Hexokinase 8</i>
AP	153572	Os01g0190500	<i>Homolog of GW5</i>
AP	153572	None	-
AP	153572	None	-
AP	6647702	None	-
AP	6647702	None	-
AP	6647702	None	-
AP	6647702	Os06g0563300	<i>Similar to Serine/threonine protein phosphatase 2A 55 kDa regulatory subunit Bbeta isoform.</i> <i>Similar to Katanin p60 ATPase-containing subunit A1 (EC 3.6.4.3) (Katanin p60 subunit A1) (p60 katanin). Splice isoform 2.</i>
AP	SNP-1.31817959.	Os01g0757400	
AP	SNP-1.31817959.	Os01g0757500	<i>Heat shock protein</i>
AP	SNP-1.31817959.	Os01g0757600	<i>Similar to Myosin heavy chain-like protein (Fragment).</i>
AP	SNP-1.31817959.	Os01g0757700	<i>Similar to EMB1417.</i>
AP	SNP-10.18716174.	Os10g0494300	<i>ATP binding cassette G transporter</i>
AP	SNP-10.18716174.	Os10g0494500	<i>Zinc finger</i>
AP	2204731	Os02g0632500	<i>Arf GTPase activating protein family protein.</i>
AP	2204731	Os02g0632800	<i>Wall-associated kinase</i>
AP	id3001768	None	-
AP	id3001768	Os03g0161400	<i>Similar to IQ calmodulin-binding motif family protein, expressed.</i>

AP	id3001768	Os03g0161500	<i>EGF domain containing protein.</i>
AP	id3001768	None	-
AP	SNP-2.24274210.	Os02g0614500	<i>Protein of unknown function DUF250 domain containing protein.</i>
AP	SNP-2.24274210.	Os02g0614600	<i>Protein of unknown function DUF869, plant family protein.</i>
AP	SNP-2.24274210.	Os02g0614700	<i>B30.2/SPRY domain domain containing protein.</i>
AP	SNP-2.24274210.	Os02g0614800	<i>Hypothetical protein.</i>
AP	SNP-2.24274210.	Os02g0614800	<i>Hypothetical protein.</i>
AP	id3011085	Os03g0661500	<i>Conserved hypothetical protein.</i>
AP	id3011085	Os03g0661600	<i>Similar to Alpha-amylase/trypsin inhibitor (Antifungal protein).</i>
AP	3270035	None	-
AP	3270035	Os03g0653900	<i>Hypothetical conserved gene.</i>
AP	SNP-4.31394197.	None	-
AP	SNP-4.31394197.	None	-
AP	SNP-4.31394197.	Os04g0621500	<i>Disease resistance protein domain containing protein.</i>
AP	SNP-4.31394197.	None	-
AP	id10003623	Os10g0404300	<i>Basic helix-loop-helix (bHLH) transcriptional factor</i>
AP	id10003623	Os10g0404500	<i>Similar to Sucrose transporter.</i>
AP	id10003623	Os10g0404533	<i>Similar to Sucrose transport protein SUT3.</i>
AP	id10003623	Os10g0404566	<i>Similar to Sucrose transporter.</i>
AP	id10003623	Os10g0404600	-
AP	id10003623	None	-
AP	id4003693	Os04g0280200	<i>Hypothetical conserved gene.</i>
AP	id4003693	Os04g0280300	<i>Conserved hypothetical protein.</i>
AP	9096255	None	-
AP	9096255	None	-
AP	9096255	Os09g0109500	<i>UNC-50 family protein.</i>
AP	9096255	Os09g0109600	<i>Small peptide</i>
AP	9096255	None	-

AP	id11011505	Os11g0702100	<i>Similar to Class III chitinase homologue (OsChib3H-h) (Fragment).</i>
AP	id11011505	Os11g0702200	<i>Glycoside hydrolase, family 18 protein.</i>
AP	id11011505	Os11g0702300	<i>Zinc finger</i>
AP	id11011505	Os11g0702400	<i>Zinc finger</i>
AP	id11011505	Os11g0702600	<i>Hypothetical conserved gene.</i>
AP	id11011505	Os11g0702700	<i>Homeodomain-like containing protein.</i>
AP	867116	Os01g0637300	<i>Conserved hypothetical protein.</i>
AP	867116	None	-
AP	867116	Os01g0637500	<i>Similar to polygalacturonase.</i>
AP	867116	Os01g0637600	<i>Peptide deformylase 1B</i>
AP	8822667	Os08g0421900	<i>Homolog of Arabidopsis EBS (EARLY BOLTING IN SHORT DAYS)</i>
AP	8822667	Os08g0422000	<i>Similar to CM0545.530.nc protein (Fragment).</i>
AP	8822667	Os08g0422200	<i>Cation efflux protein family protein.</i>
AP	8822667	Os08g0422300	<i>Conserved hypothetical protein.</i>
AP	3173191	Os03g0604200	<i>Similar to UDP-glucose dehydrogenase.</i>
AP	3173191	Os03g0604500	<i>Hypothetical gene.</i>
AP	3173191	Os03g0604566	<i>Conserved hypothetical protein.</i>
AP	SNP-11.7982850.	Os11g0247600	-
AP	SNP-11.7982850.	Os11g0247700	-
AP	SNP-11.7982850.	Os11g0247800	<i>Non-protein coding transcript.</i>
AP	SNP-11.7982850.	Os11g0247900	<i>Non-protein coding transcript.</i>
AP	5604007	None	-
AP	5604007	Os05g0454200	<i>Guanine nucleotide exchange factors for Rop</i>
AP	5604007	Os05g0454300	-
AP	5604007	Os05g0454400	<i>Conserved hypothetical protein.</i>
AP	5604007	Os05g0454451	-
AP	5604007	Os05g0454500	<i>Conserved hypothetical protein.</i>
AP	8081078	Os08g0157500	<i>Caffeic acid O-methyltransferase</i>

AP	188269	Os01g0209800	<i>Similar to Cationic amino acid transporter (Fragment).</i>
AP	188269	Os01g0210000	-
AP	4711121	Os04g0623300	<i>Polyamine oxidase</i>
AP	4711121	Os04g0623300	<i>Polyamine oxidase</i>
AP	4711121	Os04g0623400	<i>Exonuclease domain containing protein.</i>
AP	8873873	Os08g0446301	<i>Similar to Isoform INRPK1c of Receptor-like protein kinase.</i>
AP	8873873	Os08g0446400	<i>Leucine-rich repeat</i>
AP	8873873	None	-
AP	8873873	None	-
AP	4453542	-	-
AP	684468	Os01g0548000	<i>Conserved hypothetical protein.</i>
AP	684468	None	-
AP	684468	Os01g0548000	<i>Conserved hypothetical protein.</i>
AP	684468	None	-
AP	684468	None	-
AP	11598756	Os11g0545600	<i>Reader protein of trimethylated histone H3 lysine 4 (H3K4me3) and histone H3 lysine 36 (H3K36me3)</i>
AP	11598756	Os11g0545600	<i>Reader protein of trimethylated histone H3 lysine 4 (H3K4me3) and histone H3 lysine 36 (H3K36me3)</i>
AP	11598756	Os11g0545650	<i>Conserved hypothetical protein.</i>
AP	11598756	Os11g0545700	<i>Centromere/kinetochore protein zw10 homolog</i>
AP	5786110	None	-
AP	5786110	Os05g0584900	<i>Conserved hypothetical protein.</i>
AP	SNP-3.13262836.	Os03g0352600	-
AP	SNP-3.13262836.	Os03g0352700	<i>Hypothetical conserved gene.</i>
AP	SNP-3.13262836.	Os03g0352800	<i>Similar to Acyl carrier protein 1 (EC 1.6.5.3) (EC 1.6.99.3).</i>
AP	SNP-3.13262836.	Os03g0353000	<i>Conserved hypothetical protein.</i>
AP	SNP-3.13262836.	None	-
AP	SNP-3.13262836.	None	-
AP	SNP-3.13262836.	Os03g0353300	<i>Similar to F-box domain containing protein, expressed.</i>

AP	5965570	Os06g0202300	Conserved hypothetical protein.
AP	5965570	Os06g0202700	Conserved hypothetical protein.
AP	6889734	Os06g0687700	Similar to T-complex protein 1, eta subunit (TCP-1-eta) (CCT-eta) (HIV-1 Nef interacting protein).
AP	6889734	Os06g0687800	Similar to Pincher (EH-domain containing 4).
AP	6889734	Os06g0687900	Similar to UDP-glucuronyltransferase-I.
AP	6889734	Os06g0688100	Hypothetical conserved gene.
AP	2506194	Os03g0120900	Similar to AP2 domain containing protein RAP2.8 (Fragment).
AP	1152251	None	-
AP	1152251	None	-
AP	1152251	Os01g0826651	-
AP	1152251	Os01g0826800	Conserved hypothetical protein.
AP	9334403	None	-
AP	SNP-12.20165789.	None	-
AP	SNP-12.20165789.	None	-
AP	SNP-12.20165789.	Os12g0519501	-
AP	SNP-12.20165789.	None	-
AP	SNP-12.20165789.	None	-
AP	id2012493	Os02g0698800	WRKY transcription factor 66.
AP	id2012493	None	-
AP	id3004633	Os03g0266000	Ovarian tumour, otubain domain containing protein.
AP	id3004633	Os03g0266100	Zinc finger
AP	id3004633	Os03g0266200	Similar to Enolase (EC 4.2.1.11) (Fragment).
AP	id3004633	Os03g0266300	17.9 kDa class I small heat shock protein
AP	id3004633	None	-
AP	id3004633	Os03g0266500	-
AP	id1000955	Os01g0118300	Phosphatidylserine synthase
AP	13006287	Os12g0592200	Hypothetical conserved gene.
AP	13006287	Os12g0592300	Transcriptional factor B3 domain containing protein.

AP	13006287	Os12g0592400	<i>Similar to Adenine phosphoribosyltransferase 1.</i>
AP	13006287	Os12g0592500	<i>Cyclin-like F-box domain containing protein.</i>
AP	13006287	None	-
AP	4187124	Os04g0312966	-
AP	4187124	None	-
AP	4187124	None	-
AP	8696593	Os08g0373900	<i>Hypothetical conserved gene.</i>
AP	8696593	Os08g0374000	<i>Bet v I allergen family protein.</i>
AP	8696593	Os08g0374100	<i>Similar to Ubiquitin carrier protein.</i>
AP	8696593	Os08g0374200	<i>Similar to Ubiquitin carrier protein.</i>
AP	4504597	Os04g0476700	<i>Leucine-rich repeat, typical subtype containing protein.</i>
AP	4504597	Os04g0476800	<i>Similar to TA5 protein (Fragment).</i>
AP	4504597	Os04g0477000	<i>BTB/POZ fold domain containing protein.</i>
AP	4504597	Os04g0477050	-
AP	4504597	Os04g0477100	<i>Similar to OSIGBa0116M22.4 protein.</i>
AP	4504597	Os04g0477200	<i>Pentatricopeptide repeat domain containing protein.</i>
AP	SNP-8.19028736.	Os08g0398700	<i>Peptidase M1, membrane alanine aminopeptidase family protein.</i>
AP	SNP-8.19028736.	Os08g0398800	<i>Cleavage and polyadenylation specificity factor, 25 kDa subunit domain containing protein.</i>
AP	SNP-8.19028736.	Os08g0399050	<i>Similar to OSIGBa0096F13.8 protein.</i>
AP	SNP-8.19028736.	None	-
AP	SNP-11.26057855.	Os11g0661000	<i>Pentatricopeptide repeat domain containing protein.</i>
AP	SNP-3.36333194.	Os03g0860700	<i>Hypothetical conserved gene.</i>
AP	SNP-3.36333194.	Os03g0860801	<i>Similar to Myosin head family protein, expressed.</i>
AP	SNP-3.36333194.	Os03g0860900	<i>WD40 repeat-like domain containing protein.</i>
AP	SNP-3.36333194.	Os03g0861000	<i>Conserved hypothetical protein.</i>
AP	SNP-3.36333194.	Os03g0861100	<i>Conserved hypothetical protein.</i>
AP	8922103	None	-
AP	8922103	Os08g0477500	<i>Similar to patatin class 1.</i>

AP	8922103	Os08g0477600	Conserved hypothetical protein.
NA	SNP-3.36333194.	Os03g0860700	Hypothetical conserved gene.
NA	SNP-3.36333194.	Os03g0860801	Similar to Myosin head family protein, expressed.
NA	SNP-3.36333194.	Os03g0860900	WD40 repeat-like domain containing protein.
NA	SNP-3.36333194.	Os03g0861000	Conserved hypothetical protein.
NA	SNP-3.36333194.	Os03g0861100	Conserved hypothetical protein.
NA	SNP-7.26952770.	None	-
NA	SNP-7.26952770.	Os07g0645900	Protein of unknown function DUF1677
NA	SNP-7.26952770.	Os07g0646000	Conserved hypothetical protein.
NA	4476964	Os04g0455200	Similar to OSIGBa0093K19.7 protein.
NA	4476964	Os04g0455401	Similar to OSIGBa0093K19.10 protein.
NA	4476964	None	-
NA	4476964	Os04g0455600	Similar to H0523F07.2 protein.
NA	4476964	Os04g0455700	Similar to H0523F07.3 protein.
NA	4476964	Os04g0455800	Similar to Lipoic acid synthetase, mitochondrial precursor (Lip-syn) (Lipoate synthase) (mLIP1).
NA	13006287	Os12g0592200	Hypothetical conserved gene.
NA	13006287	Os12g0592300	Transcriptional factor B3 domain containing protein.
NA	13006287	Os12g0592400	Similar to Adenine phosphoribosyltransferase 1.
NA	13006287	Os12g0592500	Cyclin-like F-box domain containing protein.
NA	13006287	None	-
NA	11337326	None	-
NA	11337326	None	-
NA	11337326	Os11g0442500	Similar to BHLH transcription factor.
NA	5615443	None	-
NA	5615443	Os05g0462301	Similar to predicted protein.
NA	5615443	Os05g0462400	Lipin
NA	5615443	Os05g0462500	Transmembrane receptor, eukaryota domain containing protein.
NA	3323682	Os03g0680800	Similar to cDNA clone: J023038C04, full insert sequence.

