UNIVERSIDADE FEDERAL DE PELOTAS

FACULDADE DE AGRONOMIA ELISEU MACIEL

PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

DISSERTAÇÃO DE MESTRADO

Caracterização fenotípica de população segregante de arroz (*Oryza sativa* L.) para características de importância agronômica

Célanet Fils-Aimé

Eng. Agrônomo

Pelotas, 2023

UNIVERSIDADE FEDERAL DE PELOTAS

FACULDADE DE AGRONOMIA ELISEU MACIEL

PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

ÁREA DE CONCENTRAÇÃO – FITOMELHORAMENTO

Caracterização fenotípica de população segregante de arroz (*Oryza sativa* L.) para características de importância agronômica

Dissertação de mestrado apresentado à Universidade Federal de Pelotas, como requisito parcial à obtenção do título de Mestre em Ciências, Área de Concentração Fitomelhoramento.

Orientador: Luciano Carlos da Maia, Dr.- FAEM/UFPel

Coorientador: Antônio Costa de Oliviera, PhD. - FAEM/UFPel

Pelotas, 2023

Universidade Federal de Pelotas / Sistema de Bibliotecas
Catalogação da Publicação

F491c Fils-Aimé, Célanet

Caracterização fenotípica de população segregante de arroz (*Oryza sativa* L.) para características de importância agronômica. [recurso eletrônico] / Célanet Fils-Aimé ; Luciano Carlos da Maia, orientador ; Antônio Costa de Oliveira, coorientador. — Pelotas, 2023.
81 f.

Dissertação (Mestrado) — Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Universidade Federal de Pelotas, 2023.

1. Correlações. 2. Ganho genético. 3. Modelos lineares generalizados mistos. 4. Regressão. 5. Segregantes. I. Maia, Luciano Carlos da, orient. II. Oliveira, Antônio Costa de, coorient. III. Título.

CDD 633.18

Elaborada por Gabriela Machado Lopes CRB: 10/1842

Célanet Fils-Aimé

Caracterização fenotípica de população segregante de arroz (*Oryza sativa* L.) para características de importância agronômica

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

Data da defesa: 1 de dezembro de 2023

Banca examinadora:

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

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

Dra. Camila Pegoraro
Doutora em Ciências pela Universidade Federal de Pelotas

Dr. Andrés Chacón Ortiz
Doutor em Ciências pela Universidade Federal de Pelotas

“Sou jovem, é verdade; mas para
as almas bem-nascidas, o valor
não espera pelo número de anos”.

Pierre Corneille, “1636”

Dedico

Este trabalho é dedicado minha família, por acreditarem em sonhos, e a todos os participantes e seus familiares.

‘’Entre SER e TER, prefira SER. Porque a essência tem valor, as coisas têm preço.! Todo mundo pode ter o que você tem, mas felizmente ninguém pode ser o que você é.!’’

(**Célanet Fils-Aimé**)

Agradecimentos

O meu Deus, pelo dom da vida, por dar-me saúde e força para a realização deste trabalho e iluminar o meu caminho.

Aos meus pais, Mari-Nicole Denis e Céradieu Fils-Aimé, pelo amor incondicional, apoio, força e esforço durante esta caminhada e incentivo para nunca desistir dos meus sonhos, meu eterno obrigado.

Aos meus queridos irmãos; Edeline Fils-Aimé, Céramène Fils-Aimé e Fabiola Pièrre, que sempre me incentivaram, amaram, e acreditaram no meu esforço. Minha caminhada não seria a mesma sem vocês ao meu lado.

Aos meus amigos, pela amizade, carinho, e por me ampararem nas horas difíceis. Agradeço de coração a todos vocês.

Aos meus amores, Lens Fils-Aimé e Milanda Norgaisse.

Ao meu orientador Prof. Dr. Engº Agrº Luciano Carlos da Maia, pela orientação e conhecimentos transmitidos.

Aos professores que contribuíram de alguma forma, incentivando meu desenvolvimento.

Meu muito obrigado a todos e todas.

Resumo

Fils-Aimé, Célanet. **Caracterização fenotípica de população segregante de arroz (Oryza sativa L.) para características de importância agronômica.** Orientador: Dr. Luciano Carlos da Maia. 2023. 81f**.** Dissertação (Mestrado em Ciência) – Programa de Pós-Graduação em Agronomia. Universidade Federal de Pelotas, Pelotas – RS, 2023.

O arroz (*Oryza sativa* L.) é um alimento básico da dieta para quase quatro bilhões de pessoas no mundo inteiro, sendo o segundo cereal mais cultivado, por isso, sua produção tem muita importância para humanidade. No primeiro capítulo investigou-se os padrões da segregação e da herdabilidade de características de importância agronômicas em famílias segregantes F3 derivadas do cruzamento entre as cultivares de arroz BR-IRGA 409 e BR-IRGA 410. Foram avaliados cinco caracteres: número de afilhos por planta, altura da planta, número de panículas por planta, comprimento da panícula principal e peso de grão da panícula principal. A análise da distribuição de dados revelou padrões de segregação variáveis para cada característica. As estimativas de herdabilidade indicam alto controle genético para os caracteres avaliados. Além disso, o uso de Modelos Lineares Generalizados Mistos (GLMM) permitiu a análise de dados com diferentes padrões de distribuição. No segundo capítulo, as mesmas famílias já na geração F4 foram utilizadas para avaliar a correlação fenotípica e regressão linear entre caracteres de importância agronômica (altura de planta, dias para floração, número de panículas, comprimento da maior panícula, número de grãos cheios, número de grãos vazios e porcentagem de número de grãos cheios). Os resultados indicaram que o caractere número de panículas mantem correlação positiva de magnitude intermediaria com os caracteres comprimento da maior panícula, peso da maior panícula e número de grãos cheios da maior panícula, mostrando que, a utilização dessa variável possibilita a seleção das famílias mais produtivas. Os dados também mostraram que o caractere altura de planta mantem correlação positiva com essas mesmas características. Os resultados das herdabilidades e segregações sugerem que, mesmo entre genótipos similares, é possível obter descendentes com variação fenotípica útil para programas de melhoramento genético de arroz e que a partir

das correlações identificadas, algumas estratégias de seleção indireta podem ser utilizadas.

Palavras-Chave: correlações; ganho genético; modelos lineares generalizados mistos; regressão; segregantes.

Abstract

Fils-Aime, Célanet. **Phenotypic characterization of a segregating population of rice (*Oryza sativa* L.) for traits of agronomic importance.** Advisor: Dr. Luciano Carlos da Maia. 2023. 81f. Dissertation (Master of Science)- Postgraduate Program in Agronomy. Federal University of Pelotas, Pelotas – RS, 2023.

Rice (*Oryza sativa* L.) is a fundamental staple food in diet for almost four billion people and ranks as the second most cultivated cereal globally. Consequently, its production holds great significance for humanity. In the first chapter, the segregation patterns and heritability of traits of agronomic importance were investigated in F3 segregating families, derived from the cross between the rice cultivars BR-IRGA 409 and BR-IRGA 410. Five characters were evaluated: number of tillers per plant, plant height, number of panicles per plant, length of the largest panicle and weight of the largest panicle. Data distribution analysis revealed variable segregation patterns for each characteristic. Heritability estimates indicate substantial genetic control for the evaluated traits. Furthermore, the use of Generalized Linear Mixed Models (GLMM) allowed the analysis of data with different distribution patterns. In the second chapter, the same families in the F4 generation were used to evaluate the phenotypic correlation and linear regression between characters of agronomic importance (plant height, days to flowering, number of panicles, length of the largest panicle, number of full grains, number of empty grains and percentage of number of full grains). The results indicated that the character number of panicles maintains a positive correlation of intermediate magnitude with the characters length of the largest panicle, weight of the largest panicle and number of gains filled with the largest panicle, showing that the use of this variable allows the selection of the most productive families. The data also showed that the plant height trait maintains a positive correlation with the same variables. The heritability and segregation results suggest that, even between similar genotypes, it is possible to obtain offspring with phenotypic variation, useful for rice genetic improvement programs, and that, based on the identified correlations, some indirect selection strategies can be used.

Keywords: correlations; genetic gain; generalized linear mixed models; regression; segregants.

Lista das Figuras

Figura 1. Histograma e distribuição normal para caractere número de afilhos (NA) na população de famílias segregantes e seus genitores BR-IRGA 409 e BR-IRGA 410. 39

Figura 2. Histograma e distribuição normal para caractere altura de plantas (AP) na população de famílias segregantes e seus genitores BR-IRGA 409 e BR-IRGA 410. 41

Figura 3. Histograma e distribuição normal para caractere número de panículas (NP) por planta na população de famílias segregantes e seus genitores BR-IRGA 409 e BR-IRGA 410. 42

Figura 4. Histograma e distribuição normal para caractere comprimento da panícula (CP) principal na população de famílias segregantes e seus genitores BR-IRGA 409 e BR-IRGA 410. 43

Figura 5. Histograma e distribuição normal para caractere peso de grãos da panícula (PG) principal na população de famílias segregantes e seus genitores BR-IRGA 409 e BR-IRGA 410. 44

Figura 6. Visualização das distribuições testadas para variável número de afilhos. 49

Figura 7. Visualização das distribuições testadas para variável Altura de planta. 49

Figura 8. Visualização das distribuições testadas para variável número de panículas. 50

Figura 9. Visualização das distribuições testadas para variável comprimento da panícula principal. 50

Figura 10. Visualização das distribuições testadas para variável peso de grãos da panícula principal. 51

Figura 11. Regressão linear simples entre os caracteres altura de plantas e dias da floração. 55

Figura 12. Regressão linear simples entre os caracteres altura de plantas e dias da floração. 56

Figura 13. Regressão linear simples entre os caracteres altura de plantas e comprimento da maior panícula. 57

Figura 14. Regressão linear simples entre os caracteres altura de plantas e peso total de grãos da maior panícula. 58
Figura 15. Regressão linear simples entre os caracteres comprimento da maior panícula (cmp) e peso total de grãos da maior panícula (pmp). 59
Figura 16. Regressão linear simples entre os caracteres altura de planta e número de grãos cheios na maior panícula (ngc). 60
Figura 17. Regressão linear simples entre os caracteres comprimento da maior panícula (cmp) e número de grãos cheios na maior panícula (ngc). ... 61
Figura 18. Regressão linear simples entre os caracteres altura de planta e número de grãos vazios na maior panícula (ngv). 62
Figura 19. Regressão linear simples entre os caracteres dias para floração e comprimento da maior panícula (cmp). 63
Figura 20. Regressão linear simples entre os caracteres número de panículas (np) e comprimento da maior panícula (cmp). 64
Figura 21. Regressão linear simples entre os caracteres número de panículas (np) e peso total de grãos da maior panícula (pmp). 64
Figura 22. Regressão linear simples entre os caracteres número de panículas (np) e número de grãos cheios da maior panícula (ngc). 65
Figura 23. Regressão linear simples entre os caracteres número de panículas (np) e número de grãos vazios da maior panícula (ngv). 65
Figura 24. Regressão linear simples entre os caracteres peso da maior panícula (pmp) e número de grãos cheios da maior panícula (ngc). 66
Figura 25. Regressão linear simples entre os caracteres peso da maior panícula (pmp) e porcentagem do número de grãos cheios (phcheiot). 66
Figura 26. Regressão linear simples entre os caracteres número de grãos cheios (ngc) e porcentagem do número de grãos cheios (phcheiot). 67
Figura 27. Regressão linear simples entre os caracteres número de grãos vazios da maior panícula (ngv) e porcentagem do número de grãos cheios (phcheiot)..... 67
Figura 28. Regressão linear simples entre os caracteres dias para floração (dflor) e número de grãos vazios na maior panícula (ngv). 68
Figura 29. Regressão linear simples entre os caracteres comprimento da maior panícula (cmp) e número de grãos vazios na maior panícula (ngv). . 68

Figura 30. Regressão linear simples entre os caracteres comprimento da maior panícula (cmp) e porcentagem do número de grãos cheios (phcheiot). 69