NA	SNP-7_26972908	Os07g0646100	<i>Similar to predicted protein.</i>
NA	SNP-7_26972908	Os07g0646200	<i>Zinc finger</i>
NA	SNP-7_26972908	Os07g0646300	<i>Hypothetical conserved gene.</i>
NA	9334403	None	-
NA	7947435	None	-
NA	7947435	Os07g0669500	<i>ERF transcription factor</i>
NA	7947435	Os07g0669600	<i>Conserved hypothetical protein.</i>
NA	7947435	Os07g0669650	<i>Similar to Isoform 2 of Potassium transporter 7.</i>
NA	7947435	Os07g0669700	<i>Potassium transporter 4 (AtPOT4) (AtKUP3) (AtKT4).</i>
NA	8696593	Os08g0373900	<i>Hypothetical conserved gene.</i>
NA	8696593	Os08g0374000	<i>Bet v I allergen family protein.</i>
NA	8696593	Os08g0374100	<i>Similar to Ubiquitin carrier protein.</i>
NA	8696593	Os08g0374200	<i>Similar to Ubiquitin carrier protein.</i>
NA	11097395	None	-
NA	11097395	Os11g0256100	<i>Pentatricopeptide repeat domain containing protein.</i>
NA	11097395	Os11g0256200	<i>Protein of unknown function DUF842, eukaryotic family protein.</i>
NA	11097395	Os11g0256300	<i>Zinc finger</i>
NA	11097395	Os11g0256400	<i>Zinc finger</i>
NA	12139549	Os12g0190100	<i>Similar to Auxin-independent growth promoter-like protein.</i>
NA	12139549	Os12g0190200	<i>Similar to Thylakoid lumenal 29.8 kDa protein, chloroplast precursor.</i>
NA	10604302	-	-
NA	8081078	Os08g0157500	<i>Caffeic acid O-methyltransferase</i>
NA	id2012493	Os02g0698800	<i>WRKY transcription factor 66.</i>
NA	id2012493	None	-
NA	SNP-8.5340422.	Os08g0191100	<i>Aconitase</i>
NA	SNP-8.5340422.	Os08g0191200	<i>Phosphoribosylamine-glycine ligase (PurD)</i>
NA	SNP-8.5340422.	Os08g0191300	<i>Conserved hypothetical protein.</i>
NA	11598756	Os11g0545600	<i>Reader protein of trimethylated histone H3 lysine 4 (H3K4me3) and histone H3 lysine 36 (H3K36me3)</i>

NA	11598756	<i>Os11g0545600</i>	<i>Reader protein of trimethylated histone H3 lysine 4 (H3K4me3) and histone H3 lysine 36 (H3K36me3)</i>
NA	11598756	<i>Os11g0545650</i>	<i>Conserved hypothetical protein.</i>
NA	11598756	<i>Os11g0545700</i>	<i>Centromere/kinetochore protein zw10 homolog</i>

A análise de haplótipos por genótipo em SNPs significativos e genes candidatos foram pesquisados em uma janela de 20 kbp no banco de dados para RAPDB (<https://rapdb.dna.affrc.go.jp/>).

Fonte: Elaborada pelo autor.

4.4 Conclusões

Neste estudo, foram apresentados 622 genes candidatos para o controle de dez características de interesse agrônomo (NP, NA, CPP, PPP, GCPP, EEPP, PGPP, PCG, PP e AP) em arroz. Alguns genes têm função conhecida e estão relacionados com as variáveis analisadas, outros ainda não foram identificados ou caracterizados. Para elucidar o papel destes genes novos estudos devem ser realizados.

5 Considerações finais

No primeiro estudo foi observado que a queda do desequilíbrio de ligação foi relativamente lenta na coleção de arroz avaliada. A estrutura da população foi dividida em duas subpopulações, assim como PCA e árvore filogenética. Portanto a coleção estudada, assim como os SNPs remanescentes após as filtrações podem ser utilizados para estudos de associação genômica ampla.

No segundo estudo verificou-se a presença de variabilidade genética para tolerância à salinidade na fase reprodutiva entre genótipos de arroz. Grande parte dos acessos estudados foi severamente afetada pelo estresse salino, apresentando elevado número de panículas totalmente estéreis e alta porcentagem de esterilidade da panícula principal. Também foi observado, que alguns genótipos foram menos afetados pelo estresse e podem ser considerados para estudos futuros, por exemplo, IAC 600 e BRS Ligeirinho.

No terceiro estudo, foram apresentados 622 genes candidatos para o controle de dez características de interesse agrônomo (altura da planta, número de filhos, número de panículas por planta, comprimento da panícula principal, peso da panícula principal, número de grãos cheios da panícula principal, número de espiguetas estéreis da panícula principal, peso grãos da panícula principal, peso de cem grãos e produtividade por planta) em arroz.

Os resultados obtidos nos três estudos podem contribuir para o melhoramento do arroz e ampliação dos dados genotípicos e fenotípicos dos acessos utilizados no Brasil.

Referências

ABBAS, Ghulam *et al.* Interactive effects of salinity and iron deficiency on different rice genotypes. **Journal of Plant Nutrition and Soil Science**, [s. l.], v. 178, n. 2, p. 306–311, mar. 2015. DOI: <https://doi.org/10.1002/jpln.201400358>. Disponível em: <https://doi.org/10.1002/jpln.201400358>. Acesso em: 17 de jan. 2024.

ABDELAZIZ, Mohamed E. *et al.* Piriformospora indica alters Na⁺/K⁺ homeostasis, antioxidant enzymes and LeNHX1 expression of greenhouse tomato grown under salt stress. **Scientia Horticulturae**, [s. l.], v. 256, n. June, p. 108532, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2019.05.059>. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0304423819304157>. Acesso em: 17 de jan. 2024.

ABDULLAH, Zaibunnisa; KHAN, Mushtaq A.; FLOWERS, T. J. Causes of Sterility in Seed Set of Rice under Salinity Stress. **Journal of Agronomy and Crop Science**, [s. l.], v. 187, n. 1, p. 25–32, dez. 2001. DOI: <https://doi.org/10.1046/j.1439-037X.2001.00500.x>. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1046/j.1439-037X.2001.00500.x>. Acesso em: 17 de jan. 2024.

ABDULLAH, Zaibunnisa; KHAN, Mushtaq A.; FLOWERS, T. J. Causes of sterility in rice under salinity stress. *In*: Ahmad, R., Malik, K.A. (org.) **Prospects for Saline Agriculture**. Tasks for vegetation science. v. 37. 2002. p. 177–187. ISBN: 978-94-017-0067-2.

ABE, Yuki *et al.* The SMALL AND ROUND SEED1 (SRS1/DEP2) gene is involved in the regulation of seed size in rice. **Genes & Genetic Systems**, [s. l.], v. 85, n. 5, p. 327–339, dez. 2010. DOI: <https://doi.org/10.1266/ggs.85.327>. Disponível em: https://www.jstage.jst.go.jp/article/ggs/85/5/85_5_327/_html/-char/en. Acesso em: 17 de jan. 2024.

AKÇA, Erhan *et al.* Long-term monitoring of soil salinity in a semi-arid environment of Turkey. **CATENA**, [s. l.], v. 193, p. 104614, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.catena.2020.104614>. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0341816220301648>. Acesso em: 17 de jan. 2024.

ALAM, Md Sarowar; TESTER, Mark; FIENE Gabriele; MOUSA, Magdi Ali Ahmed. Early Growth Stage Characterization and the Biochemical Responses for Salinity Stress in Tomato. **Plants**, [s. l.], v. 10, n. 4, p. 712, abr. 2021. DOI: <https://doi.org/10.3390/plants10040712>. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2223-7747/10/4/712>. Acesso em: 17 jan. 2024.

ALAM, Mohammad Shah *et al.* CRISPR/Cas9 Mediated Knockout of the *OsbHLH024* Transcription Factor Improves Salt Stress Resistance in Rice (*Oryza sativa* L.). **Plants**, [s. l.], v. 11, n. 9, 2022. DOI: <https://doi.org/10.3390/plants11091184>. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2223-7747/11/9/1184>. Acesso em: 17 de jan. 2024.

ALHAMMADI, Mohamed Salman; KURUP, Shyam S. Impact of Salinity Stress on Date Palm (*Phoenix dactylifera* L) – A Review. *In: CROP PRODUCTION TECHNOLOGIES*. [S. l.]: InTech, 2012. p. 169–178. *E-book*.

ALHUSAIN, Luluah; HAFEZ, Alaaeldin M. Nonparametric approaches for population structure analysis. **Human Genomics**, [s. l.], v. 12, n. 1, p. 25, maio 2018. DOI: <https://doi.org/10.1186/s40246-018-0156-4>. Disponível em: <https://humgenomics.biomedcentral.com/articles/10.1186/s40246-018-0156-4>. Acesso em: 17 de jan. 2024.

ALQUDAH, Aahmad M. *et al.* GWAS: Fast-forwarding gene identification and characterization in temperate Cereals: lessons from Barley – A review. **Journal of Advanced Research**, [s. l.], v. 22, p. 119–135, mar. 2020. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.jare.2019.10.013>. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.jare.2019.10.013>. Acesso em: 17 de jan. 2024.

ANWAR, Khalid *et al.* Genetic diversity reveals synergistic interaction between yield components could improve the sink size and yield in rice. **Food and Energy Security**, [s. l.], v. 11, n. 2, p. 1–14, jan. 2022. DOI: <https://doi.org/10.1002/fes3.334>. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1002/fes3.334>. Acesso em: 17 de jan. 2024.

ARANZANA, María José *et al.* Genome-Wide Association Mapping in Arabidopsis Identifies Previously Known Flowering Time and Pathogen Resistance Genes. **PLoS Genetics**, [s. l.], v. 1, n. 5, p. e60, nov. 2005. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.0010060>. Disponível em: <https://dx.plos.org/10.1371/journal.pgen.0010060>. Acesso em: 17 de jan. 2024.

AZHARUDHEEN, T. P. Muhammed *et al.* Genome-wide association analysis for plant type characters and yield using cgSSR markers in rice (*Oryza sativa* L.). **Euphytica**, [s. l.], v. 218, n. 69, maio 2022. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10681-022-03021-z>. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s10681-022-03021-z>. Acesso em: 17 de jan. 2024.

BARIK, Saumya Ranjan *et al.* Unraveling the genomic regions controlling the seed vigour index, root growth parameters and germination per cent in rice. **PLOS ONE**, [s. l.], v. 17, n. 7, p. e0267303, jul. 2022. DOI: <http://dx.doi.org/10.1371/journal.pone.0267303>. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1371/journal.pone.0267303>. Acesso em: 17 de jan. 2024.

BARRERA Jr., Wilfredo B. *et al.* Genetic diversity using single nucleotide polymorphisms (SNPs) and screening for salinity tolerance in rice germplasm at reproductive stage. **Plant Genetic Resources: Characterization and Utilization**, [s. l.], v. 17, n. 6, p. 522–535, nov. 2019. DOI: <https://doi.org/10.1017/S1479262119000364>. Disponível em: https://www.cambridge.org/core/product/identifier/S1479262119000364/type/journal_article. Acesso em: 17 de jan. 2024.

BENITEZ, Letícia Carvalho *et al.* Tolerância à salinidade avaliada em genótipos de arroz cultivados in vitro. **Revista Ceres**, [s. l.], v. 57, n. 3, p. 330–337, jun. 2010. DOI:

<https://doi.org/10.1590/S0034-737X2010000300007>. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rceres/a/YmBWvnNGzYQhwDb8zJLdF8b/?lang=pt#>. Acesso em: 17 de jan. 2024.

BHATTARAI, Uttam; SUBUDHI, Prasanta K. Genetic Diversity, Population Structure, and Marker-Trait Association for Drought Tolerance in US Rice Germplasm. **Plants**, [s. l.], v. 8, n. 12, p. 530, nov. 2019. DOI: <https://doi.org/10.3390/plants8120530>. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2223-7747/8/12/530>. Acesso em: 17 de jan. 2024.

BIAN, X. F. *et al.* Heading date gene, *dth3* controlled late flowering in *O. Glaberrima* Steud. by down-regulating *Ehd1*. **Plant Cell Reports**, [s. l.], v. 30, p. 2243–2254, ago. 2011. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00299-011-1129-4>. Disponível em: <http://link.springer.com/10.1007/s00299-011-1129-4>. Acesso em: 17 de jan. 2024.

BORNA, Rita S. *et al.* The rice EP3 and OsFBK1 E3 ligases alter plant architecture and flower development, and affect transcript accumulation of microRNA pathway genes and their targets. **Plant Biotechnology Journal**, [s. l.], v. 20, n. 2, p. 297-309, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1111/pbi.13710>. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/pbi.13710>. Acesso em: 22 de jan. 2024.

BRADBURY, Peter J. *et al.* TASSEL: software for association mapping of complex traits in diverse samples. **Bioinformatics**, [s. l.], v. 23, n. 19, p. 2633–2635, jun. 2007. DOI: <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btm308>. Disponível em: <https://academic.oup.com/bioinformatics/article-lookup/doi/10.1093/bioinformatics/btm308>. Acesso em: 17 de jan. 2024.

BRESEGHELLO, Flavio; COELHO, Alexandre Siqueira Guedes. Traditional and Modern Plant Breeding Methods with Examples in Rice (*Oryza sativa* L.). **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, [s. l.], v. 61, n. 35, p. 8277–8286, abr. 2013. DOI: <https://doi.org/10.1021/jf305531j>. Disponível em: <https://pubs.acs.org/doi/10.1021/jf305531j>. Acesso em: 17 de jan. 2024.

BUSANELLO, Carlos *et al.* Is the genetic variability of elite rice in southern brazil really disappearing?. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, [s. l.], v. 20, n. 2, p. 1–9, abr./jun. 2020. DOI: <https://doi.org/10.1590/1984-70332020v20n2a30>. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/cbab/a/nNTtV4FKCxp4Drt8h5Ztf8N/?lang=en#>. Acesso em: 17 de jan. 2024.

CARMONA, Felipe de Campos; ANGHINONI, Ibanor; WEBER, Eliseu José. Salinidade da água e do solo e seus efeitos sobre o arroz irrigado no Rio Grande do Sul. **Boletim Técnico nº 10**, [s. l.], p. 54 p., 2011. Disponível em: https://multimidia.ufrgs.br/conteudo/labgeo-ecologia/Arquivos/Publicacoes/Periodicos/2011/Carmona_et_al_2011_Boletim_IRG_A_10.pdf. Acesso em: 17 de jan. 2024.

CARVALHO, Márcia Thaís de Melo *et al.* O Arroz de terras altas como estratégia para segurança mudança do clima : rumo aos objetivos de desenvolvimento sustentável para o milênio. **Comunicado Técnico**, [s. l.], v. 1, n. 252, p. 14, abr. 2020. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/212391/1/CNPAF-2020->

ct252.pdf. Acesso em: 17 de jan. 2024.

CAVALCANTE, Jerffeson Araujo *et al.* Potencial fisiológico de sementes de duas cultivares de arroz em resposta ao stresse salino. **Revista de Ciências Agrárias**, [s. l.], v. 42, n. 1, p. 181–190, mar. 2019. DOI: <https://doi.org/10.19084/RCA17279>. Disponível em: http://scielo.pt/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0871-018X2019000100020&lng=pt&nrm=iso&tlng=pt. Acesso em: 17 de jan. 2024.

CHAKHONKAEN, Sriprapai *et al.* Genetic structure of Thai rice and rice accessions obtained from the International Rice Research Institute. **Rice**, [s. l.], v. 5, n. 1, p. 19, jul. 2012. DOI: <https://doi.org/10.1186/1939-8433-5-19>. Disponível em: <https://thericejournal.springeropen.com/articles/10.1186/1939-8433-5-19>. Acesso em: 17 de jan. 2024.

CHATTOPADHYAY, Krishnendu *et al.* Novel screening protocol for precise phenotyping of salt-tolerance at reproductive stage in rice. **Physiology and Molecular Biology of Plants**, [s. l.], v. 24, n. 6, p. 1047–1058, ago. 2018. DOI: <https://doi.org/10.1007/s12298-018-0591-7>. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s12298-018-0591-7>. Acesso em: 17 de jan. 2024.

CHATTOPADHYAY, Krishnendu *et al.* Genetic Dissection of Component Traits for Salinity Tolerance at Reproductive Stage in Rice. **Plant Molecular Biology Reporter**, [s. l.], v. 39, n. 2, p. 386–402, 2021. Acesso em: 17 de jan. 2024.

CHEN, Er Wang *et al.* The Genomics of Oryza Species Provides Insights into Rice Domestication and Heterosis. **Annual Review of Plant Biology**, [s. l.], v. 70, p. 639–665, abr. 2019. DOI: <https://doi.org/10.1146/annurev-arplant-050718-100320>. Disponível em: <https://www.annualreviews.org/doi/10.1146/annurev-arplant-050718-100320>. Acesso em: 17 de jan. 2024.

CHEN, Wei *et al.* Genome-wide association analyses provide genetic and biochemical insights into natural variation in rice metabolism. **Nature Genetics**, [s. l.], v. 46, n. 7, p. 714–721, jun. 2014. DOI: <https://doi.org/10.1038/ng.3007>. Disponível em: <http://www.nature.com/articles/ng.3007>. Acesso em: 17 de jan. 2024.

COCA, Liuder Isidoro Rodríguez *et al.* Effects of Sodium Salinity on Rice (*Oryza sativa* L.) Cultivation: A Review. **Sustainability**, [s. l.], v. 15, n. 3, p. 1804, jan. 2023. DOI: <https://doi.org/10.3390/su15031804>. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2071-1050/15/3/1804>. Acesso em: 17 de jan. 2024.

CONAB. **Companhia Nacional de Abastecimento**. [S. l.], 2023. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/>. Acesso em: 03 de jan. 2024.

CORTES, Laura Tibbs; ZHANG, Zhiwu; YU, Jianming. Status and prospects of genome-wide association studies in plants. **The Plant Genome**, [s. l.], v. 14, n. 1, p. 1–17, jan. 2021. DOI: <https://doi.org/10.1002/tpg2.20077>. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1002/tpg2.20077>. Acesso em: 17 de jan. 2024.

COUNCE, Paul A.; KEISLING, Terry C.; MITCHELL, Andrew J. A Uniform, Objective, and Adaptive System for Expressing Rice Development. **Crop Science**, [s. l.], v. 40,

n. 2, p. 436–443, mar. 2000. DOI: <https://doi.org/10.2135/cropsci2000.402436x>. Disponível em: <http://doi.wiley.com/10.2135/cropsci2000.402436x>. Acesso em: 17 de jan. 2024.

CROWELL, Samuel *et al.* Genome-wide association and high-resolution phenotyping link *Oryza sativa* panicle traits to numerous trait-specific QTL clusters. **Nature Communications**, [s. l.], v. 7, fev. 2016. DOI: <https://doi.org/10.1038/ncomms10527>. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/ncomms10527>. Acesso em: 17 de jan. 2024.

CRUZ, Cosme Damião; FERREIRA, Fábio Medeiros; PESSONI, Luiz Alberto. **Biometria Aplicada ao Estudo da Diversidade Genética**. Visconde do Rio Branco, MG: [s. n.], 2011.

DANG, Xiaojing *et al.* Population genetic structure of *Oryza sativa* in East and Southeast Asia and the discovery of elite alleles for grain traits. **Scientific Reports**, [s. l.], v. 5, n. 1, p. 11254, jun. 2015. DOI: <http://dx.doi.org/10.1038/srep11254>. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/srep11254>. Acesso em: 17 de jan. 2024.

DAS, Basabdatta *et al.* Genetic diversity and population structure of rice landraces from Eastern and North Eastern States of India. **BMC Genetics**, [s. l.], v. 14, n. 1, p. 71, ago. 2013. DOI: <https://doi.org/10.1186/1471-2156-14-71>. Disponível em: <https://bmcbgenet.biomedcentral.com/articles/10.1186/1471-2156-14-71>. Acesso em: 17 de jan. 2024.

DAS, Soumya; PARIDA, Sagarika. Impact of Salinity Stress on Paddy Production: A Review. **Indian Journal of Natural Sciences**, [s. l.], v. 13, jun. 2022. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/361137586_Impact_of_Salinity_Stress_on_Paddy_Production_A_Review. Acesso em: 17 de jan. 2024.

DENARDIN, Luiz Gustavo de Oliveira *et al.* Salt-affected soils of the coastal plains in Rio Grande do Sul, Brazil. **Geoderma Regional**, [s. l.], v. 14, p. e00186, set. 2018. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.geodrs.2018.e00186>. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S2352009418300944>. Acesso em: 17 de jan. 2024.

DOYLE, J. J.; DOYLE, J. L. Isolation of plant DNA from fresh tissue. **Focus**, [s. l.], v. 12, p. 13–15, 1990.

E, Zhiguo *et al.* Characterization of the Ubiquitin-Conjugating Enzyme Gene Family in Rice and Evaluation of Expression Profiles under Abiotic Stresses and Hormone Treatments. **PLOS ONE**, [s. l.], v. 10, n. 4, p. e0122621, abr. 2015. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0122621>. Disponível em: <https://dx.plos.org/10.1371/journal.pone.0122621>. Acesso em: 17 de jan. 2024.

EVANNO, G.; REGNAUT, S.; GOUDET, J. Detecting the number of clusters of individuals using the software structure: a simulation study. **Molecular Ecology**, [s. l.], v. 14, n. 8, p. 2611–2620, maio 2005. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2005.02553.x>. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/j.1365-294X.2005.02553.x>. Acesso em: 17 de jan. 2024.

FAN, Chuchuan *et al.* GS3, a major QTL for grain length and weight and minor QTL for grain width and thickness in rice, encodes a putative transmembrane protein. **Theoretical and Applied Genetics**, [s. l.], v. 112, p. 1164–1171, fev. 2006. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00122-006-0218-1>. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s00122-006-0218-1>. Acesso em: 17 de jan. 2024.

FANG, Chao *et al.* Genome-wide association studies dissect the genetic networks underlying agronomical traits in soybean. **Genome Biology**, [s. l.], v. 18, n. 161, ago. 2017. DOI: <https://doi.org/10.1186/s13059-017-1289-9>. Disponível em: <https://genomebiology.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13059-017-1289-9>. Acesso em: 17 de jan. 2024.

FARHAT, Sufia *et al.* CRISPR-Cas9 directed genome engineering for enhancing salt stress tolerance in rice. **Seminars in Cell and Developmental Biology**, [s. l.], v. 96, p. 91–99, dez. 2019. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.semcd.2019.05.003>. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S1084952118301198?via%3Di> hub. Acesso em: 17 de jan. 2024.

FERNANDO, L. H. The performance of salt resistant paddy, Pokkali in Ceylon. **Tropical Agriculture**, [s. l.], p. 124–126, 1949.

FITA, Ana *et al.* Breeding and Domesticating Crops Adapted to Drought and Salinity: A New Paradigm for Increasing Food Production. **Frontiers in Plant Science**, [s. l.], v. 6, p. 1–14, nov. 2015. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2015.00978>. Disponível em: <http://journal.frontiersin.org/Article/10.3389/fpls.2015.00978/abstract>. Acesso em: 17 de jan. 2024.

FLINT-GARCIA, Sherry A.; THORNSBERRY, Jeffry M.; BUCKLER, Edward S. Structure of Linkage Disequilibrium in Plants. **Annual Review of Plant Biology**, [s. l.], v. 54, n. 1, p. 357–374, jun. 2003. DOI: <https://doi.org/10.1146/annurev.arplant.54.031902.134907>. Disponível em: <https://www.annualreviews.org/doi/10.1146/annurev.arplant.54.031902.134907>. Acesso em: 17 de jan. 2024.

FRAGA, Thiago Isquierdo *et al.* Flooded rice yield as affected by levels of water salinity in different stages of its cycle. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, [s. l.], v. 34, n. 1, p. 175–182, fev. 2010. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0100-06832010000100018>. Disponível em: http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0100-06832010000100018&lng=en&tng=en. Acesso em: 17 de jan. 2024.

FRAZZON, Ana Paula Guedes *et al.* Functional analysis of Arabidopsis genes involved in mitochondrial iron–sulfur cluster assembly. **Plant Molecular Biology**, [s. l.], v. 64, n. 3, p. 225–240, abr. 2007. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11103-007-9147-x>. Disponível em: <https://link.springer.com/10.1007/s11103-007-9147-x>. Acesso em: 17 de jan. 2024.

GANIE, Showkat Ahmad *et al.* Improving rice salt tolerance by precision breeding in a

new era. **Current Opinion in Plant Biology**, [s. l.], v. 60, n. January, p. 101996, abr. 2021. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.pbi.2020.101996>. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S1369526620301540?via%3Di> hub. Acesso em: 17 de jan. 2024.

GERONA, Maria Elisa B. *et al.* Physiological Responses of Contrasting Rice Genotypes to Salt Stress at Reproductive Stage. **Rice Science**, [s. l.], v. 26, n. 4, p. 207–219, jul. 2019. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.rsci.2019.05.001>. Disponível em: <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S1672630819300435>. Acesso em: 17 de jan. 2024.

GLASZMANN, J. C. Isozymes and classification of Asian rice varieties. **Theoretical and Applied Genetics**, [s. l.], v. 74, n. 1, p. 21–30, maio 1987. DOI: <https://doi.org/10.1007/BF00290078>. Disponível em: <http://link.springer.com/10.1007/BF00290078>. Acesso em: 17 de jan. 2024.

GONZALO, Maria Jose. *et al.* Genetic Control of Reproductive Traits under Different Temperature Regimes in Inbred Line Populations Derived from Crosses between *S. pimpinellifolium* and *S. lycopersicum* Accessions. **Plants**, [s. l.], v. 11, n. 8, p. 1069, abr. 2022. DOI: <https://doi.org/10.3390/plants11081069>. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2223-7747/11/8/1069>. Acesso em: 17 de jan. 2024.

GRAMAJE, Leonilo V. *et al.* Heterosis and combining ability analysis in CMS hybrid rice. **Euphytica**, [s. l.], v. 216, n. 1, p. 14, jan. 2020. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10681-019-2542-y>. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s10681-019-2542-y>. Acesso em: 17 de jan. 2024.

GONDRO, Cedric; WERF, Julius van der; HAYES, Ben (org.). **Genome-Wide Association Studies and Genomic Prediction**. 1. ed. Humana Totowa, NJ. 2013. DOI: <https://doi.org/10.1007/978-1-62703-447-0>. Disponível em: <https://link.springer.com/book/10.1007/978-1-62703-447-0?page=2#toc>. Acesso em: 19 de jan. 2024.

GU, Haiyong; LIANG, Shihu; ZHAO, Junliang. Novel Sequencing and Genomic Technologies Revolutionized Rice Genomic Study and Breeding. **Agronomy**, [s. l.], v. 12, n. 1, p. 218, jan. 2022. DOI: <https://doi.org/10.3390/agronomy12010218>. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2073-4395/12/1/218>. Acesso em: 17 de jan. 2024.

GUPTA, Pushpendra K.; RUSTGI, Sachin; KULWAL, Pawan. L. Linkage disequilibrium and association studies in higher plants: Present status and future prospects. **Plant Molecular Biology**, [s. l.], v. 57, n. 4, p. 461–485, mar. 2005. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11103-005-0257-z>. Disponível em: <http://link.springer.com/10.1007/s11103-005-0257-z>. Acesso em: 17 de jan. 2024.

HAKATA, Makoto *et al.* Overexpression of TIFY genes promotes plant growth in rice through jasmonate signaling. **Bioscience, Biotechnology, and Biochemistry**, [s. l.], v. 81, n. 5, p. 906–913, 2017. DOI: <http://dx.doi.org/10.1080/09168451.2016.1274638>. Disponível em: <https://academic.oup.com/bbb/article/81/5/906/5955416>. Acesso em:

17 de jan. 2024.

HAN, Xiaoli *et al.* Development of Novel Rice Germplasm for Salt-Tolerance at Seedling Stage Using CRISPR-Cas9. **Sustainability (Switzerland)**, [s. l.], v. 14, n. 5, p. 1–9, fev. 2022. DOI: <https://doi.org/10.3390/su14052621>. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2071-1050/14/5/2621#:~:text=Creation%20of%20Novel%20Salt%2DTolerant,%2C%20and%20soybeans%20%5B18%5D>. Acesso em: 17 de jan. 2024.

HECHANOVA, Sherry Lou *et al.* Development of a genome-wide InDel marker set for allele discrimination between rice (*Oryza sativa*) and the other seven AA-genome *Oryza* species. **Scientific reports**, [s. l.], v. 11, p. 8962, 2021. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-021-88533-9>. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/s41598-021-88533-9>. Acesso em: 17 de jan. 2024.

HENDERSON, C. R. Best Linear Unbiased Estimation and Prediction under a Selection Model. **Biometrics**, [s. l.], v. 31, n. 2, p. 423-447, 1975. DOI: <https://doi.org/10.2307/2529430>. Disponível em: <https://www.jstor.org/stable/2529430?origin=crossref>. Acesso em: 17 de jan. 2024.

HOANG, Thi My Linh *et al.* Improvement of Salinity Stress Tolerance in Rice: Challenges and Opportunities. **Agronomy**, [s. l.], v. 6, n. 4, p. 54, out. 2016. DOI: <https://doi.org/10.3390/agronomy6040054>. Disponível em: <http://www.mdpi.com/2073-4395/6/4/54>. Acesso em: 17 de jan. 2024.

HONG, Jun *et al.* Combined genome-wide association study and epistasis analysis reveal multifaceted genetic architectures of plant height in Asian cultivated rice. **Plant, Cell & Environment**, [s. l.], v. 46, n. 4, p. 1295–1311, fev. 2023. DOI: <https://doi.org/10.1111/pce.14557>. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/pce.14557>. Acesso em: 17 de jan. 2024.

HORI, Kiyosumi; SHENTON, Matthew. Current Advances and Future Prospects for Molecular Research for Agronomically Important Traits in Rice. **International Journal of Molecular Sciences**, [s. l.], v. 23, n. 14, jul. 2022. DOI: <https://doi.org/10.3390/ijms23147531>. Disponível em: <https://www.mdpi.com/1422-0067/23/14/7531>. Acesso em: 17 de jan. 2024.

HOSSAIN, Sanower. Present Scenario of Global Salt Affected Soils, its Management and Importance of Salinity Research. **International Research Journal of Biological Sciences Perspective**, [s. l.], p. 1-3, jan. 2019. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/334773002_Present_Scenario_of_Global_Salt_Affected_Soils_its_Management_and_Importance_of_Salinity_Research. Acesso em: 17 de jan. 2024.

HU, Jiang *et al.* A Rare Allele of GS2 Enhances Grain Size and Grain Yield in Rice. **Molecular Plant**, [s. l.], v. 8, n. 10, p. 1455–1465, out. 2015. DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.molp.2015.07.002>. Disponível em: [https://www.cell.com/molecular-plant/fulltext/S1674-2052\(15\)00296-8?_returnURL=https%3A%2F%2Flinkinghub.elsevier.com%2Fretrieve%2Fpii%2FS1674205215002968%3Fshowall%3Dtrue](https://www.cell.com/molecular-plant/fulltext/S1674-2052(15)00296-8?_returnURL=https%3A%2F%2Flinkinghub.elsevier.com%2Fretrieve%2Fpii%2FS1674205215002968%3Fshowall%3Dtrue). Acesso em: 17 de jan. 2024.

HUANG, Rong Yu *et al.* Genetic bases of rice grain shape: so many genes, so little known. **Trends in Plant Science**, [s. l.], v. 18, n. 4, p. 218–226, abr. 2013a. DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.tplants.2012.11.001>. Disponível em: [https://www.cell.com/trends/plant-science/fulltext/S1360-1385\(12\)00235-X?_returnURL=https%3A%2F%2Flinkinghub.elsevier.com%2Fretrieve%2Fpii%2FS136013851200235X%3Fshowall%3Dtrue](https://www.cell.com/trends/plant-science/fulltext/S1360-1385(12)00235-X?_returnURL=https%3A%2F%2Flinkinghub.elsevier.com%2Fretrieve%2Fpii%2FS136013851200235X%3Fshowall%3Dtrue). Acesso em: 17 de jan. 2024.

HUANG, Xuehui *et al.* Genome-wide association studies of 14 agronomic traits in rice landraces. **Nature Genetics**, [s. l.], v. 42, p. 961–967, out. 2010. DOI: <https://doi.org/10.1038/ng.695>. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/ng.695>. Acesso em: 17 de jan. 2024.