Lista de Tabelas

Tabela 1. Modelo de tabela de ANOVA para estimativas de Herdabilidade. 33
Tabela 2. Valores de Quadrado Médio oriundos da Anova para diferentes caracteres nas famílias e genitores. 45
Tabela 3. Resultados dos parâmetros genéticos para as diferentes variáveis. 48
Tabela 4. Resumo das distribuições selecionadas para as diferentes variáveis. 51
Tabela 5. Resumo da análise de variação das diferentes variáveis. 52
Tabela 6. Resumo da quantidade e porcentagem de famílias superiores ou inferiores ao genitor BR- IRGA 409, identificadas pelo teste de Dunnett. 53
Tabela 7. Estimativas dos coeficientes de correlação linear de Pearson entre os caracteres altura de planta, dias para floração (dflor), número de panículas (np), comprimento da maior panícula (pmp), número de grãos cheios (ngc), número de grãos vazios (ngv) e porcentagem de número de grãos cheios (%ngc). 54

Sumário

Resumo **9**
Abstract **11**
Lista das Figuras **13**
Lista de Tabelas **16**
1.INTRODUÇÃO **19**
2. Revisão de literatura **21**
2.1 Arroz 21
2.2 Melhoramento genético de arroz 22
2.3 Melhoramento de autógamas 24
2.4 Componentes da variância 25
2.5 Correlação fenotípica 26
2.6. Descrição dos genótipos utilizados no cruzamento 28
2.7 Objetivo 29
3. Material e Métodos **30**
3.1 Obtenção das famílias segregantes 30
3.2 Avanço de gerações 30
3.3 Experimento 1 31
3.3.1 Delineamento experimental 31
3.3.2 Variáveis analisadas na pré-colheita 31
3.3.3 Variáveis analisadas na pós-colheita 32
3.3.4 Análise estatística 32
3.3.4.1 Análise descritiva 32
3.3.4.2 Estimativas de herdabilidade 33
3.3.4.3 Análise de variância e identificação de segregantes transgressivos 34
Identificação do tipo de distribuição das variáveis 34
3.3.4.4 Análise de variância e médias 35
3.4 Experimento 2 36
3.4.1 Delineamento experimental 36
3.4.2 Variáveis analisadas na pré-colheita 36
3.4.3 Variáveis analisadas na pós-colheita 37
3.4.4-Análise estatística 38
4. Resultados e discussão 39
4.1– Experimento 1 39
4.1.1 Análise descritiva 39
4.1.2 Estimativas de herdabilidade 44

4.1.3 Análise de variância e identificação de segregantes transgressivos 48
Identificação do tipo de distribuição das variáveis 48
4.2 Experimento 2 54
4.2.1 Correlações e regressões 54
5 Conclusões 70
6. Referências bibliográficas 71

1.INTRODUÇÃO

O arroz (*Oryza sativa* L.) é um alimento básico da dieta para quase quatro bilhões de pessoas no mundo inteiro, sendo responsável por 21% da energia alimentar per *capita* global (CARNEIRO, 2017). O arroz pode ser cultivado em diferentes lugares, como: no sul da Ásia, África e nas Américas. Ele é uma das culturas que faz parte da Revolução Verde e que tem se beneficiado do melhoramento genético (FUTAKUCHI et al., 2021).

Este cereal é o segundo mais cultivado no mundo, por isso, sua produção tem muita importância para humanidade (FAOSTAT, 2021). A produção mundial é ao redor de 756,5 milhões de toneladas de grãos em casca, o que corresponde a 29% do total de grãos usados na alimentação humana, sendo o consumo mundial de 54 kg pessoa ano^{-1}. O consumo médio no Brasil é de 32 kg pessoa ano^{-1} (SOSBAI, 2018). A produção nacional de arroz na safra 2021 – 2022 foi de 10.788.8 mil toneladas ano^{-1}. Nesta mesma safra no Rio Grande do Sul, foram cultivados 957.4 mil hectares com uma produtividade de 7.474 kg ha^{-1} CONAB, (2022).

A substituição das cultivares tradicionais, de porte alto, pelas modernas de porte baixo, praticamente duplicou a produtividade do arroz irrigado no estado do Rio Grande do Sul (MAGALHÃES, 2007). Com o advento destas cultivares houve uma mudança positiva não somente na filosofia do melhoramento genético, como também em nível de agricultores, que passaram a utilizar tecnologia avançada no cultivo do arroz visando maximizar o potencial genético destas constituições (MAGALHÃES, 2003; SILVA, 2016).

O platô de produtividade alcançado pelos programas de melhoramento genético atinge patamares que superam dez toneladas por hectare. No entanto, alguns fatores de qualidade têm limitado o uso de algumas cultivares produtivas. Nos países consumidores de arroz, as características de qualidade de grão ditam o valor de mercado e possuem um papel fundamental na adoção de novas variedades. Esses atributos englobam a aparência física, as propriedades

culinárias e sensoriais e, mais recentemente, o valor nutricional MAGALHÃES, (2007).

Os programas de melhoramento de arroz irrigado no Brasil possuem algumas prioridades básicas dentre elas pode-se destacar o desenvolvimento de cultivares que apresentem as seguintes características: tolerância à toxidez por ferro solúvel no solo, resistência ao acamamento, resistência a doenças (em especial brusone), alto perfilhamento e alto potencial genético para produtividade de grãos (EMBRAPA, 2002).

Além dos caracteres mencionados, no Brasil um dos gargalos na obtenção e sucesso de novas variedades, pois, culturalmente o mercado interno tem exigências por grãos do tipo *indica* vítreos e soltos após o cozimento. De maneira geral, a obtenção destes padrões de qualidade de grãos ainda não é tarefa fácil, sendo assim, estudos utilizando cruzamentos de populações para este caractere são bastante importantes para gerar informações para os programas de melhoramento (FAO, 2019).

Neste sentido, a obtenção de cruzamento entre genótipos com qualidade de grão que atenda aos padrões da indústria brasileira associado a estudos detalhados das características de padrões de segregação, herdabilidade e correlações fenotípicas, além das variáveis de importância agronômica nas populações é de extrema importância para fornecer estratégias práticas para os programas de melhoramento do Brasil (MAGALHÃES et al., 2011).

O estudo do controle genético, da herdabilidade e das correlações fenotípicas entre os caracteres de importância agronômica através de diferentes técnicas estatísticas e experimentais permitem obter informações para indicar previamente quais as melhores estratégias de seleção para determinado germoplasma.

2. Revisão de literatura

2.1 Arroz

O arroz é uma planta da família das gramíneas do gênero *Oryza*, tribo *Oryzeae,* subfamília *Oryzoideae,* (OECD, 2021). O gênero é composto por 24 espécies (GE et al., 1999), sendo apenas duas dessas espécies cultivadas. O *Oryza sativa* L. (2n=24, AA), arroz asiático, é cultivado em várias regiões do planeta e *O*. *glaberrima* (2n=24, AA), tem uma baixa produtividade e possuí uma área de cultivo muito limitado nas regiões do Oeste do continente africano (MAGALHÃES JR; OLIVEIRA, 2008, DANIELOWSKI, 2013), MUTHAYYA et al., (2014).

Esta espécie é semi-hidrofílica adaptada a uma variedade de condições climáticas como as condições tropical, subtropical e temperada AWANG et al. (2018). A planta é caracterizada por apresentar colmos ocos, flores reduzidas e aquênios especializados como frutos. Morfologicamente, a planta se caracteriza por apresentar raízes do tipo adventícias e fibrosas, as folhas variam entre os genótipos, sendo que última folha do colmo é denominada como folha bandeira caule é composto por um colmo principal e afilhos, e a panícula é uma inflorescência característica desta planta, onde se formam os grãos SOUZA et al., (2015).

Relatos mencionam que o centro de origem do arroz (*O. sativa*) são os Vales dos Rios Yangtze e Mekong no continente asiático e os centros de diversidade no sopé dos Himalaias, Chhattisgarh, Jeypore trato de Odisha, nordeste da Índia, partes do norte de Mianmar e Tailândia e Província de Yunnan da China (SINGH; UPADHYAYA, 2016).

Devido ao processo evolutivo e de domesticação do arroz, surgiram inúmeros tipos geneticamente divergentes, dividindo-se nas subespécies *indica* e *japonica*, com características morfológicas distintas, como por exemplo tamanho das sementes e cor de folha, e diferença nas reações à diversos problemas ambientais (MCCOUCH, 2007; SILVA, 2016).

O cultivo de arroz foi introduzido no Novo Mundo pelos primeiros colonizadores europeus. Na América do Norte o primeiro registro da cultura data de 1685, quando esta começou a ser cultivada nas planícies costeiras e ilhas (EMBRAPA, 2008).

Os espanhóis introduziram o arroz em vários locais na América do Sul e Central e os portugueses trouxeram para o Brasil. No ano de 1587, na Bahia já havia lavouras arrozeiras, e em torno de 1745 o arroz chegou ao Maranhão. No Rio Grande do Sul, o botânico francês Auguste de Saint Hilaire, em viagens ao estado em 1820 -1821, relatou a ocorrência de lavouras desse cereal. Em 1904, surgiu a primeira lavoura comercial de arroz, já irrigada, no município de Pelotas, depois chegou à Cachoeira do Sul, considerada atualmente a capital do arroz (CONAB, 2015).

Atualmente em torno de 90,6% da produção mundial vem do continente Asiático, seguido pelo continente americano 5,2% e o continente africano 3,5% (FAO, 2021). No ranking da produção mundial o Brasil foi destacado como maior país produtor fora do continente asiático, ocupando nona posição, com uma participação de 1,5% do total e representa 31.0% das americanas EMBRAPA, (2023).

Na safra de 2020-2021 a produção registrada no Brasil foi de 11,6 milhões de toneladas, caracterizando um aumento de 4% comparativamente à safra passada, deste total 10,7 milhões de toneladas provém de arroz irrigado (92,2) deste a região Rio Grande do Sul produzem 70%, e apenas 7,8% de áreas sequeiro (CONAB, 2021).

2.2 Melhoramento genético de arroz

O melhoramento genético tem sido muito importante para a agricultura, por promover avanços significativos através do desenvolvimento de cultivares superiores. As estratégias são: introdução de alelos de resistência às doenças e pragas, tolerâncias às condições adversas de clima e solo e modificações para

o incremento de caracteres de importância econômica, que auxiliam no aumento de produtividade (RAMALHO et al., 2012; SILVA, 2016).

Os programas de melhoramento genético da cultura de arroz foram iniciados no Brasil na década de 1930, no Instituto Agronômico de Campinas, IAC, São Paulo (SP), preconizando a obtenção de cultivares de arroz de terras altas (LOPES, 2019). Em 1939, o estado do Rio Grande do Sul (RS) iniciou as pesquisas para a cultura do arroz irrigado, no município de Cachoeirinha, estação experimental de arroz (EEA) do Instituto Rio Grandense do Arroz (IRGA), (MAGALHÃES JUNIOR, et al., 2004, LOPES, 2019).

A partir dos anos 70, os programas de melhoramento genético do arroz irrigado tiveram algumas prioridades básicas e, entre elas, pode-se destacar o desenvolvimento de cultivares que mostram características como: tolerância à toxicidade por ferro, ao acamamento, e às principais doenças como brusone; alto perfilhamento; qualidade de grãos e alto potencial genético para a produtividade de grãos (CORDEIRO, 2008).

As variedades de arroz melhorada, mais eficientes no uso de insumos, combinadas com práticas de manejo, resultaram em maior potencial produtivo. Isso contribuiu, para grandes aumentos de rendimento de grãos em sistemas de produção de arroz de terras baixas, especialmente durante o período da Revolução Verde na Ásia (CASSMAN, 1999; FUTAKUCHI et al., 2022).

Considerando a importância do cereal, os programas de pesquisa e melhoramento genético de arroz irrigado conduzidos no Brasil têm adotado estratégias que compreendem biotecnologia e melhoramento convencional. Os programas visam desenvolver cultivares com alta produtividade, adaptadas para diferentes sistemas de cultivo, à salinidade e toxicidade por ferro, tolerantes ao frio e à seca (no Brasil Central, até então), com qualidade de grãos que atenda a preferência, inicialmente de mercado brasileiro (EMBRAPA CPACT, 2012).