HUANG, Xuehui *et al.* Genome-wide association study of flowering time and grain yield traits in a worldwide collection of rice germplasm. **Nature Genetics**, [s. l.], v. 44, p. 32–39, jan. 2012. DOI: <https://doi.org/10.1038/ng.1018>. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/ng.1018>. Acesso em: 17 de jan. 2024.

HUANG, Xuehui; LU, Tingting; HAN, Bin. Resequencing rice genomes: an emerging new era of rice genomics. **Trends in Genetics**, [s. l.], v. 29, n. 4, p. 225–232, jan. 2013. DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.tig.2012.12.001>. Disponível em: [https://www.cell.com/trends/genetics/fulltext/S0168-9525\(12\)00196-5?_returnURL=https%3A%2F%2Flinkinghub.elsevier.com%2Fretrieve%2Fpii%2FS0168952512001965%3Fshowall%3Dtrue](https://www.cell.com/trends/genetics/fulltext/S0168-9525(12)00196-5?_returnURL=https%3A%2F%2Flinkinghub.elsevier.com%2Fretrieve%2Fpii%2FS0168952512001965%3Fshowall%3Dtrue). Acesso em: 17 de jan. 2024.

HUANG, Xuehui; HAN, Bin. Natural Variations and Genome-Wide Association Studies in Crop Plants. **Annual Review of Plant Biology**, [s. l.], v. 65, p. 531–551, abr. 2014. DOI: <https://doi.org/10.1146/annurev-arplant-050213-035715>. Disponível em: <https://www.annualreviews.org/doi/10.1146/annurev-arplant-050213-035715>. Acesso em: 17 de jan. 2024.

HUANG, Xiaorong; PENG, Xiongbo; SUN, Meng-Xiang. *OsGCD1* is essential for rice fertility and required for embryo dorsal-ventral pattern formation and endosperm development. **New Phytologist**, [s. l.], v. 215, n. 3, p. 1039–1058, jun. 2017. DOI: <https://doi.org/10.1111/nph.14625>. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/nph.14625>. Acesso em: 17 de jan. 2024.

HUANGFU, Liexiang *et al.* *OsCOMT*, encoding a caffeic acid O-methyltransferase in melatonin biosynthesis, increases rice grain yield through dual regulation of leaf senescence and vascular development. **Plant Biotechnology Journal**, [s. l.], v. 20, n. 6, p. 1122–1139, fev. 2022. DOI: <https://doi.org/10.1111/pbi.13794>. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/pbi.13794>. Acesso em: 17 de jan. 2024.

HUSSAIN, Sajid *et al.* Effects of salt stress on rice growth, development characteristics, and the regulating ways: A review. **Journal of Integrative Agriculture**, [s. l.], v. 16, n. 11, p. 2357–2374, nov. 2017. DOI: [https://doi.org/10.1016/S2095-3119\(16\)61608-8](https://doi.org/10.1016/S2095-3119(16)61608-8). Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2095311916616088?via%3Dihub>. Acesso em: 17 de jan. 2024.

IRAKOZE, Willy *et al.* NaCl^- and Na_2SO_4^- Induced Salinity Differentially Affect Clay Soil

Chemical Properties and Yield Components of Two Rice Cultivars (*Oryza sativa* L.) in Burundi. **Agronomy**, [s. l.], v. 11, n. 3, p. 571, mar. 2021. DOI: <https://doi.org/10.3390/agronomy11030571>. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2073-4395/11/3/571>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

ISHIY, Takazi *et al.* SCS 114 Andosan – primeira variedade mutante de arroz irrigado do Brasil. **Revista Agropecuária Catarinense**, v.18, n. 3, nov. 2005. Disponível em: <https://publicacoes.epagri.sc.gov.br/rac/article/view/986/883>. Acesso em: 19 de março de 2024.

ISLAM, Md Moshikul *et al.* Screening of Rice (*Oryza sativa* L.) Genotypes at Reproductive Stage for their Tolerance to Salinity. **The Agriculturists**, [s. l.], v. 16, n. 1, p. 65–77, jul. 2018. DOI: <https://doi.org/10.3329/agric.v16i1.37535>. Disponível em: <https://www.banglajol.info/index.php/AGRIC/article/view/37535>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

IWATA, Hiroyoshi *et al.* Potential assessment of genome-wide association study and genomic selection in Japanese pear *Pyrus pyrifolia*. **Breeding Science**, [s. l.], v. 63, n. 1, p. 125–140, 2013. DOI: <https://doi.org/10.1270/jsbbs.63.125>. Disponível em: https://www.jstage.jst.go.jp/article/jsbbs/63/1/63_125/_article. Acesso em: 18 de jan. 2024.

JAIN, Buddhi Prakash; PANDEY, Shweta. WD40 Repeat Proteins: Signalling Scaffold with Diverse Functions. **The Protein Journal**, [s. l.], v. 37, n. 5, p. 391–406, ago. 2018. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10930-018-9785-7>. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1007/s10930-018-9785-7>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

JAMIL, Muhammad *et al.* Effect of Salt (Nacl) Stress on Germination and Early Seedling Growth of Four Vegetables Species. [s. l.], v. 7, n. 2, p. 273–282, 2006. Disponível em: <https://hrcak.srce.hr/file/26817>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

JANG, Seong-Gyu *et al.* Genome-Wide Association Study (GWAS) of Mesocotyl Length for Direct Seeding in Rice. **Agronomy**, [s. l.], v. 11, n. 12, p. 2527, dez. 2021. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2073-4395/11/12/2527>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

JEONG, Hee-Jeong; JUNG, Ki-Hong. Rice tissue-specific promoters and condition-dependent promoters for effective translational application. **Journal of Integrative Plant Biology**, [s. l.], v. 57, n. 11, p. 913–924, abr. 2015. DOI: <https://doi.org/10.1111/jipb.12362>. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/jipb.12362>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

JIN, Liang *et al.* Genetic diversity and population structure of a diverse set of rice germplasm for association mapping. **Theoretical and Applied Genetics**, [s. l.], v. 121, p. 475–487, abr. 2010. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00122-010-1324-7>. Disponível em: <http://link.springer.com/10.1007/s00122-010-1324-7>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

JING-HUA, Xiao; CHANG-YIN, Wu.; QI-FA, Zhang. The Progress and Perspective of Rice Functional Genomics Research. [s. l.], v. 15, n. 2, p. 1–7, 2013. DOI: <https://doi.org/10.3969/j.issn.1008-0864.2013.02.01>. Disponível em:

<https://www.nkdb.net/EN/10.3969/j.issn.1008-0864.2013.02.01>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

JOSEPH, E. Abhilash; MOHANAN, K. V. A Study on the Effect of Salinity Stress on the Growth and Yield of Some Native Rice Cultivars of Kerala State of India. **Agriculture, Forestry and Fisheries**, [s. l.], v. 2, n. 3, p. 141-150, jul. 2013. DOI: <https://doi.org/10.11648/j.aff.20130203.14>. Disponível em: <http://www.sciencepublishinggroup.com/journal/paperinfo.aspx?journalid=119&doi=10.11648/j.aff.20130203.14>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

KADAM, Shivdas Tukaram *et al.* Thermal neutron as a potential mutagen for induced plant mutation breeding: radiosensitivity response on wheat and rice. **Genetic Resources and Crop Evolution**, [s. l.], v. 70, p. 789–798, mar. 2023. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10722-022-01461-z>. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s10722-022-01461-z>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

KAWAMURA, Kensuke *et al.* Field phenotyping of plant height in an upland rice field in Laos using low-cost small unmanned aerial vehicles (UAVs). **Plant Production Science**, [s. l.], v. 23, n. 4, p. 452–465, jun. 2020. DOI: <https://doi.org/10.1080/1343943X.2020.1766362>. Disponível em: <https://www.tandfonline.com/doi/full/10.1080/1343943X.2020.1766362>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

KHAN, M. Iqbal R. *et al.* Defensive Role of Plant Hormones in Advancing Abiotic Stress-Resistant Rice Plants. **Rice Science**, [s. l.], v. 30, n. 1, p. 15–35, jan. 2023. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.rsci.2022.08.002>. Disponível em: <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S1672630822000920>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

KHATAB, Ahmed Adel *et al.* Global identification of quantitative trait loci and candidate genes for cold stress and chilling acclimation in rice through GWAS and RNA-seq. **Planta**, [s. l.], v. 256, p. 1–17, set. 2022. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00425-022-03995-z>. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s00425-022-03995-z>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

KHUSH, G. S. Green revolution: preparing for the 21st century. **Genome**, [s. l.], v. 42, n. 4, p. 646–655, ago. 1999. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/10464789/>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

KIBRIA, Mohammad Golam; HOQUE, Md Anamul. A Review on Plant Responses to Soil Salinity and Amelioration Strategies. **Open Journal of Soil Science**, [s. l.], v. 09, n. 11, p. 219–231, 2019. DOI: <https://doi.org/10.4236/ojss.2019.911013>. Disponível em: <http://www.scirp.org/journal/doi.aspx?DOI=10.4236/ojss.2019.911013>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

KOLHAR, Shrikrishna; JAGTAP, Jayant. Plant trait estimation and classification studies in plant phenotyping using machine vision – A review. **Information Processing in Agriculture**, [s. l.], v. 10, n. 1, p. 114–135, mar. 2023. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.inpa.2021.02.006>. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2214317321000238?via%3Dihub>.

Acesso em: 18 de jan. 2024.

KOLKMAN, Judith M. *et al.* Single nucleotide polymorphisms and linkage disequilibrium in sunflower. **Genetics**, [s. l.], v. 177, n. 1, p. 457–468, set. 2007. DOI: <https://doi.org/10.1534/genetics.107.074054>. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2013689/>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

KONG, Weilong *et al.* Expansion and Evolutionary Patterns of Glycosyltransferase Family 8 in Gramineae Crop Genomes and Their Expression under Salt and Cold Stresses in *Oryza sativa* ssp. *japonica*. **Biomolecules**, [s. l.], v. 9, n. 5, p. 188, maio 2019. DOI: <https://doi.org/10.3390/biom9050188>. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2218-273X/9/5/188>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

KONG, Weilong *et al.* Uncovering the Novel QTLs and Candidate Genes of Salt Tolerance in Rice with Linkage Mapping, RTM-GWAS, and RNA-seq. **Rice**, [s. l.], v. 14, n. 1, nov. 2021. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12284-021-00535-3>. Disponível em: <https://thericejournal.springeropen.com/articles/10.1186/s12284-021-00535-3>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

KOSOVÁ, Klára *et al.* Plant proteome responses to salinity stress – comparison of glycophytes and halophytes. **Functional Plant Biology**, [s. l.], v. 40, n. 9, p. 775–786, mar. 2013. DOI: <https://doi.org/10.1071/FP12375>. Disponível em: <http://www.publish.csiro.au/?paper=FP12375>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

KULSUM, Ummy; SARKER, Umakanta; RASUL, Md Golam. Genetic variability, heritability and interrelationship in salt-tolerant lines of T. Aman rice. **Genetika**, [s. l.], v. 54, n. 2, p. 761–776, set. 2022. DOI: <https://doi.org/10.2298/GENSR2202761K>. Disponível em: <https://doiserbia.nb.rs/Article.aspx?ID=0534-00122202761K>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

KUMAR, Pardeep *et al.* Salinity stress tolerance and omics approaches: revisiting the progress and achievements in major cereal crops. **Heredity**, [s. l.], v. 128, p. 497–518, mar. 2022. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41437-022-00516-2>. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/s41437-022-00516-2>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

KUMBHAR, Shailesh D. *et al.* Genetic Diversity and Population Structure in Landraces and Improved Rice Varieties from India. **Rice Science**, [s. l.], v. 22, n. 3, p. 99–107, maio 2015. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.rsci.2015.05.013>. Disponível em: <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S1672630815000220>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

LE, Thao Duc *et al.* Genome-wide association mapping of salinity tolerance at the seedling stage in a panel of vietnamese landraces reveals new valuable qtls for salinity stress tolerance breeding in rice. **Plants**, [s. l.], v. 10, n. 6, maio 2021. DOI: <https://doi.org/10.3390/plants10061088>. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2223-7747/10/6/1088>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

LE, Van Trang *et al.* Research Trends and Challenges of Using CRISPR/Cas9 for Improving Rice Productivity. **Agronomy**, [s. l.], v. 12, n. 1, p. 164, jan. 2022. DOI: <https://doi.org/10.3390/agronomy12010164>. Disponível em:

<https://www.mdpi.com/2073-4395/12/1/164>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

LEE, Shinyoung *et al.* Functional analyses of the flowering time gene *OsMADS50*, the putative *SUPPRESSOR OF OVEREXPRESSION OF CO 1 / AGAMOUS-LIKE 20 (SOC1/AGL20)* ortholog in rice. **The Plant Journal**, [s. l.], v. 38, n. 5, p. 754–764, abr. 2004. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1365-313X.2004.02082.x>. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/j.1365-313X.2004.02082.x>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

LEKKLAR, Chakkree *et al.* Genome-wide association study for salinity tolerance at the flowering stage in a panel of rice accessions from Thailand. **BMC Genomics**, [s. l.], v. 20, p. 76, jan. 2019. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12864-018-5317-2>. Disponível em: <https://bmcbgenomics.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12864-018-5317-2>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

LI, Juan; XU, Yunyuan; CHONG, Kang. The novel functions of kinesin motor proteins in plants. **Protoplasma**, [s. l.], v. 249, p. 95–100, jun. 2012. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00709-011-0357-3>. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s00709-011-0357-3>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

LI, Peng; XUE, Hongwei. Structural characterization and expression pattern analysis of the rice PLT gene family. **Acta Biochimica et Biophysica Sinica**, [s. l.], v. 43, n. 9, p. 688–697, set. 2011. DOI: <https://doi.org/10.1093/abbs/gmr068>. Disponível em: <https://www.sciengine.com/ABBS/doi/10.1093/abbs/gmr068;JSESSIONID=547c3472-b893-47b6-97a5-9b621cc68cf3>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

LI, Ronghua *et al.* Exploring the relationships between yield and yield-related traits for rice varieties released in china from 1978 to 2017. **Frontiers in Plant Science**, [s. l.], v. 10, maio 2019. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2019.00543>. Disponível em: <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fpls.2019.00543/full>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

LIANG, Wei-hong *et al.* Tillering and panicle branching genes in rice. **Gene**, [s. l.], v. 537, n. 1, p. 1-5, mar. 2014. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.gene.2013.11.058>. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0378111913015849?casa_token=3-VhFPjmXHQA AAAA:rMFNj705FltqgkcwsUAFJ4H3ZX-odpRxnZgUywnKtbTQaD6ys72bLhAPwMBU71sdlQJ6Y5iX-cQe. Acesso em: 22 de jan. 2024.

LISCHER, H. E. L.; EXCOFFIER, L. PGDSpider: an automated data conversion tool for connecting population genetics and genomics programs. **Bioinformatics**, [s. l.], v. 28, n. 2, p. 298–299, jan. 2012. DOI: <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btr642>. Disponível em: <https://academic.oup.com/bioinformatics/article/28/2/298/198891>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

LIU, Chunhui *et al.* Kam Sweet Rice (*Oryza sativa* L.) Is a Special Ecotypic Rice in Southeast Guizhou, China as Revealed by Genetic Diversity Analysis. **Frontiers in Plant Science**, [s. l.], v. 13, p. 1–12, mar. 2022a. DOI:

<https://doi.org/10.3389/fpls.2022.830556>. Disponível em: <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fpls.2022.830556/full>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

LIU, Erbao *et al.* Identification of a Candidate Gene for Panicle Length in Rice (*Oryza sativa* L.) Via Association and Linkage Analysis. **Frontiers in Plant Science**, [s. l.], v. 7, p. 1–13, maio 2016. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2016.00596>. Disponível em: <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fpls.2016.00596/full>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

LIU, Meiling *et al.* A Genome-Wide Association Study Dissects the Genetic Architecture of the Metaxylem Vessel Number in Maize Brace Roots. **Frontiers in Plant Science**, [s. l.], v. 13, p. 1–12, mar. 2022b. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.847234>. Disponível em: <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fpls.2022.847234/full>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

LIU, Shuai *et al.* Genome-wide association studies of ionomic and agronomic traits in USDA mini core collection of rice and comparative analyses of different mapping methods. **BMC plant biology**, [s. l.], v. 20, p. 441, set. 2020. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12870-020-02603-0>. Disponível em: <https://bmcpplantbiol.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12870-020-02603-0>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

LONGPING, Yuan. Development of Super Hybrid Rice for Food Security in China. **Engineering**, [s. l.], v. 1, n. 1, p. 13–14, Mar. 2015. DOI: <https://doi.org/10.15302/J-ENG-2015021>. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2095809916300376?via%3Dihub>. Acesso em: 20 de jan. 2024.

LOUIE, Gordon V. *et al.* Structure-Function Analyses of a Caffeic Acid O - Methyltransferase from Perennial Ryegrass Reveal the Molecular Basis for Substrate Preference. **The Plant Cell**, [s. l.], v. 22, n. 12, p. 4114–4127, dez. 2010. DOI: <https://doi.org/10.1105/tpc.110.077578>. Disponível em: <https://academic.oup.com/plcell/article/22/12/4114/6096993>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

LU, Qing *et al.* Genetic variation and association mapping for 12 agronomic traits in indica rice. **BMC Genomics**, [s. l.], v. 16, p. 1067, dez. 2015. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12864-015-2245-2>. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1186/s12864-015-2245-2>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

LV, Yang *et al.* Combining GWAS, Genome-Wide Domestication and a Transcriptomic Analysis Reveals the Loci and Natural Alleles of Salt Tolerance in Rice (*Oryza sativa* L.). **Frontiers in Plant Science**, [s. l.], v. 13, p. 1–14, jun. 2022. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.912637>. Disponível em: <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fpls.2022.912637/full>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

MA, Feifei *et al.* Genome-wide association and validation of key loci for yield-related

traits in wheat founder parent Xiaoyan 6. **Molecular Breeding**, [s. l.], v. 38, n. 91, jun. 2018. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11032-018-0837-7>. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s11032-018-0837-7>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

MA, Jin *et al.* Phosphatidylserine Synthase Controls Cell Elongation Especially in the Uppermost Internode in Rice by Regulation of Exocytosis. **PLOS ONE**, [s. l.], v. 11, n. 4, p. e0153119, abr. 2016a. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0153119>. Disponível em: <https://dx.plos.org/10.1371/journal.pone.0153119>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

MA, Yun; QIN, Feng; TRAN, Lam-Son Phan. Contribution of genomics to gene discovery in plant abiotic stress responses. **Molecular Plant**, [s. l.], v. 5, n. 6, p. 1176–1178, nov. 2012. DOI: <https://doi.org/10.1093/mp/sss085>. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1093/mp/sss085>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

MA, Xiaosong *et al.* Genome-Wide Association Study for Plant Height and Grain Yield in Rice under Contrasting Moisture Regimes. **Frontiers in Plant Science**, [s. l.], v. 7, p. 1–13, nov. 2016b. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2016.01801>. Disponível em: <http://journal.frontiersin.org/article/10.3389/fpls.2016.01801/full>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

MA, Xiaosong *et al.* A novel rice grain size gene OsSNB was identified by genome-wide association study in natural population. **PLoS Genetics**, [s. l.], v. 15, n. 5, p. 1–20, maio 2019. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1008191>. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31150378/>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

MACHADO, Rui Manuel Almeida; SERRALHEIRO, Ricardo Paulo. Soil salinity: Effect on vegetable crop growth. Management practices to prevent and mitigate soil salinization. **Horticulturae**, [s. l.], v. 3, n. 2, maio 2017. DOI: <https://doi.org/10.3390/horticulturae3020030>. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2311-7524/3/2/30>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

MACKILL, David J.; COFFMAN, W. Ronnie; GARRITY, Dennis P (Org.). **Rainfed lowland rice improvement.**, IRRI INTERNATIONAL RICE RESEARCH INSTITUTE P.O. Box 933, 1099 Manila, Philippines, 1996.

MANIMARAN, P. *et al.* Activation-tagging in indica rice identifies a novel transcription factor subunit, *NF-YC13* associated with salt tolerance. **Scientific Reports**, [s. l.], v. 7, p. 9341, ago. 2017. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-017-10022-9>. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1038/s41598-017-10022-9>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

MANOHARA, K. K.; MORAJKAR, Shaiesh; SHANBAGH, Yogini. Genetic analysis of grain yield and its associated traits in a set of diverse salt tolerant rice genotypes under coastal salinity condition. **Journal of Cereal Research**, [s. l.], v. 12, n. 3, 2020. Disponível em: <http://epubs.icar.org.in/ejournal/index.php/JWR/article/view/105442>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

MANSURI, Shahrbanu Mirdar; JELODAR, Nadali Babaein; BAGHERI, Nadali. Evaluation of rice genotypes to salt stress in different growth stages via phenotypic

and random amplified polymorphic DNA (RAPD) marker assisted selection. **African Journal of Biotechnology**, [s. l.], v. 11, n. 39, p. 9362–9372, 2012. DOI: <https://doi.org/10.5897/AJB11.1490> Disponível em: <https://www.ajol.info/index.php/ajb/article/view/127436>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

MARÈ, Caterina *et al.* Marker-Assisted Introgression of the Salinity Tolerance Locus Saltol in Temperate Japonica Rice. **Rice**, [s. l.], v. 16, p. 2, jan. 2023. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12284-023-00619-2>. Disponível em: <https://thericejournal.springeropen.com/articles/10.1186/s12284-023-00619-2>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

MATHER, Kristie A. *et al.* The Extent of Linkage Disequilibrium in Rice (*Oryza sativa* L.). **Genetics**, [s. l.], v. 177, n. 4, p. 2223–2232, dez. 2007. DOI: <https://doi.org/10.1534/genetics.107.079616>. Disponível em: <https://academic.oup.com/genetics/article/177/4/2223/6064447>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

MATSUDA, Fumio *et al.* Metabolome-genome-wide association study dissects genetic architecture for generating natural variation in rice secondary metabolism. **The Plant Journal**, [s. l.], v. 81, n. 1, p. 13–23, 2015. Acesso em: 18 de jan. 2024.

MCCOUCH, Susan R. *et al.* Open access resources for genome-wide association mapping in rice. **Nature Communications**, [s. l.], v. 7, n. 1, p. 10532, fev. 2016. DOI: <https://doi.org/10.1038/ncomms10532>. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/ncomms10532>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

MCNALLY, Kenneth L. *et al.* Genomewide SNP variation reveals relationships among landraces and modern varieties of rice. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, [s. l.], v. 106, n. 30, p. 12273–12278, jul. 2009. DOI: <https://doi.org/10.1073/pnas.0900992106>. Disponível em: <https://pnas.org/doi/full/10.1073/pnas.0900992106>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

MITSUYA, Shiro *et al.* Evaluation of rice grain yield and yield components of Nona Bokra chromosome segment substitution lines with the genetic background of Koshihikari, in a saline paddy field. **AoB PLANTS**, [s. l.], v. 11, n. 5, p. 1–10, out. 2019. DOI: <https://doi.org/10.1093/aobpla/plz040>. Disponível em: <https://academic.oup.com/aobpla/article/11/5/plz040/5532299>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

MONEJA, R. Hierarchical grouping methods and stopping rules: An evaluation. **The Computer Journal**, [s. l.], v. 20, p. 359–363, 1977. DOI: <https://doi.org/10.1093/comjnl/20.4.359>. Disponível em: <https://academic.oup.com/comjnl/article/20/4/359/393930>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

MORTON, Mitchell J. L. *et al.* Salt stress under the scalpel – dissecting the genetics of salt tolerance. **The Plant Journal**, [s. l.], v. 97, n. 1, p. 148–163, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1111/tpj.14189>. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/tpj.14189>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

MUKHOPADHYAY, Raj *et al.* Soil salinity under climate change: Challenges for sustainable agriculture and food security. **Journal of Environmental Management**, [s. l.], v. 280, p. 111736, fev. 2021. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.jenvman.2020.111736>. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.jenvman.2020.111736>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

NACHIMUTHU, Vishnu Varthini *et al.* Analysis of Population Structure and Genetic Diversity in Rice Germplasm Using SSR Markers: An Initiative Towards Association Mapping of Agronomic Traits in *Oryza Sativa*. **Rice**, [s. l.], v.8, set. 2015. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12284-015-0062-5>. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1186/s12284-015-0062-5>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

NADARAJAH, Kalaivani; HAMID, Nur Wahida Aabdul; RAHMAN, Nur Sabrina Natasha Abdul. SA-Mediated Regulation and Control of Abiotic Stress Tolerance in Rice. **International Journal of Molecular Sciences**, [s. l.], v. 22, n. 11, p. 5591, maio 2021. DOI: <https://doi.org/10.3390/ijms22115591>. Disponível em: <https://www.mdpi.com/1422-0067/22/11/5591>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

NAYAK, Amrit Kumar *et al.* Genetic Dissection of Grain Size Traits Through Genome-Wide Association Study Based on Genic Markers in Rice. **Rice Science**, [s. l.], v. 29, n. 5, p. 462–472, set. 2022. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.rsci.2022.07.006>. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1672630822000592>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

NAYYERIPASAND, Leila; GAROOSI, Ghasem Ali; AHMADIKHAH, Asadollah. Genome-Wide Association Study (GWAS) to Identify Salt-Tolerance QTLs Carrying Novel Candidate Genes in Rice During Early Vegetative Stage. **Rice**, [s. l.], v. 14, jan. 2021. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12284-020-00433-0>. Disponível em: <https://thericejournal.springeropen.com/articles/10.1186/s12284-020-00433-0>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

NAZIR, Romaan *et al.* Clustered regularly interspaced short palindromic repeats (CRISPR)/CRISPR-associated genome-editing toolkit to enhance salt stress tolerance in rice and wheat. **Physiologia Plantarum**, [s. l.], v. 174, n. 2, mar. 2022. DOI: <https://doi.org/10.1111/ppl.13642>. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/35099818/>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

NCBI – National Center for Biotechnology Information. 2023. Disponível em: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Taxonomy/>. Acesso em: 18 de março de 2023.

NEANG, Sarin *et al.* A GWAS approach to find SNPs associated with salt removal in rice leaf sheath. **Annals of Botany**, [s. l.], v. 126, n. 7, p. 1193–1202, out. 2020. DOI: <https://doi.org/10.1093/aob/mcaa139>. Disponível em: <https://academic.oup.com/aob/article/126/7/1193/5917565>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

NEGRÃO, Sónia *et al.* New allelic variants found in key rice salt-tolerance genes: an association study. **Plant Biotechnology Journal**, [s. l.], v. 11, n. 1, p. 87–100, 2013. DOI: <https://doi.org/10.1111/pbi.12010>. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/pbi.12010>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

NEGRÃO, S.; SCHMÖCKEL, S. M.; TESTER, M. Evaluating physiological responses of plants to salinity stress. **Annals of Botany**, [s. l.], v. 119, n. 1, p. 1–11, 2017. DOI: <https://doi.org/10.1093/aob/mcw191>. Disponível em: <https://academic.oup.com/aob/article-lookup/doi/10.1093/aob/mcw191>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

NIJHAWAN, Aashima *et al.* Genomic Survey and Gene Expression Analysis of the Basic Leucine Zipper Transcription Factor Family in Rice. **Plant Physiology**, [s. n.], v. 146, n. 2, p. 323-324, fev. 2008. DOI: <https://doi.org/10.1104/pp.107.112821>. Disponível em: <https://academic.oup.com/plphys/article/146/2/323/6107127>. Acesso em: 22 de jan. 2024.

OKA, H. K.; MORISHIMA, H. Wild and cultivated rice. *In*: MATSUO, T. . *et al.* (org.). **The Science of the Rice Plant**. 3. ed. Tokyo: Food and Agriculture Policy Research Center: [s. n.], 1997.

OLIVEIRA, Victoria Freitas de. **Mapeamento associativo para tolerância à salinidade em germoplasma de arroz utilizado no Brasil**. 2019. Dissertação (Mestrado em Ciências - Fitomelhoramento) Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, 2019. Disponível em: <https://guaiaca.ufpel.edu.br/handle/prefix/4298>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

OLIVEIRA, Victoria Freitas de. **Aspectos químicos e moleculares do acúmulo de minerais em grãos de arroz**. 2023a. Tese (Doutorado em Ciências - Fitomelhoramento) Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, 2023. Disponível em: <https://guaiaca.ufpel.edu.br/handle/prefix/9507>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

OLIVEIRA, Victoria Freitas de *et al.* Genome-wide association of iron content in rice grains grown in Southern Brazil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, [s. l.], v. 58, 2023b. DOI: <https://doi.org/10.1590/S1678-3921.pab2023.v58.03203>. Disponível em: http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0100-204X2023000102912&tlng=en. Acesso em: 18 de jan. 2024.

PAN, Ting *et al.* Non-stomatal limitation of photosynthesis by soil salinity. **Critical Reviews in Environmental Science and Technology**, [s. l.], v. 51, n. 8, p. 791–825, 2021. DOI: <https://doi.org/10.1080/10643389.2020.1735231>. Disponível em: <https://www.tandfonline.com/doi/full/10.1080/10643389.2020.1735231>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

PANTALIÃO, Gabriel Feresin *et al.* Genome wide association study (GWAS) for grain yield in rice cultivated under water deficit. **Genetica**, [s. l.], v. 144, p. 651–664, out. 2016. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10709-016-9932-z>. Disponível em: <http://link.springer.com/10.1007/s10709-016-9932-z>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

PANTALIÃO, Gabriel Feresin *et al.* Development of SNP markers for grain yield screening of Brazilian rice cultivars. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, [s. l.], v. 55, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1590/S1678-3921.pab2020.v55.01643>. Disponível em: http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0100-

204X2020000102903&tling=en. Acesso em: 18 de jan. 2024.

PASSARDI, Filippo *et al.* The class III peroxidase multigenic family in rice and its evolution in land plants. **Phytochemistry**, [s. l.], v. 65, n. 13, p. 1879–1893, jul. 2004. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.phytochem.2004.06.023>. Disponível em: <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S0031942204002705>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

PAVAN, Stefano *et al.* Recommendations for Choosing the Genotyping Method and Best Practices for Quality Control in Crop Genome-Wide Association Studies. **Frontiers in Genetics**, [s. l.], v. 11, jun. 2020. DOI: <https://doi.org/10.3389/fgene.2020.00447>. Disponível em: <https://www.frontiersin.org/article/10.3389/fgene.2020.00447/full>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

PEGORARO, Camila; DA ROSA FARIAS, Daniel; DE OLIVEIRA, Antonio Costa. *Oryza glumaepatula* Steud. In: Mondal, T., Henry, R. (eds) **The Wild Oryza Genomes. Compendium of Plant Genomes**. Springer, Cham., 2018. p. 127-135.