2.3 Melhoramento de autógamas

Espécies autógamas são caracterizadas por apresentarem elevada taxa de autofecundação e atualmente grande parte delas desempenham papel importante na economia do país, como é o caso do arroz CARVALHO et al., (2008). Para a obtenção de genótipos superiores que atendam às necessidades da indústria, a utilização de cruzamentos controlados em programas de melhoramento torna-se um importante recurso. Os resultados destes cruzamentos são híbridos heterozigotos que originam sucessivas gerações segregantes (F2, F3 em diante) até apresentar um maior número de alelos em homozigose (BALDISSERA et al., 2014; SILVA, 2016).

A segregação transgressiva para um caráter quantitativo ou até mesmo qualitativo surge quando se tem como resultado de um cruzamento indivíduos com valores maiores ou menores do que ambos os genitores para o caráter de interesse, proporcionado pela recombinação e rearranjo gênico CARVALHO et al., (2008). Essa segregação é observada nas gerações posteriores a partir da geração F2. Caracteres quantitativos, representam a maioria dos caracteres de valor agronômico, tanto para plantas, quanto para animais. Apresentam variação contínua, e a segregação dos genes envolvidos nesse tipo de herança não pode ser seguida de forma individual, já que é controlada por muitos genes BRUCE, et al., (2018), que condicionam a manifestação de um genótipo através do fenótipo. Estes caracteres, por sua importância agronômica, contribuem para o melhoramento genético por possibilitar a obtenção da estimativa de componentes da variância e permitir a análise da estrutura e do potencial genético da população segregante (ROMALHO et al., 2012, SILVA, 2016).

A variação continua pode ser visualizada em muitos caracteres agronomicamente importantes. Os meios de analisar esta variação e descobrir o papel do material genético na sua determinação se dá principalmente pela distribuição de frequência, ao observar um número de indivíduos, e é caracterizada por parâmetros estatísticos como a média e variância PURCELL et al., (2007). Com essa distribuição é possível verificar a formação de classes

fenotípicas, a amplitude e as classes superiores para cada caráter em estudo (SILVA, 2016).

2.4 Componentes da variância

O melhoramento antes das pesquisas realizadas por Mendel e Fisher era realizado somente por meio visual, considerado como arte, que consistia em selecionar plantas através do fenótipo, para compor os próximos plantios, realizados por ancestrais (RAMALHO et al., 2004). Com o surgimento da genética quantitativa ou biométrica, começaram a visualizar a herança quantitativa e definiram um novo conceito: o fenótipo de um caráter é influenciado pelo genótipo conjuntamente com a intervenção dos fatores ambientais.

Introduzindo este novo conceito da genética quantitativa, toma-se fundamental identificar sua aplicabilidade amplo na agricultura. Isso é especialmente importante devido aos conhecimentos fornecidos pelo melhoramento seletivo, que se concentra em torno da variação genética e na decomposição dessa variação em componentes atribuídos a diferentes causas. (FALCONER, 1960; KLERKS, 2011). Estimar os componentes da variância torna-se importante para se obter o conhecimento sobre a genética da população, principalmente para obtenção de estimativas das herdabilidades. O estudo através de populações segregantes auxiliará no fornecimento de informações de parâmetros genéticos essenciais, como a herdabilidade com sentido amplo e restrito, números de genes envolvidos na herança do caráter, aditividade, e desvios da dominância (BALDISSERA et al., 2014).

A variância fenotípica é composta pela variância genotípica e por aquela atribuída aos desvios propiciados pelo ambiente, revelando que o valor do fenótipo é expresso através do genótipo mais o ambiente. A variância genotípica, por sua vez, é determinada por meio da variância aditiva, aquela parte realmente herdável e pela variância atribuída aos desvios de dominância, considerada como o resultado de toda e qualquer interação intra-alélica (CRUZ et al., 2014).

Os componentes da variância auxiliam na compreensão da herdabilidade do caráter de interesse, pois essa expressa a porção da variância total atribuída ao efeito médio dos genes, que determina o grau de semelhança entre parentes (FALCONER, D.S., KLERKS, 2011). A herdabilidade tem importante papel na decisão de estratégia de seleção de um caráter (JAYASUDHA; SHARMA, 2010), por permitir a seleção com base no fenótipo da planta, ao saber o quanto deste será transmitido para a próxima geração, existindo dois tipos, a herdabilidade com sentido amplo e com sentido restrito.

A herdabilidade com sentido amplo para caracteres na população de famílias segregantes, é o coeficiente de determinação da variação entre o valor genotípico e o valor fenotípico, apresentado importância em espécie de propagação vegetativa (AZEVEDO et al., 2015) e em alógamas já que esta leva em conta os desvios atribuídos a dominância. A herdabilidade no sentido restrito representa a relação entre a variância aditiva (a parte realmente herdável) e a variância fenotípica, revelando destaque para as autógamas, pois a variância genética aditiva é fixada com o avanço de geração, onde a cada ciclo de autofecundação, ocorre aumento da variância aditiva e diminuição da variância atribuídas aos desvios da dominância (BALDISSERA et al., 2014).

2.5 Correlação fenotípica

As mudanças evolucionarias em caracteres quantitativos dependem de dois fenômenos genéticas, herdabilidade e suas correlações genéticas com outros caracteres. Durante o processo de melhoramento muitos caracteres devem sem considerados para a obtenção de um novo genótipo com superioridade agronômica. Uma boa parte desses caracteres de importância agronômica sofrem algum tipo de associação, que pode ser uma relação de aumento simultâneo de duas características, redução simultânea de duas características ou aumento de uma característica em contrapartida da redução

de outra (informação verbal)[1]. Também existem muitas características que não apresentam associação.

De maneira geral, dentro da biometria a medida de associação entre duas variáveis é dada pelo coeficiente de correlação. Segundo Stell & Torrie (1960) a correlação é definida como: uma medida do grau com que duas variáveis variam juntas ou da intensidade de associação entre essas variáveis.

As correlações fenotípicas entre duas características podem ser influenciadas pela herança genética, pelo ambiente ou por ambos RAHIMI e HERNANDEZ (2022). Correlações genéticas podem ser causadas pelos efeitos pleiotrópicos de genes individuais em duas características ou pela ligação gênica. A pleiotropia gera as correlações estáveis enquanto a ligação gênica gera correlações transitórias (HILL, 2013).

A importância do estudo das correlações genéticas teve início com as propostas de ‘’índices de seleção’’ criados por HAZEL (1943), quando o autor idealizou a possibilidade de fazer seleção com base em múltiplos caracteres de importância em rebanhos de gado leiteiro nos USA, sendo a correlação entre os caracteres a base para a metodologia (informação verbal).

Para FALCONER (1981) na presença de correlação entre caracteres, devem ser considerados os seguintes aspectos: Primeiramente identificar se há conexão das causas genéticas através da pleiotropia, em segundo entender se a relação de mudança numa característica causará ou redução numa segunda variável.

O conhecimento da associação entre caracteres agronômicos e/ou morfológicos pode ser primordial quando há necessidade de ser feita seleção simultânea de caracteres, pois a seleção de um poderá provocar alteração em outro (BENNIN et al., 2005). Outro aspecto importante é que a correlação de um

[1] Explicação fornecida pelo Professor Luciano Carlos da Maia na Disciplina de Introdução a Genética Quantitativa, PPGA-FAEM-UFPel, em Pelotas – RS, em outubro de 2023

caractere de difícil seleção com um caractere de fácil avaliação propicia o uso da chamada seleção indireta, na qual seleção do primeiro vai gerar melhoria no segundo em função da correlação entre eles.

Ainda, segundo NARDINO et al., (2016) nos programas de melhoramento de plantas, o estudo das relações lineares entre os caracteres (correlações) fornece possibilidades de resultados importantes através da seleção indireta, pois, quando feita seleção num caractere x, a qual se conhece a correlação sobre o caractere y, permite predizer o ganho genético para diferentes caracteres, possibilitando alcançar progressos mais rápidos pela seleção indireta

Trabalhos estudando as correlações entre caracteres de arroz em germoplasmas fixos foram descritos por diferentes autores recentemente, MISTURA (2008) avaliou as correlações de seis caracteres de plântula em 67 genótipos de arroz da subespécie *indica*, 97 genótipos de *japonica* temperado e 38 genótipos de *japonica* tropical, pertencentes ao germoplasma da EMBRAPA Clima Temperado em Pelotas-RS. Outro trabalho descreveu as correlações de sete caracteres agronômicos entre 25 cultivares disponibilizadas para cultivo em Minas Gerais entre os anos de 1950 e 2001 (CARGNIN et al., 2020). Em estudo recente, as correlações entre 12 caracteres de qualidade de grão foram obtidas com base na análise de 23 cultivares utilizadas no Rio Grande do Sul (FACCHINELLO et a., 2023).

2.6. Descrição dos genótipos utilizados no cruzamento

A cultivar BR-IRGA 409 é descrita como padrão de referência para qualidade de grãos em arroz no Brasil. Por outro lado, a cultivar BR-IRGA 410 que, embora, tenha origem no mesmo grupo genético, não tem o mesmo padrão de qualidade de grãos, sendo assim, o cruzamento entre estes dois genótipos torna-se um bom modelo genético para estudos de segregação para qualidade de grãos no germoplasma brasileiro.

BR / IRGA 409 – Foi a primeira cultivar do tipo agronômico moderno de planta, lançada em parceria pela Embrapa e IRGA no ano de 1979. Possui ciclo médio

e destaca-se pela excelente qualidade de grãos e alta produtividade. As principais limitações são as suscetibilidades à brusone e à toxidez por ferro. É uma cultivar que possui alta abrasividade nas folhas e na casca e possui arista de tamanho variável em alguns grãos da extremidade da panícula (SOSBAI, 2018).

BR/IRGA 410 – Este genótipo é uma linhagem vinda do CIAT-Colômbia, a qual foi avaliada e liberada para o cultivo em 1980, sendo ela uma das precursoras do aumento de produtividade no Rio Grande do Sul. São características desta cultivar a alto índice de afilhamento e a mediana tolerância aos danos por frio na fase da reprodução (TERRES et al., 2004; SOSBAI, 2018). Também é uma cultivar do tipo moderno de planta e com ciclo médio. Destaca-se pelo alto potencial de produtividade de grãos e boa adaptação a todas as regiões orizícolas do estado do Rio Grande do Sul. As principais limitações são as suscetibilidades à brusone e à toxidez por excesso de ferro solúvel no solo, alto índice de centro branco nos grãos e baixo rendimento de grãos inteiros, notadamente quando a colheita é realizada tardiamente (SOSBAI, 2020).

2.7 Objetivo

O objetivo deste estudo foi identificar os padrões de distribuição na segregação, estimar a herdabilidade e as correlações fenotípicas dos caracteres de importância agronômica para famílias segregantes, oriundas do cruzamento BR-IRGA 409 x BR-IRGA 410.

3. Material e Métodos

3.1 Obtenção das famílias segregantes

Os cruzamentos entre as cultivares BR-IRGA 409 x BR-IRGA 410 bem como o seu cruzamento recíproco BR-IRGA 410 x BR-IRGA 409 foram obtidos no verão de 2018 em colaboração com o programa de melhoramento de arroz da Embrapa -Clima Temperado (Estação Experimental Terras Baixas) em Pelotas-RS.

3.2 Avanço de gerações

Na primavera-verão de 2018-2019 foi realizada o cruzamento das cultivares, BR- IRGA 409 e BR- IRGA 410 em casa de vegetação na Embrapa.

Na safra 2019-2020 foi realizada a semeadura de sementes F1 e obtenção sementes F2, que posteriormente, na primavera-verão 2020-2021 plantas F2 foram selecionadas e colhidas separadamente, produzindo sementes F3.

Na safra de 2021-2022 as sementes F3 foram semeadas separadamente em linha (analisadas famílias F3 - experimento 1) e de cada uma destas linhas foram selecionadas e colhidas, separadamente, quatro plantas (gerando famílias F4).

As sementes das F4 foram semeadas em linha na safra 2022-2023 (analisadas famílias F4 - experimento 2) e de cada uma destas linhas foram selecionadas e colhidas, separadamente, cinco plantas (gerando famílias F5).

3.3 Experimento 1

3.3.1 Delineamento experimental

O experimento foi semeado no dia 11/11/2021 em delineamento de Blocos Aumentados de Federer. Cada família F3 foi semeada numa linha de 1 metro (aproximadamente 60 plantas). As 246 famílias foram distribuídas aleatoriamente em quatro blocos. Em cada bloco foram semeadas três linhas de cada uma das duas testemunhas (BR-IRGA 409; BR-IRGA 410).

Para a fenotipagem, na data da avaliação da estatura (após do florescimento), dentro de cada linha (parcela representando uma família) foram marcadas aleatoriamente quatro plantas, fixando assim estes indivíduos para todas as análises executadas posteriormente. Na época da colheita, cada um destes indivíduos foi colhido separadamente armazenados em pacotes para as análises posteriores, no laboratório:

3.3.2 Variáveis analisadas na pré-colheita

Número de afilhos (na)

O número de afilhos foi obtido pela contagem dos afilhos de cada uma das quatro plantas marcadas, separadamente.

Altura da planta (ap)

Após a floração foi feita a medição de altura das plantas, utilizando régua graduada em cm, medindo da base até a ponta da panícula.

Número de panículas (np)

Quando as plantas marcadas estavam com as panículas visualmente presentes, foi feita a contagem do número de panículas por planta.

3.3.3 Variáveis analisadas na pós-colheita

Quando as plantas estavam (visualmente) maduras elas foram colhidas integralmente e acondicionadas separadamente em pacotes de papel e secas em secador com ventilação por cinco dias a 30ºC na Embrapa Clima Temperado.

Para a avaliação dos componentes de rendimento, de cada pacote (planta) foi selecionada a maior panícula. Estas foram consideradas como panícula principal e utilizadas para as demais avaliações.

Comprimento da maior panícula (cmp)

O tamanho da panícula foi medido utilizando régua graduada em cm.

Peso de grãos da maior panícula (pmp)

Os grãos de cada panícula foram trilhados manualmente e pesados em balança analítica, sendo os valores expressos em gramas.

3.3.4 Análise estatística

Para cada variável foi calculada a média de cada família, sendo assim, cada família segregante foi avaliada com um único valor obtido pela média das quatro plantas avaliadas separadamente. Para os genitores foram obtidas doze médias, oriundas das quatro plantas avaliadas separadamente dentro das doze linhas de cada genótipo.

3.3.4.1 Análise descritiva

Para análise descritiva de cada variável, foram utilizados histogramas e distribuição normal obtidos pelo procedimento proc univariate. Todas as análises foram obtidas utilizando o SAS Academics on Demand.

3.3.4.2 Estimativas de herdabilidade

As estimativas de herdabilidade no sentido amplo para cada variável foram obtidas conforme modelo de tratamento regulares e não regulares COSME, (2006). Para esta análise são necessárias duas ANOVAS diferentes. Na primeira utilizou-se somente dados das famílias segregantes (sem repetições) para obtenção de estimativas de Quadrado médio entre famílias de cada variável. Na segunda análise, foram utilizados os dados dos genitores (com repetições), gerando as estimativas de Quadrado médio dos genitores e da variação de ambiente, conforme mostrado na Tabela 1. As análises foram feitas no procedimento *proc glm* do SAS versão Academics On demand.

Tabela 1. Modelo de tabela de ANOVA para estimativas de Herdabilidade.

Fonte de variação	GL	SQ	QM
Famílias	$GL_{Famílias}$	$SQ_{Famílias}$	$QM_{Famílias}$
Genitores	$GL_{Genitores}$	$SQ_{Genitores}$	$QM_{Genitores}$
Ambiente	$GL_{Ambiente}$	$SQ_{Ambiente}$	$QM_{Ambiente}$

GL: graus de liberdade; SQ: soma de quadrados; QM: quadrado médio

Com base na tabela 1, contendo dados unificados das duas Anovas para cada variável, foram estimados:
Variância de ambiente:

$$\delta_e^2 = QM_{Ambiente}$$

δ_e^2= Variância de ambiente

QM= Quadrado Médio

Variância Fenotípica entre Famílias:

$$\delta_p^2 = QM_{Famílias}$$

δ_p^2= Variância Fenotípica

Variância Genética entre Famílias:

$$\delta_G^2 = \delta_p^2 - \delta_e^2$$

δ_G^2 = Variância Genética

Herdabilidade sentido amplo:

$$H^2 = \frac{\delta_G^2}{\delta_G^2 + \frac{\delta_e^2}{r}}$$

$H^2 =$ Herdabilidade sentido amplo

R= resíduo ou erro

Coeficiente de variação Genético:

$$CV\%_G = \frac{\delta_G^2}{\tilde{Y}_{Famílias}}$$

$\tilde{Y}_{=}$ Média das famílias

$CV\%_G =$ Coeficiente de variação Genético

Coeficiente de variação Ambiente:

$$CV\%_e = \frac{\delta_e^2}{\tilde{Y}_{Famílias}}$$

$CV\%_e =$ Coeficiente de variação Ambiente

3.3.4.3 Análise de variância e identificação de segregantes transgressivos

Identificação do tipo de distribuição das variáveis

Para a identificar se uma variável teve distribuição normal foi utilizado o procedimento proc univariate com teste de Shapiro Wilk e aquelas variáveis que apresentaram valor de P superiores a 0.05 foram consideradas com distribuição

normal. As variáveis que não apresentaram distribuição normal foram submetidas ao procedimento proc severity, para identificar o tipo de distribuição dos dados (exponencial, gama, inversa de gauss ou log normal). As análises foram feitas no SAS Academics On demand.

3.3.4.4 Análise de variância e médias

Para verificar se existiram diferenças significativas de cada variável entre as famílias foi utilizado o procedimento proc glimmix (*generalized linear mixed models*) com parâmetro method=Laplace para obtenção das estimativas de Máxima Verossimilhança (*Maximum Likelihood*). Para identificar os segregantes transgressivos, as famílias foram comparadas com o genitor “BR-IRGA 409” através do teste de Dunnett. As análises foram feitas no SAS Academics On demand.

3.4 Experimento 2

3.4.1 Delineamento experimental

O experimento foi semeado no dia 11/11/2022 em delineamento de Blocos Aumentados de Federer, onde cada família F4 foi semeada numa linha de 1 metro (aproximadamente 60 plantas). As 421 famílias foram distribuídas aleatoriamente em quatro blocos. Dentro dos blocos, a cada 20 linhas das famílias segregantes foram semeadas linhas das testemunhas BR-IRGA 409 e BR-IRGA 410.

Para a fenotipagem, na data da avaliação da estatura (após do florescimento), dentro de cada linha (parcela representando uma família) foram marcadas aleatoriamente cinco plantas, fixando assim estes indivíduos para todas as análises executadas posteriormente. Na época da colheita, cada um destes indivíduos foi colhido separadamente armazenados em pacotes para as análises posteriores, no laboratório:

3.4.2 Variáveis analisadas na pré-colheita

Altura da planta (ap)

Após a floração foi feita a medição de altura das plantas, utilizando régua graduada em cm, medindo da base até a ponta da panícula.

Dias para floração (dflor)

Quando cerca de metade das plantas de uma família (linha) apresentaram flores foi apontada a data de floração. Para as análises estatística foi calculado o número de dias entre a semeadura e a floração.

Número de panículas (np)

Quando as plantas marcadas estavam com as panículas visualmente presentes, foi feita a contagem do número de panículas por planta.

3.4.3 Variáveis analisadas na pós-colheita

Quando as plantas estavam (visualmente) maduras elas foram colhidas integralmente e acondicionadas separadamente em pacotes de papel e secas em secador com ventilação por cinco dias a 30ºC na Terras Baixas da Embrapa Clima Temperado.

Para a avaliação dos componentes de rendimento, de cada pacote (planta) foi selecionada a maior panícula. Estas foram consideradas como panícula principal e utilizadas para as demais avaliações.

Comprimento da maior panícula principal (cmp)

No laboratório, cada pacote contendo todas as panículas de cada planta foi aberto e dentro destes, a maior panícula foi separada e utilizada para as demais análises.

O comprimento da maior panícula foi obtido utilizando régua graduada em cm.

Peso de grãos da maior panícula (pmp)

A maior panícula de cada planta fora trilhada manualmente e os grãos pesados em balança analítica, sendo os valores expressos em gramas.

Número de grãos cheios da maior panícula (ngc)

O número de grãos cheios foi obtido através da contagem manual do número de grãos cheios.

Número de espiguetas estéreis da maior panícula (ngv)

O número de grãos vazios foi obtido através da contagem manual do número de grãos vazios ou espiguetos estéreis.

Porcentagem do número de espiguetas estéreis da maior panícula (%ngc)

A porcentagem foi obtida através do cálculo: %ngc = ngv / (ngv + ngc). Para a análise estatística esses valores foram transformados utilizando a fórmula: arcoseno [raiz quadrada (%ngv)].

3.4.4-Análise estatística

O coeficiente de correlação de Pearson foi calculado para cada caractere em relação aos demais, através do procedimento “proc corr”. Para aqueles pares de variáveis com correlação significativa ($P \leq 0,05$) adicionalmente foram obtidos gráficos de regressão linear simples, utilizando o “-proc reg-”. Todas as análises foram feitas utilizando o programa SAS Ondemand Academics.

4. Resultados e discussão

4.1– Experimento 1

4.1.1 Análise descritiva

A análise gráfica possibilitou visualizar o padrão de segregação através da distribuição dos dados fenotípicos. Para cada variável é possível identificar o número de classes formadas para as famílias segregantes e para os genitores BR-IRGA 409 e BR-IRGA 410.

Para o caráter número de afilhos (NA) por planta as distribuições indicam que os genitores tiveram valores parecidos, variando entre as classes 9 e 18, enquanto as famílias apresentaram apenas duas classes segregantes com menor e maior número de afilhos (Figura 1). Estes resultados concordam com aqueles descritos por AKINWALE et al. (2011), que avaliaram 20 genótipos de arroz e obtiveram média de 10,89 afilhos por plantas.

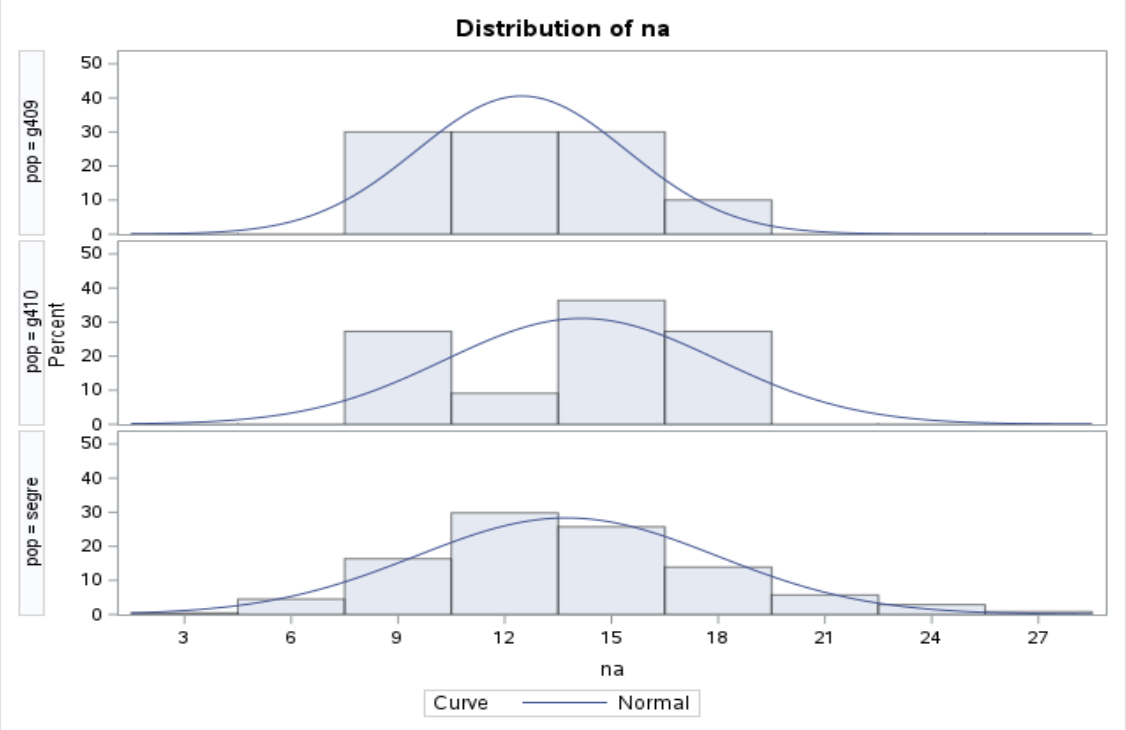

Figura 1. Histograma e distribuição normal para caractere número de afilhos (NA) na população de famílias segregantes e seus genitores BR-IRGA 409 e BR-IRGA 410.