PESSOA, Luiz Guilherme Medeiros *et al.* Assessment of soil salinity status under different land-use conditions in the semiarid region of Northeastern Brazil. **Ecological Indicators**, [s. l.], v. 141, p. 109139, ago. 2022. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2022.109139>. Disponível em: <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S1470160X22006112>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

PIEPHO, H. P. *et al.* BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. **Euphytica**, [s. l.], v. 161, p. 209–228, maio 2008. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10681-007-9449-8>. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s10681-007-9449-8>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

PONCE, Kimberly *et al.* Genome-Wide Association Study of Grain Size Traits in Indica Rice Multiparent Advanced Generation Intercross (MAGIC) Population. **Frontiers in Plant Science**, [s. l.], v. 11, p. 1–12, 2020. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2020.00395>. Disponível em: <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fpls.2020.00395/full>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

PRADHAN, Sharat Kumar *et al.* Population structure, genetic diversity and molecular marker-trait association analysis for high temperature stress tolerance in rice. **PLoS ONE**, [s. l.], v. 11, n. 8, ago. 2016. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0160027>. Disponível em: <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0160027>. Acesso em: 18 de jan. 2024.

PRADHAN, Sharat Kumar *et al.* Association mapping reveals multiple QTLs for grain protein content in rice useful for biofortification. **Molecular Genetics and Genomics**, [s. l.], v. 294, n. 4, p. 963–983, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00438-019-01556-w>. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s00438-019-01556-w>.

Acesso em: 19 de jan. 2024.

PRITCHARD, Jonathan K.; ROSENBERG, Noah A. Use of unlinked genetic markers to detect population stratification in association studies. **American Journal of Human Genetics**, [s. l.], v. 65, n. 1, p. 220–228, jul. 1999. DOI: <https://doi.org/10.1086/302449>. Disponível em: [https://www.cell.com/ajhg/fulltext/S0002-9297\(07\)63746-X](https://www.cell.com/ajhg/fulltext/S0002-9297(07)63746-X). Acesso em: 19 de jan. 2024.

PRITCHARD, Jonathan K.; STEPHENS, Matthew; DONNELLY, Peter. Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data. **Genetics**, [s. l.], v. 155, n. 2, p. 945–959, jun. 2000. DOI: <https://doi.org/10.1093/genetics/155.2.945>. Disponível em: <https://academic.oup.com/genetics/article/155/2/945/6048111>. Acesso em: 19 de jan. 2024.

PURCELL, Shaun *et al.* PLINK: A tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. **American Journal of Human Genetics**, [s. l.], v. 81, n. 3, p. 559–575, set. 2007. DOI: <https://doi.org/10.1086/519795>. Disponível em: [https://www.cell.com/ajhg/fulltext/S0002-9297\(07\)61352-4](https://www.cell.com/ajhg/fulltext/S0002-9297(07)61352-4). Acesso em: 19 de jan. 2024.

PUVANITHA, Santhalingam; MAHENDRAN, Sivaguru. Effect of Salinity on Plant Height, Shoot and Root Dry Weight of Selected Rice Cultivars. **Scholars Journal of Agriculture and Veterinary Sciences**, [s. l.], v. 4, n. 4, p. 126–131, abr. 2017. DOI: <https://doi.org/10.13140/RG.2.2.10540.72322>. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/327344804_Effect_of_Salinity_on_Plant_Height_Shoot_and_Root_Dry_Weight_of_Selected_Rice_Cultivars. Acesso em: 19 de jan. 2024.

QIN, Hua; LI, Yuxiang; HUANG, Rongfeng. Advances and Challenges in the Breeding of Salt-Tolerant Rice. **International Journal of Molecular Sciences**, [s. l.], v. 21, n. 21, p. 8385, nov. 2020. DOI: <https://doi.org/10.3390/ijms21218385>. Disponível em: <https://www.mdpi.com/1422-0067/21/21/8385>. Acesso em: 19 de jan. 2024.

QUELLER, David C.; GOODNIGHT, Keith F. Estimating Relatedness Using Genetic Markers. **Evolution**, [s. l.], v. 43, n. 2, p. 258–275, 1989. DOI: <https://doi.org/10.2307/2409206>. Disponível em: <https://www.jstor.org/stable/2409206?origin=crossref>. Acesso em: 19 de jan. 2024.

RAHMAN, Mohammad Mahbubur; CONNOR, Jeffery D. The effect of high-yielding variety on rice yield, farm income and household nutrition: evidence from rural Bangladesh. **Agriculture & Food Security**, [s. l.], v. 11, p. 35, maio 2022. DOI: <https://doi.org/10.1186/s40066-022-00365-6>. Disponível em: <https://agricultureandfoodsecurity.biomedcentral.com/articles/10.1186/s40066-022-00365-6>. Acesso em: 19 de jan. 2024.

RAINA, Aamir *et al.* Gamma Rays and Sodium Azide Induced Genetic Variability in High-Yielding and Biofortified Mutant Lines in Cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.]. **Frontiers in Plant Science**, [s. l.], v. 13, jun. 2022. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.911049>. Disponível em: <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fpls.2022.911049/full>. Acesso em: 19 de

jan. 2024.

RAJJOU, Loïc *et al.* Seed Germination and Vigor. **Annual Review of Plant Biology**, [s. l.], v. 63, p. 507–533, jun. 2012. DOI: <https://doi.org/10.1146/annurev-arplant-042811-105550>. Disponível em: <https://www.annualreviews.org/doi/10.1146/annurev-arplant-042811-105550>. Acesso em: 19 de jan. 2024.

RAO, P. Surekha *et al.* Reproductive stage tolerance to salinity and alkalinity stresses in rice genotypes. **Plant Breeding**, [s. l.], v. 127, n. 3, p. 256–261, fev. 2008. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1439-0523.2007.01455.x>. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1111/j.1439-0523.2007.01455.x>. Acesso em: 19 de jan. 2024.

RASHID, M.; HASSAN, L.; BEGUM, S. Phenotypic performance of rice landraces under salinity stress in reproductive stage. **Progressive Agriculture**, [s. l.], v. 28, n. 1, p. 1–6, 2017. DOI: <https://doi.org/10.3329/pa.v28i1.32850>. Disponível em: <https://www.banglajol.info/index.php/PA/article/view/32850>. Acesso em: 19 de jan. 2024.

RATURI, Dhananjay *et al.* Overview of developed core and mini core collections and their effective utilization in cultivated rice and its related species (*Oryza* sp.)—A review. **Plant Breeding**, [s. l.], v. 141, n. 4, p. 501–512, maio 2022. DOI: <https://doi.org/10.1111/pbr.13029>. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/pbr.13029>. Acesso em: 19 de jan. 2024.

RAZZAQUE, Md abdur *et al.* The effect of salinity on morphological characteristics of seven rice (*Oryza sativa*) genotypes differing in salt tolerance. *Pakistan Journal of Biological Sciences*, [s. l.], v. 12, n. 5, p. 406–412, mar. 2009. DOI: <https://doi.org/10.3923/pjbs.2009.406.412>. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/19579979/>. Acesso em: 19 de jan. 2024.

RAZZAQUE, Samsad *et al.* Reproductive stage physiological and transcriptional responses to salinity stress in reciprocal populations derived from tolerant (Horkuch) and susceptible (IR29) rice. **Scientific Reports**, [s. l.], v. 7, n. 1, p. 46138, abr. 2017. DOI: <https://doi.org/10.1038/srep46138>. Disponível em: <http://www.nature.com/articles/srep46138>. Acesso em: 19 de jan. 2024.

REIG-VALIENTE, Juan L. *et al.* Genetic Diversity and Population Structure of Rice Varieties Cultivated in Temperate Regions. **Rice**, [s. l.], v. 9, n. 1, p. 58, out. 2016. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12284-016-0130-5>. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1186/s12284-016-0130-5>. Acesso em: 19 de jan. 2024.

REIG-VALIENTE, Juan L. *et al.* Genome-wide association study of agronomic traits in rice cultivated in temperate regions 06 Biological Sciences 0604 Genetics. **BMC Genomics**, [s. l.], v. 19, n. 1, p. 706, set. 2018. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12864-018-5086-y>. Disponível em: <https://bmcbgenomics.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12864-018-5086-y>. Acesso em: 19 de jan. 2024.

REN, Deyong; DING, Chaoqing; QIAN, Qian. Molecular bases of rice grain size and

quality for optimized productivity. **Science Bulletin**, [s. l.], v.68, n. 3, fev. 2023. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.scib.2023.01.026>. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2095927323000427?via%3Dihub>. Acesso em: 19 de jan. 2024.

REZA AMIRJANI, Mohammad. Effect of Salinity Stress on Growth, Sugar Content, Pigments and Enzyme Activity of Rice. **International Journal of Botany**, [s. n.], v. 7, n.1, p. 73-81, 2011. DOI: <https://doi.org/10.3923/ijb.2011.73.81> Disponível em: <http://docsdrive.com/pdfs/ansinet/ijb/2011/73-81.pdf>. Acesso em: 19 de jan. 2024.

RIAZ, Muhammad *et al.* A Comprehensive Review on Rice Responses and Tolerance to Salt Stress. In: HASANUZZAMAN; Mirza *et al.* (org.). **Advances in rice research for abiotic stress tolerance**. Elsevier, 2019. p. 133–158. *E-book*. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1016/B978-0-12-814332-2.00007-1>. Acesso em: 19 de jan. 2024.

ROSSATTO, Tatiana *et al.* Cross-stress memory: Salt priming at vegetative growth stages improves tolerance to drought stress during grain-filling in rice plants. **Environmental and Experimental Botany**, [s. l.], v. 206, fev. 2023. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.envexpbot.2022.105187>. Disponível em: <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S0098847222004099>. Acesso em: 19 de jan. 2024.

RStudio. R Core Team. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, 2020.

RUAN, Bampu *et al.* Natural variation in the promoter of *TGW2* determines grain width and weight in rice. **New Phytologist**, [s. l.], v. 227, n. 2, p. 629–640, mar. 2020. DOI: <https://doi.org/10.1111/nph.16540>. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/nph.16540>. Acesso em: 19 de jan. 2024.

SAFDAR, Luqman Bin *et al.* Genome-Wide Association Study and QTL Meta-Analysis Identified Novel Genomic Loci Controlling Potassium Use Efficiency and Agronomic Traits in Bread Wheat. **Frontiers in Plant Science**, [s. l.], v. 11, fev. 2020. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2020.00070>. Disponível em: <https://www.frontiersin.org/article/10.3389/fpls.2020.00070/full>. Acesso em: 19 de jan. 2024.

SAH, Rameswar Prasad *et al.* *cgSSR* marker-based genome-wide association study identified genomic regions for panicle characters and yield in rice (*Oryza sativa* L.). **Journal of the Science of Food and Agriculture**, [s. l.], v. 103, n. 2, p. 720-728, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1002/jsfa.12183>. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/36054367/>. Acesso em: 19 de jan. 2024.

SAHAB, Sinha *et al.* Potential risk assessment of soil salinity to agroecosystem sustainability: Current status and management strategies. **Science of The Total Environment**, [s. l.], v. 764, p. 144164, abr. 2021. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2020.144164>. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2020.144164>. Acesso em: 19 de jan. 2024.

SAIDY, Alieu; ARSLAN, Hakan. Effects of Irrigation Water Salinity and Water Depth

On Growth and Yield Parameters of NERICA Rice (*Oryza sativa* L. × *Oryza glaberrima* L.). **Gesunde Pflanzen**, [s. l.], v. 74, n. 2, p. 275–289, jun. 2022. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10343-021-00607-w>. Disponível em: <https://link.springer.com/10.1007/s10343-021-00607-w>. Acesso em: 19 de jan. 2024.

SAKAMOTO, Tomoaki; MATSUOKA, Makoto. Identifying and exploiting grain yield genes in rice. **Current Opinion in Plant Biology**, [s. l.], v. 11, n. 2, p. 209–214, abr. 2008. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.pbi.2008.01.009>. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S1369526608000265>. Acesso em: 19 de jan. 2024.

SAKAMOTO, Tomoaki; INUKAI, Yoshiaki. Characterization of a *Tos17* Insertion Mutant of Rice Auxin Signal Transcription Factor Gene, *OsARF24*. **American Journal of Plant Sciences**, [s. l.], v. 04, n. 01, p. 84–91, jan. 2013. DOI: <https://doi.org/10.4236/ajps.2013.41013>. Disponível em: <http://www.scirp.org/journal/doi.aspx?DOI=10.4236/ajps.2013.41013>. Acesso em: 19 de jan. 2024.

SAKRAN, Raghdha M. *et al.* Molecular Genetic Diversity and Combining Ability for Some Physiological and Agronomic Traits in Rice under Well-Watered and Water-Deficit Conditions. **Plants**, [s. l.], v. 11, n. 5, p. 702, mar. 2022. DOI: <https://doi.org/10.3390/plants11050702>. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2223-7747/11/5/702>. Acesso em: 19 de jan. 2024.

SANTOS, Alberto Baeta. dos. **Arroz: Sistema de cultivo**. out. 2021. Disponível em: <https://www.embrapa.br/en/agencia-de-informacao-tecnologica/cultivos/arroz/producao/sistema-de-cultivo#:~:text=O%20sistema%20de%20cultivo%20de,da%20irriga%C3%A7%C3%A3o%20de%20forma%20suplementar>. Acesso em: 19 de jan. 2024.

SARIF, Hamidah Mohd *et al.* Genetic diversity and variability among pigmented rice germplasm using molecular marker and morphological traits. **Biotechnology & Biotechnological Equipment**, [s. l.], v. 34, n. 1, p. 747–762, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1080/13102818.2020.1804451>. Disponível em: <https://www.tandfonline.com/doi/full/10.1080/13102818.2020.1804451>. Acesso em: 19 de jan. 2024.

SAS - Software de Analytics & Soluções, 2023. Disponível em: https://www.sas.com/pt_br/home.html.

SATRIO, Rizky Dwi *et al.* Mapping and identification of QTL for agro-physiological traits in rice (*Oryza sativa* L.) under drought stress. **Plant Gene**, [s. l.], v. 33, n. p. 100397, mar. 2023. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.plgene.2022.100397>. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S2352407322000476?via%3Di%3Dhub>. Acesso em: 19 de jan. 2024.

SCHIOCCHET, Moacir Antonio *et al.* SCS118 Marques - New rice cultivar obtained through induced mutation. **Crop Breeding and Applied Biotechnology (Online)**, v. 14, p. 68-70, mar. 2014. DOI: <https://doi.org/10.1590/S1984-70332014000100012>. Disponível em:

<https://www.scielo.br/j/cbab/a/kDb35wGj8wFz5SWfgPbMn6m/abstract/?lang=en#>. Acesso em: 20 de março de 2024.

SCHIOCCHET, Moacir Antonio *et al.* SCS121 CL: Rice cultivar resistant to herbicides of imidazolinone chemical group. **Crop Breeding and Applied Biotechnology (Online)**, v. 15, p. 282-284, dez. 2015. DOI: <https://doi.org/10.1590/1984-70332015v15n4c47>. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/cbab/a/xcP6kYFCD4F5BKvtBcvkxkt/?lang=en#>. Acesso em: 20 de março de 2024.

SCHMIDT, Fabiana; FILHO, Leandro Otávio Vieira. Tolerância de cultivares de arroz da Epagri à salinidade da água de irrigação na fase vegetativa. **Agropecuária catarinense**, v.30, n.1, p.89-95, jan./abr. 2017. Disponível em: <https://publicacoes.epagri.sc.gov.br/rac/article/view/40/116>. Acesso em: 19 de março de 2024.

SHARMA, D. K.; SINGH, Anshuman. Salinity research in india-achievements, challenges and future prospects. **Water and Energy International**, [s. l.], v.58, n. 6, p. 35–45, set. 2015. Disponível em: <http://www.indianjournals.com/ijor.aspx?target=ijor:wei&volume=58&issue=6&article=007&type=pdf>. Acesso em: 19 de jan. 2024.