O caráter altura de planta teve variação nas distribuições, que indicam que o genitor BR-IRGA 409, de maneira geral, tem menor estatura em relação ao BR-IRGA 410. Também é possível verificar que, embora grande parte das famílias tenham altura parecidas com os genitores, alguns indivíduos foram menores, variando entre as classes com 42 e 72 cm (Figura 2).

Em cruzamentos entre os genótipos de arroz (*O. sativa*), a cultivar BRS Querência (*O. sativa sp. indica*), de ciclo precoce, é constituída por plantas do tipo ‘’moderno-americano’’, de folhas e grãos lisos com boa tolerância a doenças, e Nippobare (*O. sativa sp. japonica*) foram encontradas classes variando entre 60 e 135 cm (SILVA, 2016), enquanto para o cruzamento entre 'Epagri 108' (*indica*) x 'IRAT 122' (*japonica*) foram encontrados valores entre 79 e 177 cm com diferenças entre anos e locais (SILVA et al., 2022).

Para genótipos fixos, STRECK et al. (2017) caracterizou 92 acessos do germoplasma da Embrapa e obteve média de 92,22 cm e BUENO (2010) encontrou valores entre 29,28 e 168,41 cm com variações entre diferentes locais do Brasil.

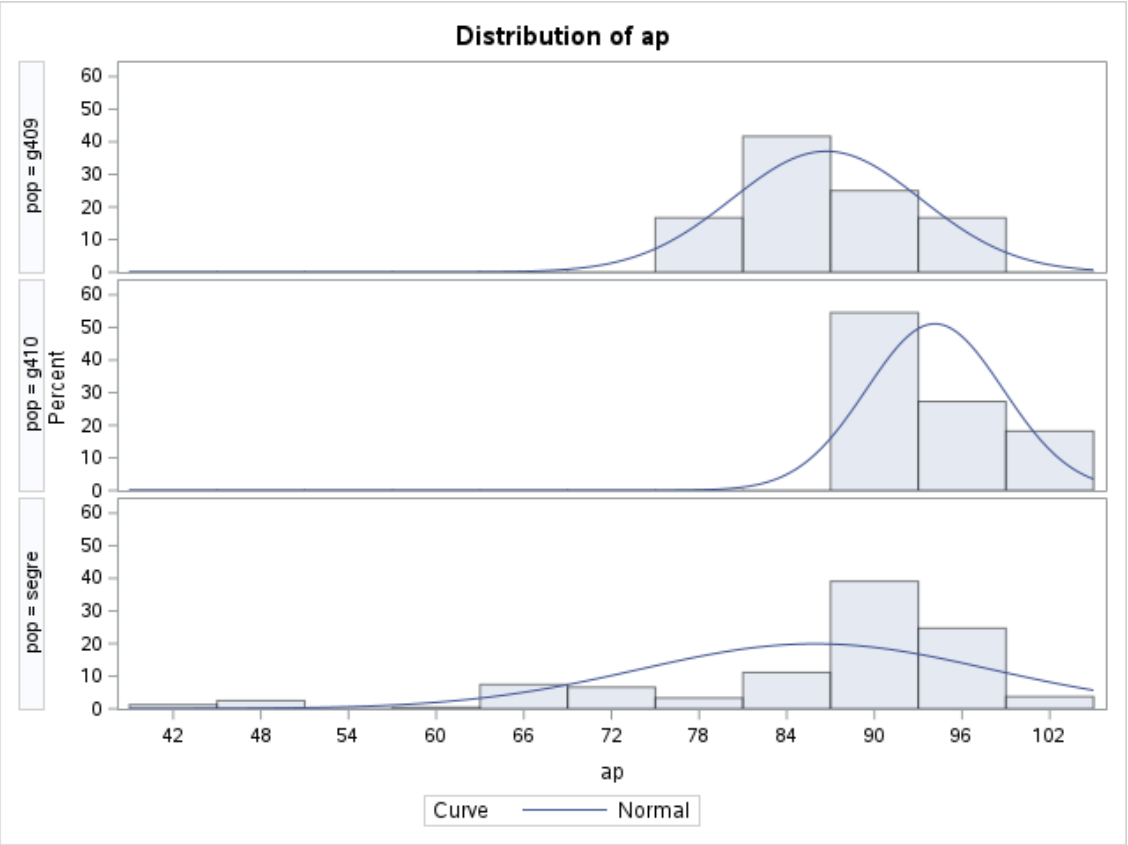

Figura 2. Histograma e distribuição normal para caractere altura de plantas (AP) na população de famílias segregantes e seus genitores BR-IRGA 409 e BR-IRGA 410.

O gráfico com distribuições do número de panículas por planta (np) indicou que de maneira geral este caráter tem pouca segregação, sendo identificada somente uma classe superior e uma inferior aos genitores (Figura3).

SILVA (2016) encontrou valores entre 8 e 28 (np) com maior tendência de segregantes superiores aos genitores. Em cruzamento entre genótipos *japonica* foram identificados segregantes que variaram entre 8,17 e 16,25 (np) em cm JIA et al., (2019).

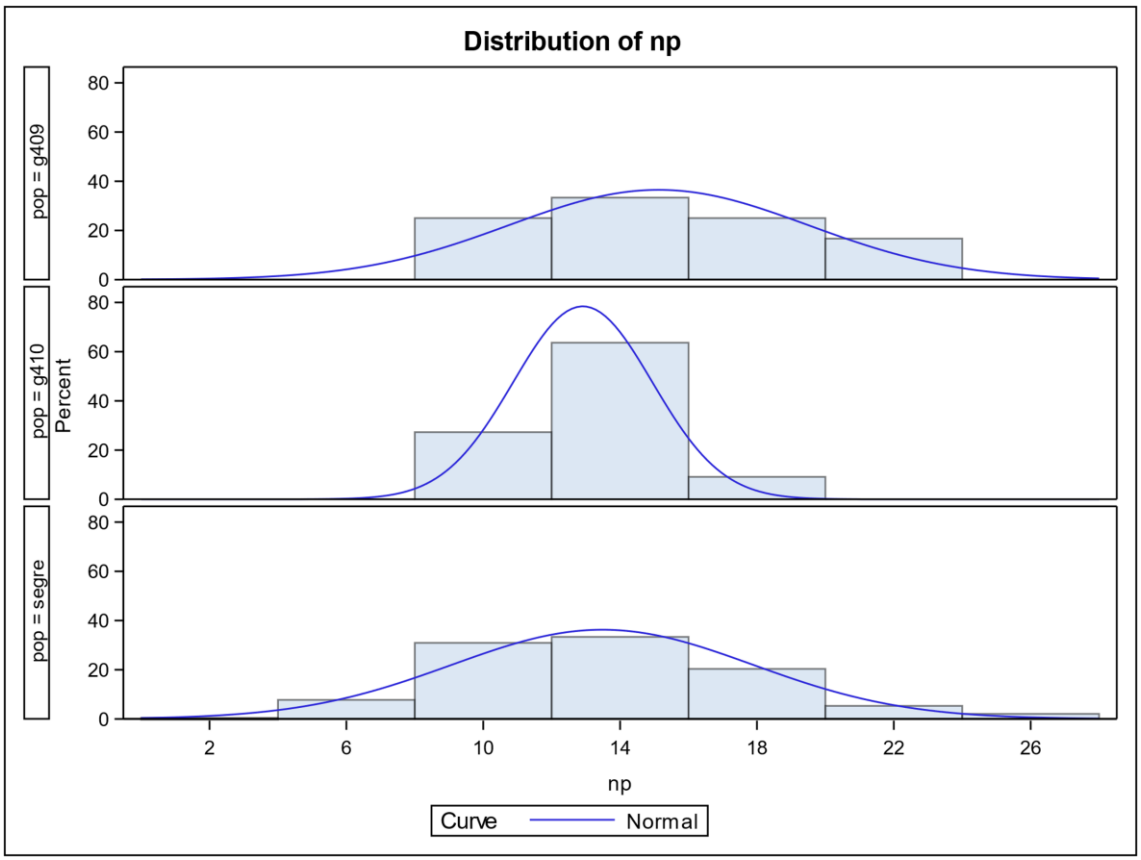

Figura 3. Histograma e distribuição normal para caractere número de panículas (NP) por planta na população de famílias segregantes e seus genitores BR-IRGA 409 e BR-IRGA 410.

A distribuição dos dados de comprimento da panícula principal (CP) indicou que não ocorreram segregantes superiores aos genitores, mas tiveram segregantes inferiores aos genitores, entretanto, ocorreram várias classes fenotípicas com menor comprimento da panícula principal (Figura 4).

SILVA (2016) identificou tendência de segregantes com menor comprimento da panícula principal (CP), com valores entre 15 e 29 cm e num cruzamento entre genótipos *japonica* valores muito parecidos (16,02 e 26,73 cm) foram identificados por JIA et al. (2019).

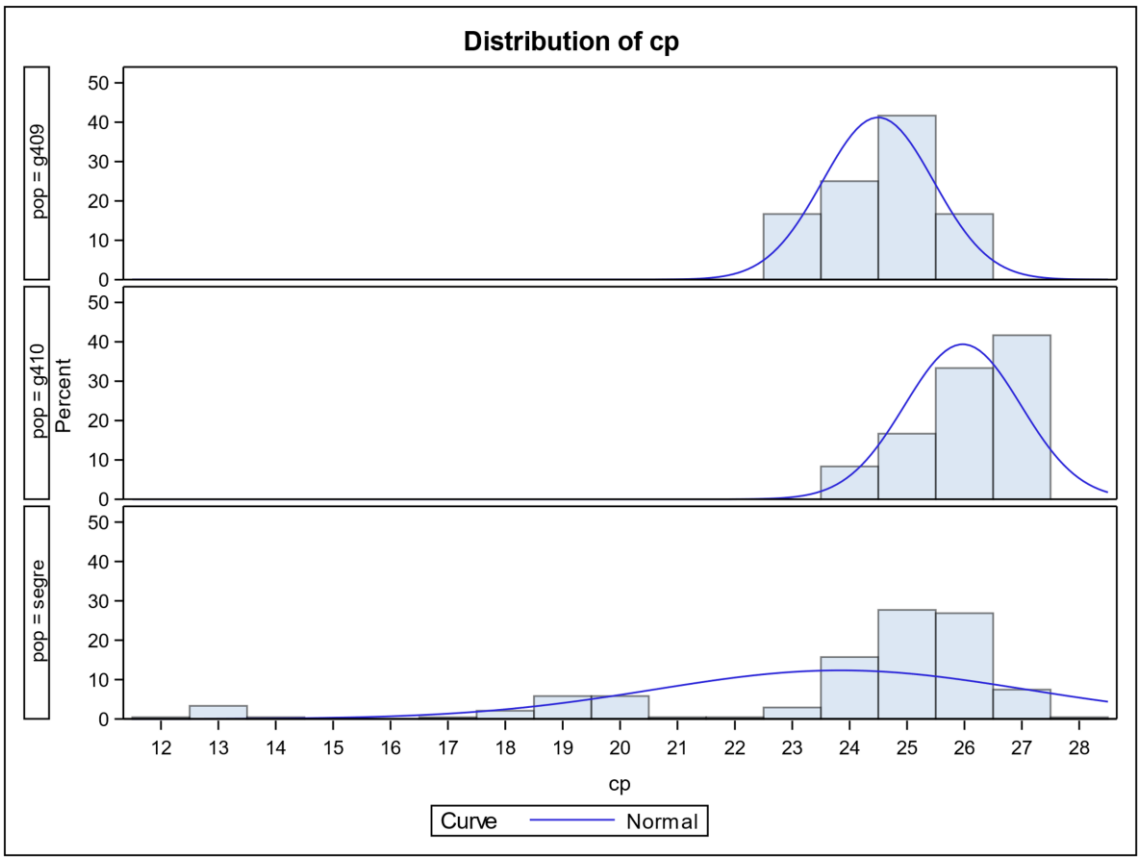

Figura 4. Histograma e distribuição normal para caractere comprimento da panícula (CP) principal na população de famílias segregantes e seus genitores BR-IRGA 409 e BR-IRGA 410.

Para o caractere peso de grãos da panícula principal, foi identificada somente uma classe com fenótipo superior aos genitores, por esta razão tem segregantes inferiores aos genitores (Figura 5).

SILVA (2016) encontrou valores de massa de grãos por planta entre 12 e 72 g sendo que a maioria dos segregantes apresentaram valores inferiores aos genitores.

Para um conjunto de cultivares desenvolvidas no Brasil entre 1972 e 2016, a média de massa de 1000 grãos resultou 29,62 g (STRECK, 2017).

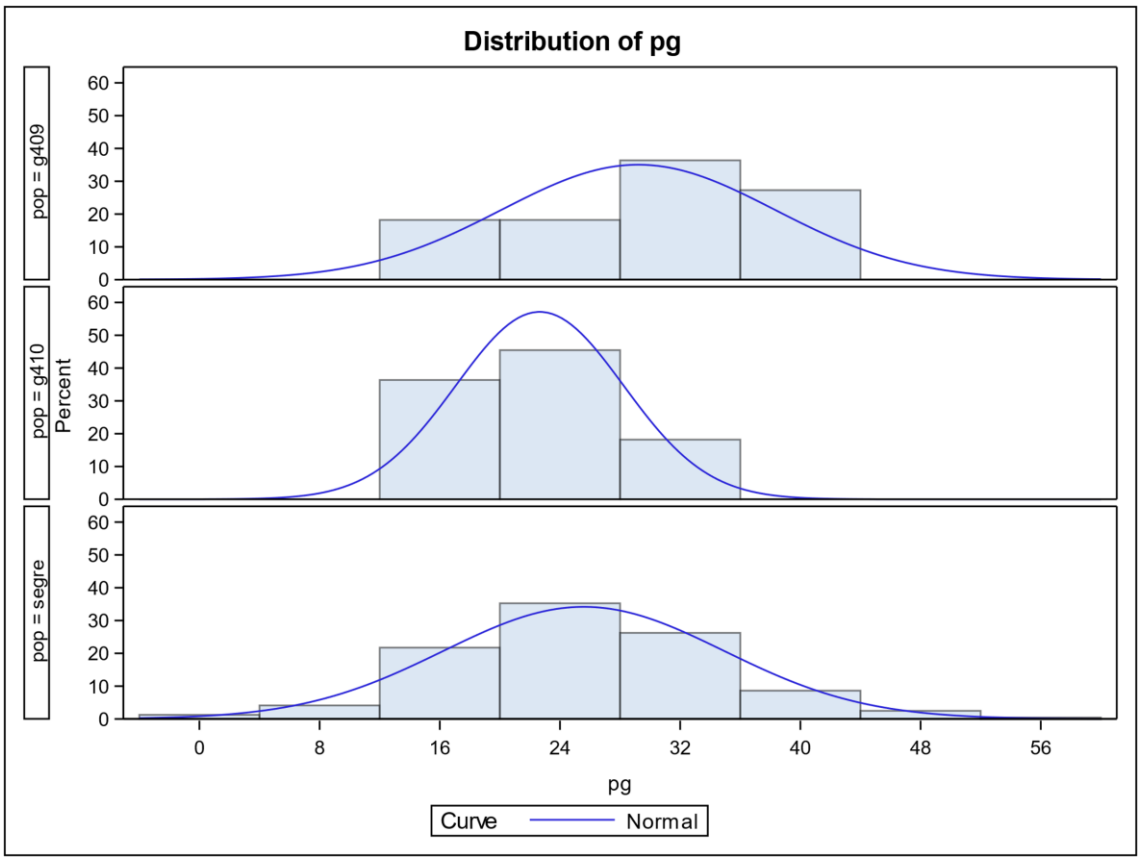

Figura 5. Histograma e distribuição normal para caractere peso de grãos da panícula (PG) principal na população de famílias segregantes e seus genitores BR-IRGA 409 e BR-IRGA 410.

4.1.2 Estimativas de herdabilidade

Existem diferentes modelos que possibilitam fazer estimativas da herdabilidade em diferentes delineamentos experimentais e em diferentes delineamentos genéticos. Neste trabalho foi utilizado um modelo no qual a variância fenotípica dos segregantes é obtida pela análise de variância (ANOVA) em delineamento de Blocos Aumentados de Federer, sem repetições das famílias avaliadas. Para obtenção de valores de variação do ambiente (resíduo ou erro da ANOVA) os genitores foram distribuídos dentro de cada bloco, possibilitando assim estimar o valor da variância de ambiente, conforme mostrado na Tabela 2.

Tabela 2. Valores de Quadrado Médio oriundos da Anova para diferentes caracteres nas famílias e genitores.

F.V.	NA	AP	NP	CP	PG
Famílias	17,86	144,45	18,72	10,48	87,29
Genitores	14,86	316,66	28,18	13,05	236,57
Ambiente	11,93	32,27	11,96	0,98	57,10

* número de repetições (média) para cada genitor = 12

F.V: fonte de variação, NA: números de afilhos, AP: altura por planta, CP: comprimento da panícula principal, NP: número de panícula por planta, PG: peso de grãos da panícula principal.

Número de afilhos

A herdabilidade para número de afilhos em arroz é muito variável, dependendo dos genótipos utilizados nos cruzamentos. AKINWALE et al. (2011) encontrou valores de herdabilidade no sentido amplo de 19,2% com coeficientes de variação genética (CV genética) de 5,95% e coeficientes de variação fenotípica (CV fenotípica) de 13,71%. Demais autores encontraram valores entre 19,2 e 75,20% (CV fenotípica) e entre 5,95 e 15,25% (GOVINTHARAJ et al., 2018; NITHYA et al., 2020). Estes valores são próximos aos resultados obtidos neste trabalho, com herdabilidade em sentido amplo (H^2) de 85% e CV genotípico de 17.72% (Tabela 3).

O número de afilhos no arroz é uma das principais características que determina a arquitetura da planta, pois um número excessivo causa aumento de afilhos improdutivos e redução da área foliar, resultando em perda na eficiência fotossintética por sombreamento (ZHAO et al., 2020).

Muito genes associados a mudanças no meristema axial alteram o afilhamento, sendo os genes que mais afetam o afilhamento são: *LAX PANICLE1 (LAX1)* e *MONOCULM1 (MOC1)* e *TEOSINTE BRANCHED1* (OsTB1), codificadores de fatores de transcrição (ZHAO et al., 2020, ISHIZAKI et al., 2023).

Altura da planta

A alta herdabilidade estimada para altura de plantas foi de 97,66% com CV genotípico de 12,32% (Tabela 3), indicando que não existem diferenças entre os genitores para esse caráter, pois houve pouca segregação.

Valores de herdabilidade no sentido amplo (H^2) entre 56,8 e 87,1 cm para populações segregantes testadas em dois locais e dois anos e com valores de CV genotípico e coeficientes de variação de ambiente (CV ambiente) de 6,14 e 7,24 respectivamente, foram descritos por SANTOS et al., (2001). SILVA et al., (2020) avaliou 245 RILs (F7) oriundas do cruzamento entre 'Epagri 108' (*indica*) x 'IRAT 122' (*japonica*) em três locais e três anos e encontrou valores de herdabilidade no sentido amplo entre 57 e 94% com CV entre 5,34 e 13,94%. Demais estudos encontraram valores entre 57 e 95% com valores de CV genotípico entre 3,18 e 12,59% e CV% entre 3,15 e 13,53% (AKINWALE et al., 2011, NITHYA et al., 2020) (KANOTE et al., 2016, GOVINTHARAJ, et al., 2018).

A altura de planta em arroz é uma característica quantitativa, controlada por muitos genes distribuídos por todos os cromossomos *QTLs.* Em estudo recente desenvolvido por ZENG et al. (2019) foram detectados 53 QTLs para essa característica.

De maneira geral, características controladas por muitos QTLs apresentam baixa herdabilidade, em cruzamentos contrastantes. O resultado de alta herdabilidade obtido neste estudo pode ser explicado pelo alto nível de parentesco entre os genitores, que possivelmente possuem alelos parecidos para muitos locos de importância agronômica.

Número de panículas por planta

Valores de herdabilidade no sentido amplo entre 16 e 63% para número de panícula por planta, são descritos por AKINWALE et al., (2011) e H^2 de 64,40% com CV genotípico de 11,63% por KONATE et al., (2016). Conforme mostrado na Tabela 3, os resultados obtidos neste trabalho foram superiores,

com H^2 de 87,06%. Isso possivelmente tenha ocorrido devido à baixa segregação em resposta a base genética muito próxima entre os genitores.

O número de panículas por planta é uma característica controlada por muitos genes e mantem relação com o número de afilhos. De maneira geral este caráter é controlado pelos fitohormônios com o as auxinas, giberelinas, citocininas, ácido abscísico (ABA), etileno e pelo fator de transcrição *LAX PANICLE* (*LAX*). Além disso, outro fator de transcrição *OsTB1* (*TEOSINTE BRANCHED1*), que também controla número de afilhos, tem efeitos de aumentar ou reduzir número e tamanho de panículas (ISHIZAKI et al., 2023).

Comprimento da panícula principal

Para comprimento da panícula principal um baixo CV genotípico (12,93%) e alta herdabilidade (99,15%) foram observados (Tabela 3). Na literatura valores de H^2 entre 32,59 e 91% acompanhados de CVg entre 4,65 e 17% foram descritos por AKINWALE et al., (2011).

O tamanho de panículas é uma característica agronômica muito importante, pois juntamente com o número de espiguetas e peso de grãos alteram diretamente o potencial de rendimento do genótipo. Atualmente poucos genes associados a este caractere foram identificados (*GS3, GS5, GW2, GW5, GW8, Gn1, GL3* e *GIF1),* embora seja de herança quantitativa é fortemente controlada por poucos QTLs (LIU et al., 2016).

Peso de grãos da panícula principal

O peso de grãos da panícula principal apesar de mostrar CVg elevado (21,48%) resultou em bom índice de herdabilidade (86,38%). O resultado obtido neste estudo é de difícil comparação com demais trabalhos da literatura, pois de maneira geral os trabalhos utilizam “peso de 1000 grãos” para estimar este componente do rendimento.

Segundo AKINWALE et al., (2011) a herdabilidade no sentido amplo para “peso de 1000 grãos” é de 21,7% com CVg de 5,52%, H^2 entre 74 e 85% para peso de 100 grãos (SILVA et al., 2022).

O peso de grãos desempenha um papel crucial no rendimento do arroz, sendo determinado pela interação entre o comprimento, largura e espessura do grão. Até o momento, aproximadamente 500 QTLs foram identificados em cruzamentos, associados ao controle desse atributo. No entanto, observa-se uma variação no número QTLs, dependendo do grupo de genótipo utilizado nos cruzamentos, com um menor número de QTLs, com maior efeito em genitores que apresentam elevado parentesco (ZHANG et al., 2020).