SHEREEN, Aisha *et al.* Salinity induced metabolic changes in rice (*oryza sativa* L.) seeds during germination. **Pakistan Journal of Botany**, [s. l.], v. 43, n. 3, p. 1659–1661, 2011. Disponível em: [https://www.pakbs.org/pjbot/PDFs/43\(3\)/PJB43\(3\)1659.pdf](https://www.pakbs.org/pjbot/PDFs/43(3)/PJB43(3)1659.pdf). Acesso em: 19 de jan. 2024.

SHIM, Yejin *et al.* Rice DNA-Binding One Zinc Finger 24 (*OsDOF24*) Delays Leaf Senescence in a Jasmonate-Mediated Pathway. **Plant and Cell Physiology**, [s. l.], v. 60, n. 9, p. 2065–2076, maio 2019. DOI: <https://doi.org/10.1093/pcp/pcz105>. Disponível em: <https://academic.oup.com/pcp/article/60/9/2065/5499180>. Acesso em: 19 de jan. 2024.

SI, Lizhen *et al.* *OsSPL13* controls grain size in cultivated rice. **Nature Genetics**, [s. l.], v. 48, n. 4, p. 447–456, mar. 2016. DOI: <https://doi.org/10.1038/ng.3518>. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/ng.3518>. Acesso em: 19 de jan. 2024.

SILVA, Osmira Fátima da; WANDER, Alcido Elenor. Estatística de produção. **Cultivo do arroz**. Disponível em: <https://www.embrapa.br/en/agencia-de-informacao-tecnologica/cultivos/arroz/pre-producao/socioeconomia/estatistica-de-producao>. Acesso em: 19 de março de 2024.

SINGH, Rakesh Kumar; KOTA, Suneetha; FLOWERS, Timothy J. Salt tolerance in rice: seedling and reproductive stage QTL mapping come of age. **Theoretical and Applied Genetics**, [s. l.], v. 134, p. 3495–3533, jul. 2021. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00122-021-03890-3>. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s00122-021-03890-3>. Acesso em: 19 de jan. 2024.

SIRAULT, Xavier R. R.; JAMES, Richrd A.; FURBANK, Robert T. A new screening method for osmotic component of salinity tolerance in cereals using infrared thermography. **Functional Plant Biology**, [s. l.], v. 36, n. 11, p. 970-977, nov. 2009. DOI: <https://doi.org/10.1071/FP09182>. Disponível em: <http://www.publish.csiro.au/?paper=FP09182>. Acesso em: 19 de jan. 2024.

SITOE, Hélder Manuel *et al.* Detection of QTLs for Plant Height Architecture Traits in Rice (*Oryza sativa* L.) by Association Mapping and the RSTEP-LRT Method. **Plants**, [s. l.], v. 11, n. 7, abr. 2022. DOI: <https://doi.org/10.3390/plants11070999> Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/35406978/>. Acesso em: 19 de jan. 2024.

SOLIS, Celymar A. *et al.* Back to the Wild: On a Quest for Donors Toward Salinity Tolerant Rice. **Frontiers in Plant Science**, [s. l.], v. 11, p. 1–14, mar. 2020. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2020.00323>. Disponível em: <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fpls.2020.00323/full>. Acesso em: 19 de jan. 2024.

SONG, Peng *et al.* High-throughput phenotyping: Breaking through the bottleneck in future crop breeding. **The Crop Journal**, [s. l.], v. 9, n. 3, p. 633–645, jun. 2021. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cj.2021.03.015>. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2214514121000829?via%3Dihub>. Acesso em: 19 de jan. 2024.

SONG, Xian-Jun *et al.* A QTL for rice grain width and weight encodes a previously unknown RING-type E3 ubiquitin ligase. **Nature Genetics**, [s. l.], v. 39, n. 5, p. 623–630, abr. 2007. DOI: <https://doi.org/10.1038/ng2014>. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/ng2014>. Acesso em: 19 de jan. 2024.

SOSBAI. Arroz Irrigado - Recomendações técnicas da pesquisa para o Sul do Brasil. **XXIX Reunião Técnica da Cultura do Arroz Irrigado**, Cachoeirinha-RS, 2018. p. 205. Disponível em: <https://irga.rs.gov.br/upload/arquivos/201812/06085952-recomendacoes-tecnicas-sosbai.pdf>.

STEIN, Joshua C. *et al.* Genomes of 13 domesticated and wild rice relatives highlight genetic conservation, turnover and innovation across the genus *Oryza*. **Nature Genetics**, [s. l.], v. 50, n. 2, p. 285–296, jan. 2018. DOI: <http://dx.doi.org/10.1038/s41588-018-0040-0>. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/s41588-018-0040-0>. Acesso em: 19 de jan. 2024.

STRECK, Edemar Valdir *et al.* **Solos do Rio Grande do Sul**. 3. ed. Porto Alegre, 2018.

SULTANA, Tania *et al.* Performance evaluation of two rice varieties under different levels of NaCl salinity stress. **BANGLADESH RESEARCH PUBLICATIONS JOURNAL**, [s. l.], v. 10, n. 2, p. 186–195, 2014. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/336835751_PERFORMANCE_EVALUATION_OF_TWO_RICE_VARIETIES_UNDER_DIFFERENT_LEVELS_OF_NaCl_SALINITY_STRESS. Acesso em: 18 de jan. 2024.

SUN, Pingyong *et al.* *OsGRF4* controls grain shape, panicle length and seed shattering in rice. **Journal of Integrative Plant Biology**, [s. l.], v. 58, n. 10, p. 836–847, out.

2016. DOI: <http://dx.doi.org/10.1111/jipb.12473>. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5089622/>. Acesso em: 19 de jan. 2024.

SUVI, William Titus *et al.* Assessment of the genetic diversity and population structure of rice genotypes using SSR markers. **Acta Agriculturae Scandinavica Section B: Soil and Plant Science**, [s. l.], v. 70, n. 1, p. 76–86, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1080/09064710.2019.1670859>. Disponível em: <https://www.tandfonline.com/doi/full/10.1080/09064710.2019.1670859>. Acesso em: 19 de jan. 2024.

SZÉKELY, Árpád *et al.* Salinity Tolerance Characteristics of Marginally Located Rice Varieties in the Northernmost Rice-Growing Area in Europe. **Agronomy**, [s. l.], v. 12, n. 3, mar. 2022. DOI: <https://doi.org/10.3390/agronomy12030652>. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2073-4395/12/3/652>. Acesso em: 19 de jan. 2024.

TA, Kim Nhung *et al.* A genome-wide association study using a Vietnamese landrace panel of rice (*Oryza sativa*) reveals new QTLs controlling panicle morphological traits. **BMC Plant Biology**, [s. l.], v. 18, n. 1, p. 1–15, nov. 2018. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12870-018-1504-1>. Disponível em: <https://bmcpplantbiol.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12870-018-1504-1>. Acesso em: 19 de jan. 2024.

TABANAO, Dindo A. *et al.* Genetic diversity and population structure in a rice drought stress panel. **Plant Genetic Resources**, [s. l.], v. 13, n. 3, p. 195–205, 2015. DOI: <https://doi.org/10.1017/S1479262114000884>. Disponível em: https://www.cambridge.org/core/product/identifier/S1479262114000884/type/journal_article. Acesso em: 19 de jan. 2024.

TABASSUM, Raisa *et al.* Screening salt-tolerant rice at the seedling and reproductive stages: An effective and reliable approach. **Environmental and Experimental Botany**, [s. l.], v. 192, p. 104629, dez. 2021. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.envexpbot.2021.104629>. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0098847221002598?via%3Di> hub. Acesso em: 19 de jan. 2024.

TANG, ZHIXIN *et al.* A Strategy for the Acquisition and Analysis of Image-Based Phenome in Rice during the Whole Growth Period. **Plant Phenomics**, [s. l.], v. 5, jun. 2023. DOI: <https://doi.org/10.34133/plantphenomics.0058>. Disponível em: <https://spj.science.org/doi/10.34133/plantphenomics.0058>. Acesso em: 19 de jan. 2024.

THAPA, Ranjita; TABIEN, Rodante E.; SEPTININGSIH, Endang M. Genome-wide association study to identify chromosomal regions related to panicle architecture in rice (*Oryza sativa*). **Genetic Resources and Crop Evolution**, [s. l.], v. 68, n. 7, p. 2849–2865, mar. 2021. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10722-021-01159-8>. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s10722-021-01159-8>. Acesso em: 19 de jan. 2024.

THOMSON, Michael J. *et al.* Large-scale deployment of a rice 6 K SNP array for genetics and breeding applications. **Rice**, [s. l.], v. 10, n. 1, p. 40, ago. 2017. DOI:

<https://doi.org/10.1186/s12284-017-0181-2>. Disponível em: <https://thericejournal.springeropen.com/articles/10.1186/s12284-017-0181-2>. Acesso em: 19 de jan. 2024.

TOMAR, Surabhi *et al.* Genetic Conservation of CBS Domain Containing Protein Family in *Oryza* Species and Their Association with Abiotic Stress Responses. **International Journal of Molecular Sciences**, [s. l.], v. 23, n. 3, fev. 2022. DOI: <https://doi.org/10.3390/ijms23031687>. Disponível em: <https://www.mdpi.com/1422-0067/23/3/1687>. Acesso em: 19 de jan. 2024.

TSENG, Kuan-Chieh *et al.* EXPath 2.0: An Updated Database for Integrating High-Throughput Gene Expression Data with Biological Pathways. **Plant and Cell Physiology**, [s. l.], v. 61, n. 10, p. 1818–1827, out. 2020. DOI: <https://doi.org/10.1093/pcp/pcaa115>. Disponível em: <https://academic.oup.com/pcp/article/61/10/1818/5902840>. Acesso em: 19 de jan. 2024.

TSUGAMA, Daisuke; LIU, Shenkui; TAKANO, Tetsuo. Stage- and tissue-specific expression of rice *Os/su1* gene encoding a scaffold protein for mitochondrial iron–sulfur-cluster biogenesis. **Biotechnology Letters**, [s. l.], v. 31, n. 8, p. 1305–1310, abr. 2009. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10529-009-0004-7>. Disponível em: <http://link.springer.com/10.1007/s10529-009-0004-7>. Acesso em: 19 de jan. 2024.

UEDA, Yoshiaki *et al.* Genetic dissection of ozone tolerance in rice (*Oryza sativa* L.) by a genome-wide association study. **Journal of Experimental Botany**, [s. l.], v. 66, n. 1, p. 293–306, 2015. DOI: <https://doi.org/10.1093/jxb/eru419>. Disponível em: <https://academic.oup.com/jxb/article-lookup/doi/10.1093/jxb/eru419>. Acesso em: 19 de jan. 2024.

UPADHYAY, Priti *et al.* Population Structure and Genetic Diversity in Popular Rice Varieties of India as Evidenced from SSR Analysis. **Biochemical Genetics**, [s. l.], v. 50, n. 9–10, p. 770–783, jun. 2012. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10528-012-9519-z>. Disponível em: <http://link.springer.com/10.1007/s10528-012-9519-z>. Acesso em: 19 de jan. 2024.

USDA. **World Agricultural Production**. [S. l.], 2023. Disponível em: <https://apps.fas.usda.gov/psdonline/circulars/production.pdf>. Acesso em: 19 de jan. 2024.

VENSKE, Eduardo *et al.* Genetic diversity, linkage disequilibrium, and population structure in a panel of Brazilian rice accessions. **Journal of Applied Genetics**, [s. l.], v. 60, n. 1, p. 27–31, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1007/s13353-018-0475-0>. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s13353-018-0475-0>. Acesso em: 19 de jan. 2024.

VERMA, Rahul K. *et al.* GWAS to spot candidate genes associated with grain quality traits in diverse rice accessions of North East India. **Molecular Biology Reports**, [s. l.], v. 49, n. 6, p. 5365–5377, fev. 2022. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11033-021-07113-2>. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s11033-021-07113-2>. Acesso em: 19 de jan. 2024.

VIANA, Vívian Ebeling *et al.* Mutagenesis in Rice: The Basis for Breeding a New Super Plant. **Frontiers in Plant Science**, [s. l.], v. 10, 1–28, nov. 2019. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2019.01326>. Disponível em: <https://www.frontiersin.org/article/10.3389/fpls.2019.01326/full>. Acesso em: 20 de jan. 2024.

VIJ, Shubha *et al.* The Receptor-Like Cytoplasmic Kinase (*OsRLCK*) Gene Family in Rice: Organization, Phylogenetic Relationship, and Expression during Development and Stress. **Molecular Plant**, [s. l.], v. 1, n. 5, p. 732–750, set. 2008. DOI: <https://doi.org/10.1093/mp/ssn047>. Disponível em: <https://dx.doi.org/10.1093/mp/ssn047>. Acesso em: 20 de jan. 2024.

VOS, Peter G. *et al.* Evaluation of LD decay and various LD-decay estimators in simulated and SNP-array data of tetraploid potato. **Theoretical and Applied Genetics**, [s. l.], v. 130, p. 123–135, jan. 2017. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00122-016-2798-8>. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s00122-016-2798-8>. Acesso em: 20 de jan. 2024.

VU, Tien Van *et al.* Genome editing and beyond: what does it mean for the future of plant breeding?. **Planta**, [s. l.], v. 255, p. 130, maio 2022. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00425-022-03906-2>. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s00425-022-03906-2>. Acesso em: 20 de jan. 2024.

WANG, Dong *et al.* Genome-wide analysis of CCCH zinc finger family in Arabidopsis and rice. **BMC Genomics**, [s. l.], v. 9, n. 1, p. 44, jan. 2008a. DOI: <https://doi.org/10.1186/1471-2164-9-44>. Disponível em: <https://bmcbgenomics.biomedcentral.com/articles/10.1186/1471-2164-9-44>. Acesso em: 20 de jan. 2024.

WANG, Ertao *et al.* Control of rice grain-filling and yield by a gene with a potential signature of domestication. **Nature Genetics**, [s. l.], v. 40, n. 11, p. 1370–1374, set. 2008b. DOI: <https://doi.org/10.1038/ng.220>. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/ng.220>. Acesso em: 20 de jan. 2024.

WANG, Jinliang. coancestry: a program for simulating, estimating and analysing relatedness and inbreeding coefficients. **Molecular Ecology Resources**, [s. l.], v. 11, n. 1, p. 141–145, 2011. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2010.02885.x>. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/j.1755-0998.2010.02885.x>. Acesso em: 20 de jan. 2024.

WANG, Shaokui *et al.* Control of grain size, shape and quality by *OsSPL16* in rice. **Nature Genetics**, [s. l.], v. 44, n. 8, p. 950–954, jun. 2012. DOI: <https://doi.org/10.1038/ng.2327>. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1038/ng.2327>. Acesso em: 20 de jan. 2024.

WANG, Xiao-Qiang; KWON, Soon-Wook; PARK, Yong-Jing. Evaluation of genetic diversity and linkage disequilibrium in Korean-bred rice varieties using SSR markers. **Electronic Journal of Biotechnology**, [s. l.], v. 16, n. 5, set. 2013. DOI:

<https://doi.org/10.2225/vol16-issue5-fulltext-6>. Disponível em: <http://www.ejbiotechnology.info/index.php/ejbiotechnology/article/view/1282>. Acesso em: 20 de jan. 2024.

WANG, C.-H. *et al.* Genetic diversity and classification of *Oryza sativa* with emphasis on Chinese rice germplasm. **Heredity**, [s. l.], v. 112, n. 5, p. 489–496, maio 2014. DOI: <https://doi.org/10.1038/hdy.2013.130>. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/hdy2013130>. Acesso em: 20 de jan. 2024.