Tabela 3. Resultados dos parâmetros genéticos para as diferentes variáveis

Parâmetro	NA	AP	NP	CP	PG
$V_{famílias}$	17,86	144,44	18,72	10,48	87,29
$V_{Ambiente}$	11,96	32,27	11,96	0,98	57,10
$V_{Genética}$	5,92	112,17	6,72	9,49	30,18
H^2	85,64%	97,66%	87,06%	99,15%	86,38%
$CVg_{famílias}$%	17,72%	12,32%	19,15%	12,93%	21,48%
$CVe_{famílias}$%	25,14%	6,10%	25,58%	4,16%	29,54%
$CVe_{genitores}$%	25,86%	6,20%	24,62%	3,00%	29,14%

NA: números de afilhos AP: altura por planta, CP: comprimento da panícula principal, NP: número de panícula por planta, PG: peso de grãos da panícula principal.

4.1.3 Análise de variância e identificação de segregantes transgressivos

Identificação do tipo de distribuição das variáveis

As análises dos tipos de distribuições dos dados fenotípicos indicaram que somente o caráter PG (peso de grãos da maior panícula) teve distribuição normal enquanto as demais (número de afilhos por planta, altura de planta, número de panículas e comprimento da panícula principal) tiveram distribuição gamma, conforme mostrado nas Figuras 6, 7, 8, 9 e 10 e Tabela 4.

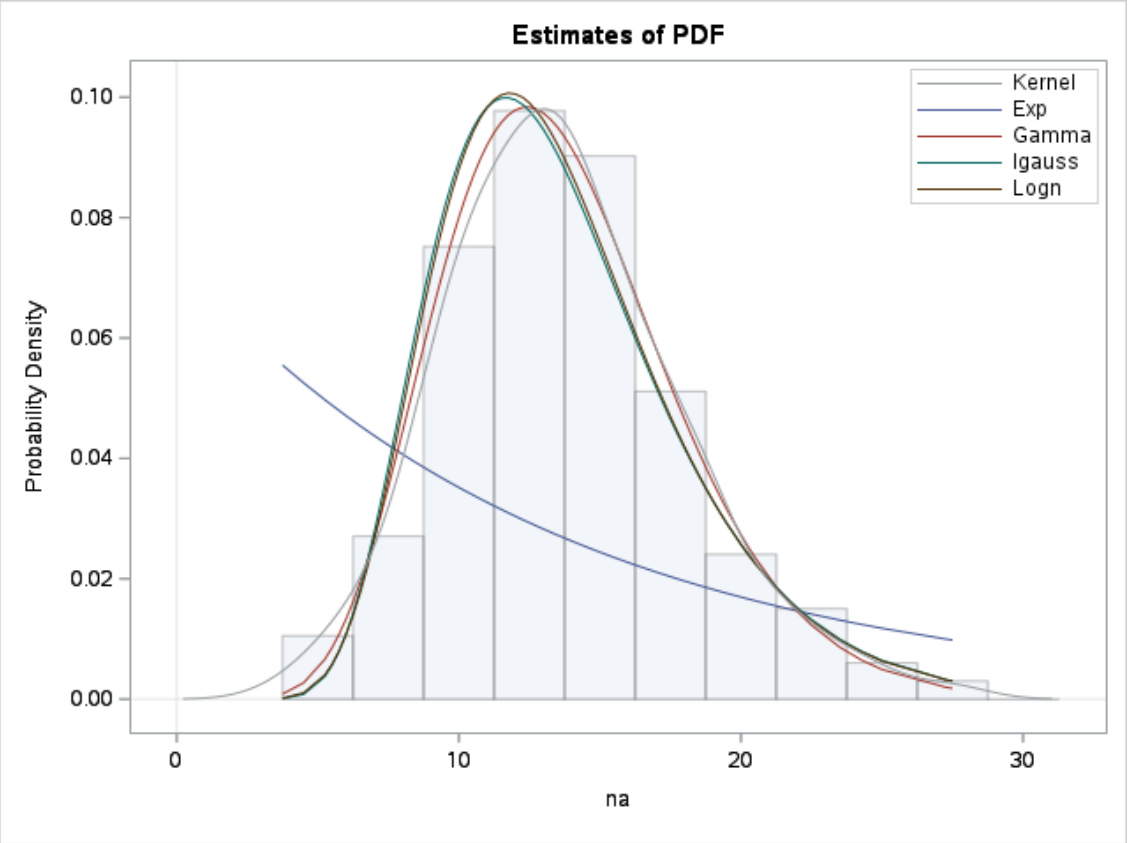

Figura 6. Visualização das distribuições testadas para variável número de afilhos.

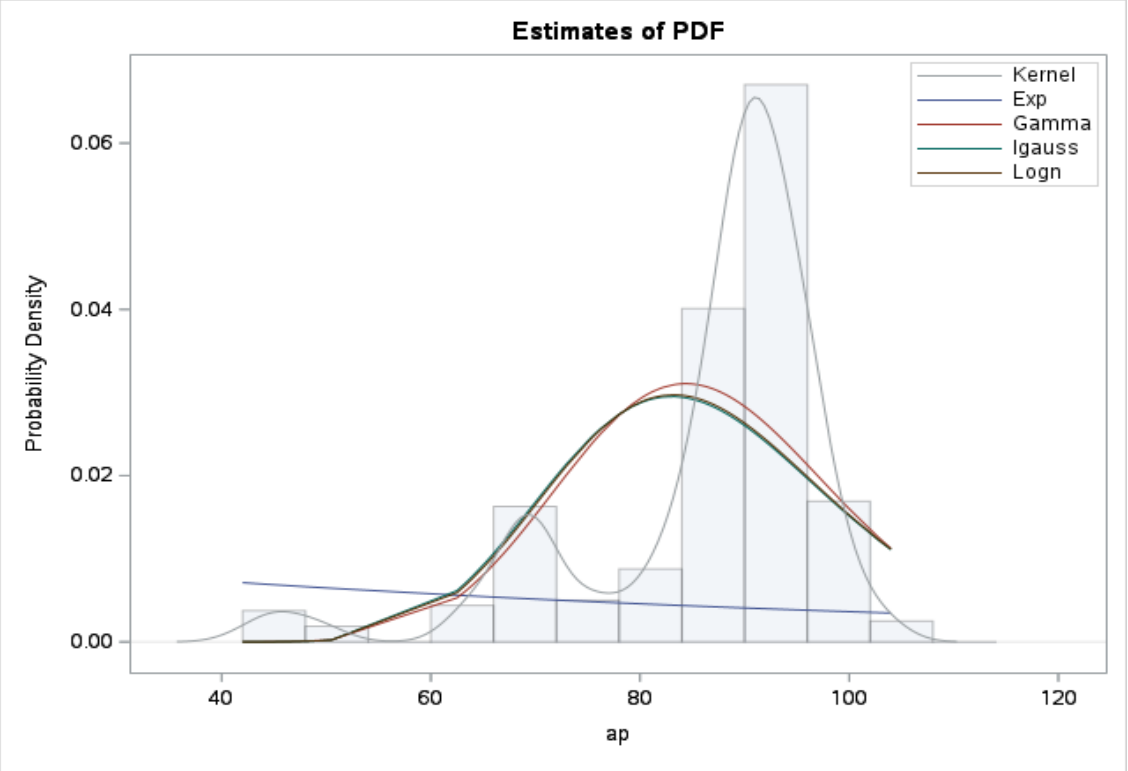

Figura 7. Visualização das distribuições testadas para variável Altura de planta.

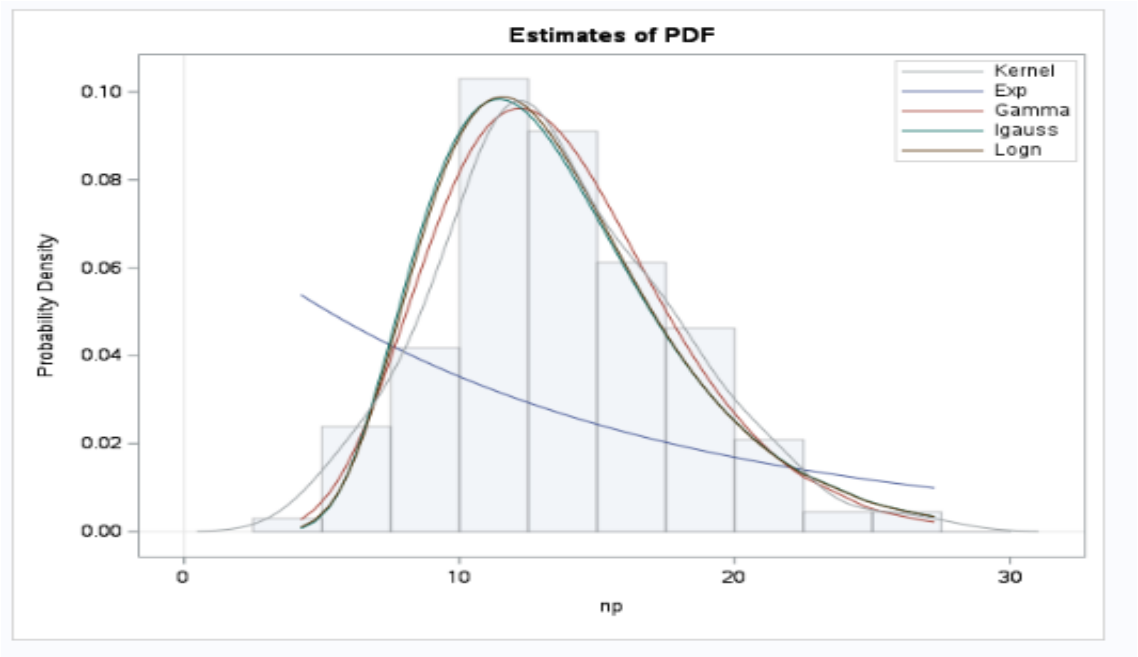

Figura 8. Visualização das distribuições testadas para variável número de panículas.

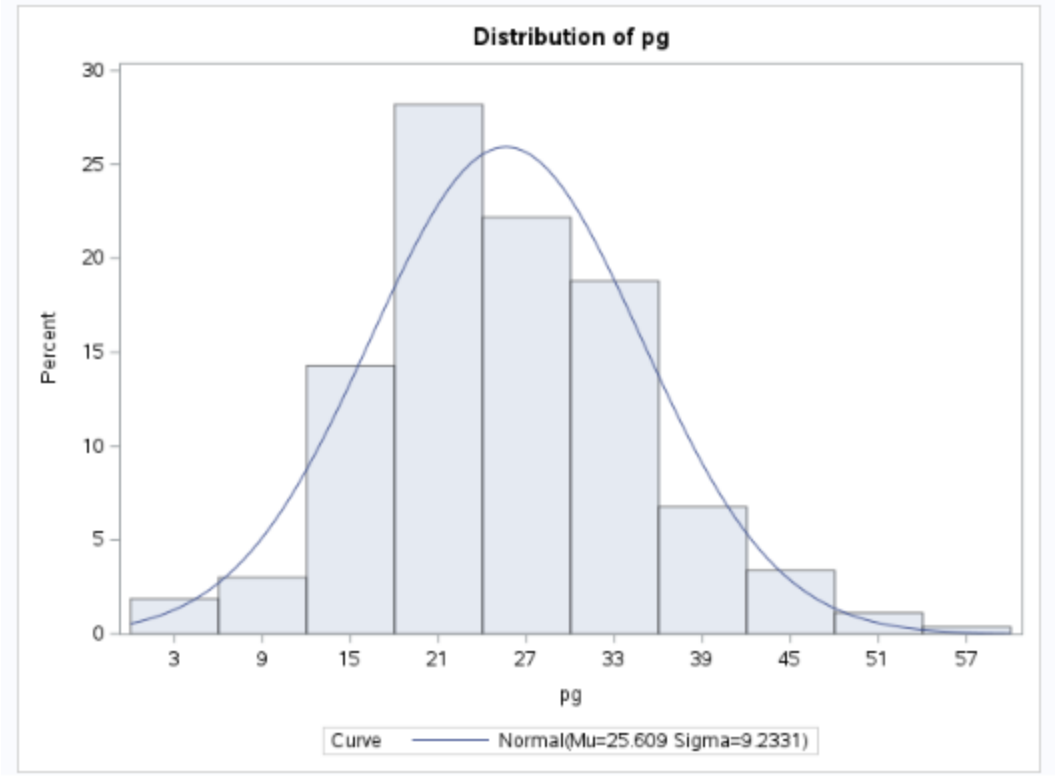

Figura 9. Visualização das distribuições testadas para variável comprimento da panícula principal.