WANG, Qin *et al.* Advances in genome-wide association studies of complex traits in rice. **Theoretical and Applied Genetics**, [s. l.], v. 133, n. 5, p. 1415–1425, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00122-019-03473-3>. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s00122-019-03473-3>. Acesso em: 20 de jan. 2024.

WANG, Nansheng *et al.* Genome-Wide Association Study of Rice Grain Shape and Chalkiness in a Worldwide Collection of Xian Accessions. **Plants**, [s. l.], v. 12, n. 3, p. 419, jan. 2023. DOI: <https://doi.org/10.3390/plants12030419>. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2223-7747/12/3/419>. Acesso em: 20 de jan. 2024.

WEI, Zhaoran *et al.* Linkage analysis, GWAS, transcriptome analysis to identify candidate genes for rice seedlings in response to high temperature stress. **BMC Plant Biology**, [s. l.], v. 21, n. 1, p. 1–13, fev. 2021. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12870-021-02857-2>. Disponível em: <https://bmcpplantbiol.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12870-021-02857-2>. Acesso em: 20 de jan. 2024.

WIN, Khin Thanda *et al.* A single base change explains the independent origin of and selection for the nonshattering gene in African rice domestication. **New Phytologist**, [s. l.], v. 213, n. 4, p. 1925–1935, 2017. DOI: <https://doi.org/10.1111/nph.14290>. Disponível em: <https://nph.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/nph.14290>. Acesso em: 20 de jan. 2024.

WOLNY, Elzbieta *et al.* Germination and the Early Stages of Seedling Development in *Brachypodium distachyon*. **International Journal of Molecular Sciences**, [s. l.], v. 19, n. 10, p. 2916, set. 2018. DOI: <https://doi.org/10.3390/ijms19102916>. Disponível em: <https://www.mdpi.com/1422-0067/19/10/2916>. Acesso em: 20 de jan. 2024.

WONDIMU, Zeleke *et al.* Genome-wide association study reveals genomic loci influencing agronomic traits in Ethiopian sorghum (*Sorghum bicolor* (L.) Moench) landraces. **Molecular Breeding**, [s. l.], v. 43, n. 5, p. 1–15, abr. 2023. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11032-023-01381-5>. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s11032-023-01381-5>. Acesso em: 20 de jan. 2024.

XIA, Kuaifei *et al.* *OsTIR1* and *OsAFB2* Downregulation via *OsmiR393* Overexpression Leads to More Tillers, Early Flowering and Less Tolerance to Salt and Drought in Rice. **PLoS ONE**, [s. l.], v. 7, n. 1, p. e30039, 2012. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0030039>. Disponível em: <https://dx.plos.org/10.1371/journal.pone.0030039>. Acesso em: 20 de jan. 2024.

XING, Yongzhong; ZHANG, Qifa. Genetic and Molecular Bases of Rice Yield. **Annual Review of Plant Biology**, [s. l.], v. 61, n. 1, p. 421–442, jun. 2010. DOI: <https://doi.org/10.1146/annurev-arplant-042809-112209>. Disponível em: <https://www.annualreviews.org/doi/10.1146/annurev-arplant-042809-112209>. Acesso em: 20 de jan. 2024.

XU, Zuopeng *et al.* Characterization of *qPL5*: a novel quantitative trait locus (QTL) that controls panicle length in rice (*Oryza sativa* L.). **Molecular Breeding**, [s. l.], v. 42, n. 11, p. 1–12, nov. 2022. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11032-022-01339-z>. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s11032-022-01339-z>. Acesso em: 20 de jan. 2024.

YADAV, Shiv Poojan *et al.* Impact of salt stress on growth, productivity and physicochemical properties of plants: A Review **International Journal of Chemical Studies**, [s. l.], v. 7, n. 2, p. 1793–1798, 2019. Disponível em: <https://www.researchgate.net/publication/332605054>. Acesso em: 20 de jan. 2024.

YAMASAKI, Masanori; IDETA, Osamu. Population structure in Japanese rice population. **Breeding Science**, [s. l.], v. 63, n. 1, p. 49–57, 2013. DOI: <https://doi.org/10.1270/jsbbs.63.49>. Disponível em: https://www.jstage.jst.go.jp/article/jsbbs/63/1/63_49/_article. Acesso em: 20 de jan. 2024.

YAN, Peiwen *et al.* A New RING Finger Protein, *PLANT ARCHITECTURE* and *GRAIN NUMBER 1*, Affects Plant Architecture and Grain Yield in Rice. **International Journal of Molecular Sciences**, [s. l.], v. 23, n. 2, p. 824, 2022. DOI: <https://doi.org/10.3390/ijms23020824>. Disponível em: <https://www.mdpi.com/1422-0067/23/2/824>. Acesso em: 20 de jan. 2024.

YANG, Yingxue *et al.* Identifying candidate genes and patterns of heat-stress response in rice using a genome-wide association study and transcriptome analyses. **Crop Journal**, [s. l.], v. 10, n. 6, p. 1633–1643, dez. 2022. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cj.2022.02.011>. Disponível em: <https://sciencedirect.com/science/article/pii/S2214514122000630?via%3Dihub>. Acesso em: 20 de jan. 2024.

YANO, Kenji *et al.* Genome-wide association study using whole-genome sequencing rapidly identifies new genes influencing agronomic traits in rice. **Nature Genetics**, [s. l.], v. 48, n. 8, p. 927–934, ago. 2016. DOI: <https://doi.org/10.1038/ng.3596>. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/ng.3596>. Acesso em: 20 de jan. 2024.

YIN, Wenchao *et al.* *ARGONAUTE2* Enhances Grain Length and Salt Tolerance by Activating *BIG GRAIN3* to Modulate Cytokinin Distribution in Rice. **The Plant Cell**, [s. l.], v. 32, n. 7, p. 2292–2306, maio 2020. DOI: <https://doi.org/10.1105/tpc.19.00542>. Disponível em: <https://academic.oup.com/plcell/article/32/7/2292-2306/6115683>. Acesso em: 20 de jan. 2024.

YU, Hang *et al.* Genomics Analyses Reveal Unique Classification, Population Structure and Novel Allele of Neo-Tetraploid Rice. **Rice**, [s. l.], v. 14, n. 1, fev. 2021.

DOI: <https://doi.org/10.1186/s12284-021-00459-y>. Disponível em: <https://thericejournal.springeropen.com/articles/10.1186/s12284-021-00459-y>. Acesso em: 20 de jan. 2024.

YUAN, Jie *et al.* Genetic basis and identification of candidate genes for salt tolerance in rice by GWAS. **Scientific Reports**, [s. l.], v. 10, n. 1, p. 1–9, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-020-66604-7>. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/s41598-020-66604-7>. Acesso em: 20 de jan. 2024.

ZENG, Dali *et al.* Rational design of high-yield and superior-quality rice. **Nature Plants**, [s. l.], v. 3, n. 4, p. 17031, mar. 2017. DOI: <https://doi.org/10.1038/nplants.2017.31>. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1038/nplants.2017.31>. Acesso em: 20 de jan. 2024.

ZHAN, Penglin *et al.* Natural variations in *grain length 10* (*GL10*) regulate rice grain size. **Journal of Genetics and Genomics**, [s. l.], v. 49, n. 5, p. 405–413, maio 2022. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.jgg.2022.01.008>. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S1673852722000376?via%3Di> hub. Acesso em: 20 de jan. 2024.

ZHANG, Anning *et al.* Enhanced rice salinity tolerance via CRISPR/Cas9-targeted mutagenesis of the *OsRR22* gene. **Molecular Breeding**, [s. l.], v. 39, n. 3, p. 47, mar. 2019a. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11032-019-0954-y>. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s11032-019-0954-y>. Acesso em: 20 de jan. 2024.

ZHANG, Binglin; YAMAGISHI, Junko. Response of Spikelet Number per Panicle in Rice Cultivars to Three Transplanting Densities. **Plant Production Science**, [s. l.], v. 13, n. 3, p. 279–288, 2010. DOI: <https://doi.org/10.1626/pps.13.279>. Disponível em: <https://www.tandfonline.com/doi/full/10.1626/pps.13.279>. Acesso em: 20 de jan. 2024.

ZHANG, Fan *et al.* Stress-Activated Protein Kinase *OsSAPK9* Regulates Tolerance to Salt Stress and Resistance to Bacterial Blight in Rice. **Rice**, [s. l.], v. 12, n. 1, nov. 2019b. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12284-019-0338-2>. Disponível em: <https://thericejournal.springeropen.com/articles/10.1186/s12284-019-0338-2>. Acesso em: 20 de jan. 2024.

ZHANG, Huichun *et al.* High-throughput phenotyping of plant leaf morphological, physiological, and biochemical traits on multiple scales using optical sensing. **The Crop Journal**, [s. l.], v. 11, n. 5, p. 1303–1318, out. 2023. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cj.2023.04.014>. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2214514123000740?via%3Di> hub. Acesso em: 20 de jan. 2024.

ZHANG, Huiming *et al.* Abiotic stress responses in plants. **Nature Reviews Genetics**, [s. l.], v. 23, n. 2, p. 104–119, fev. 2022a. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41576-021-00413-0>. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/s41576-021-00413-0>. Acesso em: 20 de jan. 2024.

ZHANG, Lin *et al.* Quantitative trait locus analysis and fine mapping of the *qPL6* locus for panicle length in rice. **Theoretical and Applied Genetics**, [s. l.], v. 128, n. 6, p.

1151–1161, mar. 2015. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00122-015-2496-y>. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1007/s00122-015-2496-y>. Acesso em: 20 de jan. 2024.

ZHANG, Peng *et al.* Population structure and genetic diversity in a rice core collection (*Oryza sativa* L.) investigated with SSR markers. **PLoS ONE**, [s. l.], v. 6, n. 12, dez. 2011. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0027565>. Disponível em: <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0027565>. Acesso em: 20 de jan. 2024.

ZHANG, Peng *et al.* Genome-wide association study of important agronomic traits within a core collection of rice (*Oryza sativa* L.). **BMC Plant Biology**, [s. l.], v. 19, n. 1, p. 259, jun. 2019c. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12870-019-1842-7>. Disponível em: <https://bmcpplantbiol.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12870-019-1842-7>. Acesso em: 20 de jan. 2024.

ZHANG, Rui *et al.* Study on the Effect of Salt Stress on Yield and Grain Quality Among Different Rice Varieties. **Frontiers in Plant Science**, [s. l.], v. 13, p. 1–14, maio 2022b. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.918460>. Disponível em: <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fpls.2022.918460/full>. Acesso em: 20 de jan. 2024.

ZHANG, Ting *et al.* VIRESCENT-ALBINO LEAF 1 regulates leaf colour development and cell division in rice. **Journal of Experimental Botany**, [s. l.], v. 69, n. 20, p. 4791–4804, ago. 2018. DOI: <https://doi.org/10.1093/jxb/ery250>. Disponível em: <https://academic.oup.com/jxb/article/69/20/4791/5068403>. Acesso em: 20 de jan. 2024.

ZHANG, Xianwen *et al.* Expression Profile in Rice Panicle: Insights into Heat Response Mechanism at Reproductive Stage. **PLoS ONE**, [s. l.], v. 7, n. 11, nov. 2012. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0049652>. Disponível em: <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0049652>. Acesso em: 22 de jan. 2024.

ZHANG, Weifeng *et al.* Natural Variations at *TIG1* Encoding a TCP Transcription Factor Contribute to Plant Architecture Domestication in Rice. **Molecular Plant**, [s. l.], v. 12, n. 8, p. 1075–1089, abr. 2019d. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.molp.2019.04.005>. Disponível em: [https://www.cell.com/molecular-plant/fulltext/S1674-2052\(19\)30134-0?_returnURL=https%3A%2F%2Flinkinghub.elsevier.com%2Fretrieve%2Fpii%2FS1674205219301340%3Fshowall%3Dtrue](https://www.cell.com/molecular-plant/fulltext/S1674-2052(19)30134-0?_returnURL=https%3A%2F%2Flinkinghub.elsevier.com%2Fretrieve%2Fpii%2FS1674205219301340%3Fshowall%3Dtrue). Acesso em: 20 de jan. 2024.

ZHANG, Wujun *et al.* Lodging Resistance of Japonica Rice (*Oryza Sativa* L.): Morphological and Anatomical Traits due to top-Dressing Nitrogen Application Rates. **Rice**, [s. l.], v. 9, n. 1, p. 31, jul. 2016. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12284-016-0103-8>. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1186/s12284-016-0103-8>. Acesso em: 20 de jan. 2024.

ZHAO, Weiguo *et al.* Analysis of genetic diversity and population structure of rice cultivars from korea, china and japan using SSR markers. **Genes and Genomics**, [s. l.], v. 31, n. 4, p. 283–292, ago. 2009. DOI: <https://doi.org/10.1007/BF03191201>. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/BF03191201>. Acesso em: 20

de jan. 2024.

ZHANG, Yuebai *et al.* Silencing an E3 Ubiquitin Ligase Gene *OsJMJ715* Enhances the Resistance of Rice to a Piercing-Sucking Herbivore by Activating ABA and JA Signaling Pathways. **International Journal of Molecular Sciences**, [s. l.], v. 22, n. 23, p. 13020, 2021. DOI: <https://doi.org/10.3390/ijms222313020>. Disponível em: <https://www.mdpi.com/1422-0067/22/23/13020>. Acesso em: 20 de jan. 2024.

ZHENG, Cheng *et al.* Effect of salinity stress on rice yield and grain quality: A meta-analysis. **European Journal of Agronomy**, [s. l.], v. 144, p. 126765, mar. 2023. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.eja.2023.126765>. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S1161030123000333?via%3Di> hub. Acesso em: 20 de jan. 2024.

ZHENG, Chongke *et al.* Moderate Salinity Stress Reduces Rice Grain Yield by Influencing Expression of Grain Number- and Grain Filling-Associated Genes. **Journal of Plant Growth Regulation**, [s. l.], v. 40, n. 3, p. 1111–1120, jun. 2021. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00344-020-10168-3>. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s00344-020-10168-3>. Acesso em: 20 de jan. 2024.

ZHENG, Hongliang *et al.* Identification of candidate genes for panicle length in *Oryza sativa* L. ssp. *japonica* via genome-wide association study and linkage mapping. **Euphytica**, [s. l.], v. 218, n. 16, p. 1–12, jan. 2022. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10681-022-02972-7>. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s10681-022-02972-7>. Acesso em: 20 de jan. 2024.

ZHONG, Hua *et al.* Uncovering the genetic mechanisms regulating panicle architecture in rice with GPWAS and GWAS. **BMC Genomics**, [s. l.], v. 22, n. 1, p. 206, mar. 2021. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12864-021-07530-4>. Disponível em: <https://bmcbgenomics.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12864-021-07530-4>. Acesso em: 20 de jan. 2024.

ZHOU, Hailian *et al.* The Divergent Roles of the Rice *bcl-2* Associated Athanogene (BAG) Genes in Plant Development and Environmental Responses. **Plants**, [s. l.], v. 10, n. 10, p. 2169, out. 2021. DOI: <https://doi.org/10.3390/plants10102169>. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2223-7747/10/10/2169>. Acesso em: 20 de jan. 2024.

ZIA, Muhammad Abu Bakar *et al.* An overview of genome-wide association mapping studies in *Poaceae* species (model crops: wheat and rice). **Molecular Biology Reports**, [s. l.], v. 49, n. 12, p. 12077–12090, nov. 2022. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11033-022-08036-2>. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s11033-022-08036-2>. Acesso em: 20 de jan. 2024.