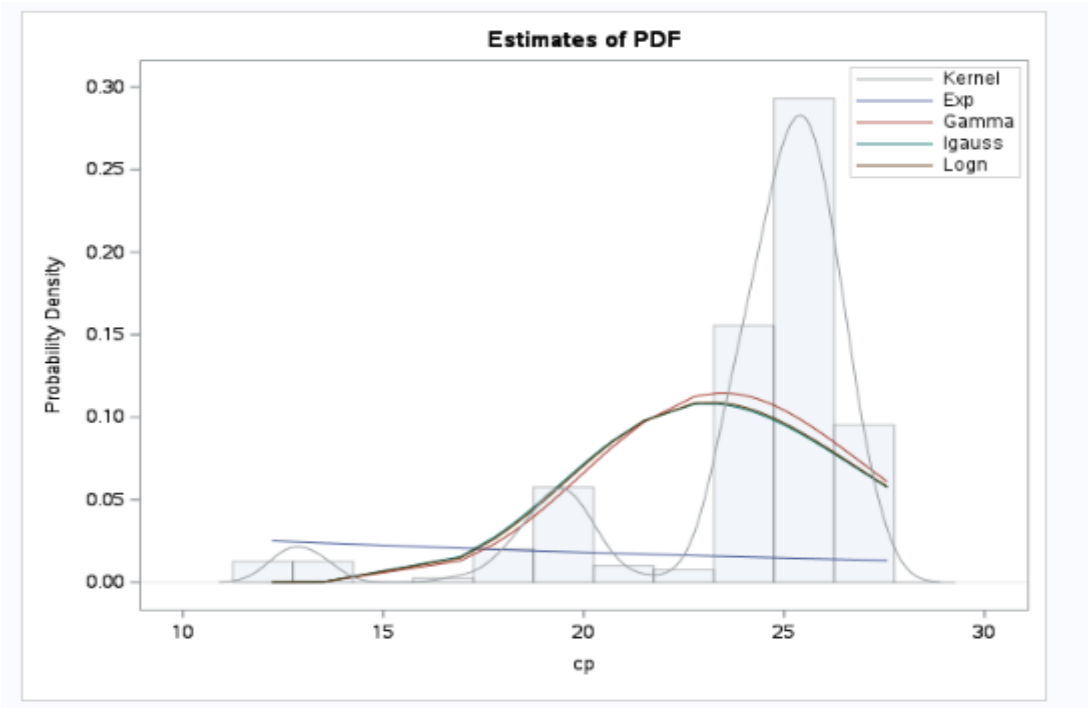

Figura 10. Visualização das distribuições testadas para variável peso de grãos da panícula principal.

Tabela 4. Resumo das distribuições selecionadas para as diferentes variáveis.

Distribuição	NA	AP	NP	CP	PG
Normal					x
Gamma	x	x	x	x	
Exponencial					
Inv.Gauss					
LogNormal					

NA: número de afilhos, AP: altura por planta, NP: número de panícula por planta, CP: comprimento de panícula principal, PG: peso grãos de panícula principal.

Análise de variância e médias

A análise de Variância (ANOVA) é amplamente utilizada em experimentos de agricultura e melhoramento de plantas. Umas das exigências dessa técnica é que a variável a ser estudada tenha a distribuição normal dos seus resíduos. Frequentemente esta exigência não pode ser atendida, sendo necessária a transformação da variável até que esta atenda esta pressuposição.

Recentemente foram criados modelos conhecidos como *Generalized Linear Mixed Models (GLMMs)* que possibilitam a análise de quaisquer dados que não atendam essa exigência da ANOVA e que os dados atendam o padrão de algum tipo de distribuição exponencial conhecida (Gamma, Poisson, Binomial, LogNormal, Inversa de Gauss etc.).

Neste sentido, excluindo a variável peso de grãos da maior panícula que teve distribuição normal (tabela 4) as demais foram analisadas utilizando um modelo GLMM implementado no procedimento *proc glimmix* do SAS.

Todas as variáveis tiveram diferença significativa pelo teste F, conforme mostrado na tabela 5.

Tabela 5. Resumo da análise de variação das diferentes variáveis.

F.V.	NA	AP	NP	CP	PG
Famílias	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001

F.V: fonte variação, AP: altura por planta, CP: comprimento da panícula principal, NA: números de afilhos, NP: número de panícula por planta, PG: peso de grãos da panícula principal.

Com base no teste de Dunnett, utilizando o genitor BR-IRGA 409 como testemunha, foram identificadas as quantidades de famílias superiores ou inferiores para cada variável (Tabela 6). De maneira geral os caracteres de importância agronômica desejáveis em indivíduos superiores aos genitores (número de afilhos e comprimento de panícula) tiveram uma boa porcentagem de indivíduos (19 e 24%), entretanto, os caracteres número de panículas por planta e peso de grãos tiveram poucos indivíduos superiores (7 e 4%) (Tabela 6). Para o caractere altura de planta, com foco da seleção em indivíduos inferiores, o cruzamento também foi bom, com 20% de plantas menores que o genitor (Tabela 6).

Tabela 6. Resumo da quantidade e porcentagem de famílias superiores ou inferiores ao genitor BR- IRGA 409, identificadas pelo teste de Dunnett.

	NA	AP	NP	CP	PG
Superiores	46	52	17	60	11
%	19%	21%	7%	24%	4%
Inferiores	25	50	69	48	64
%	10%	20%	28%	19%	26%

AP: altura por planta, CP: comprimento da panícula principal, NA: números de afilhos, NP: número de panícula por planta, PG: peso de grãos da panícula principal.

4.2 Experimento 2

4.2.1 Correlações e regressões

Para o melhorista o conhecimento das correlações entre variáveis é de grande importância, pois algumas dessas correlações, podem indicar segregação mútua positiva ou negativa na expressão de certos caracteres, influenciando no processo de seleção do melhoramento vegetal.

Os coeficientes de correlação são apresentados na Tabela 7 para os caracteres analisados. A maioria das associações foram significativas em no mínimo 0.05 de probabilidade, entretanto, de maneira geral, a maioria das correlações apresentaram valores baixos, conforme descrito CARVALHO et al., (2004).

Tabela 7. Estimativas dos coeficientes de correlação linear de Pearson entre os caracteres altura de planta, dias para floração (dflor), número de panículas (np), comprimento da maior panícula (cmp), peso da maior panícula (pmp), número de grãos cheios (ngc), número de grãos vazios (ngv) e porcentagem de número de grãos cheios (%ngc).

	altura	dflor	np	cmp	pmp	ngc	ngv	%ngc
altura	1.00	-0.17	0.15	0.36	0.28	0.23	0.13	*ns*
dflor		1.00	*ns*	-0.10	*ns*	*ns*	0.06	0.06
np			1.00	0.35	0.36	0.36	0.12	*ns*
cmp				1.00	0.54	0.51	0.09	0.14
pmp					1.00	0.92	*ns*	0.38
ngc						1.00	*ns*	0.47
ngv							1.00	-0.85
%ngc								1.00

Para melhor compreensão dos fenômenos, em conjunto com os resultados das correlações entre os pares de variáveis, também é possível verificar a dispersão dos dados na forma de gráficos de regressão linear simples, onde são mostrados o valor do intercepto de cada variável y e o grau de aumento ou redução dessa em função da variável x.

A associação entre a altura de planta e dias da floração (dflor), apesar de apresentar baixa magnitude, indicou uma tendência negativa de -0,17 na

correlação entre essas duas variáveis (Tabela 7). Conforme mostrado na regressão linear (Figura 11), embora bastante pequena, a redução no porte dos genótipos tem impacto no aumento do ciclo do mesmo indivíduo.

Avaliando germoplasma cultivado desde a década de 50 em Minas Gerais, CARGNIN et al., (2010) encontraram correlação positiva de 0,92 entre altura de plantas e dias para floração. SILVA (2020) analisou RILs oriundas do cruzamento entre os genótipos BRS Querência e Nipponbare e encontrou correlação de 0,19 entre altura de plantas e dias para floração. TERRA et al., (2017) analisou 86 genótipos utilizados no estado de Tocantins e encontrou correlação de 0,76 entre altura de plantas e dias para floração. Em outros estudos realizados em outros países, AKINWALE et al., (2011) encontrou correlação de -0,49 entre altura e dias para a floração em 20 genótipos de arroz no International Institute of Tropical Agriculture (Nigeria). Estudando 22 genótipos do IRRI foi encontrada correlação de -0,008 entre dias para floração e altura de plantas (SALEH et al., 2020). Para ABREU et al., (2016), ATSEDEMARIYAM (2018), THUY et al., (2023), BATHI et al., (2015) e SRIJAN et a., (2016) os valores encontrados foram de -0,51, -0,15, 0,12, 0.08 e 0,24, respectivamente, para a correlação entre altura e dias para floração.

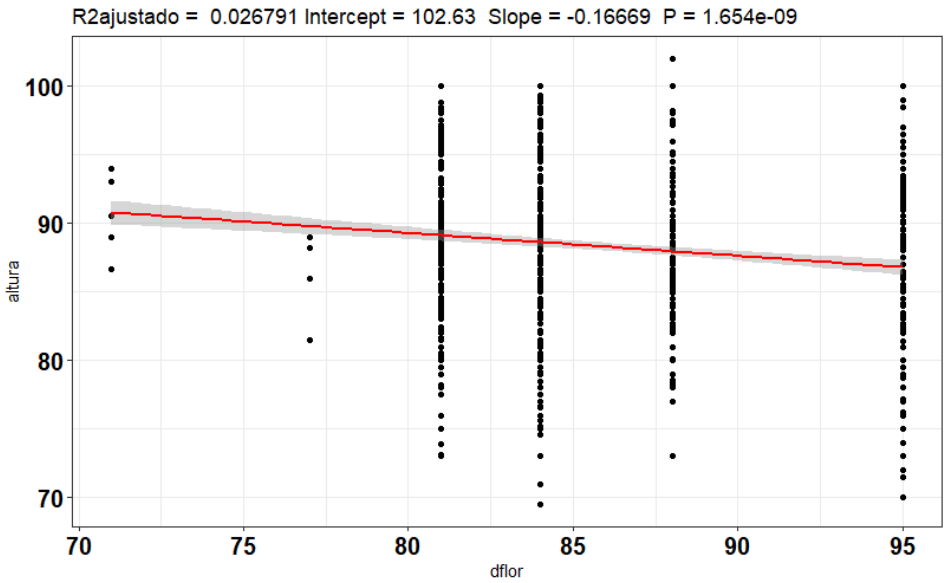

Figura 11. Regressão linear simples entre os caracteres altura de plantas e dias da floração.

A altura de planta e o número de panículas (np) mostrou uma tendencia positiva (*r* = 0,15) de associação (Tabela 7), indicando que, a seleção de genótipos com maiores panículas resultará em genótipos maios altos (Figura 12). Com base em genótipos utilizados no Brasil, SILVA (2020) encontrou associação negativa (r= -0,086) entre altura e número de panículas por planta, enquanto, ABREU et al., (2016) encontrou correlação de -0,23 entre essas variáveis.

Outros valores variaram entre -0,44 (AKINWALE et al., 2011), -0,24 (SALEH et al., 2020), -0,15 (ATSEDEMARIYAM, 2018), 0,08 (BHATI et al., 2015) e 0,10 (SRIJAN et a., 2016).

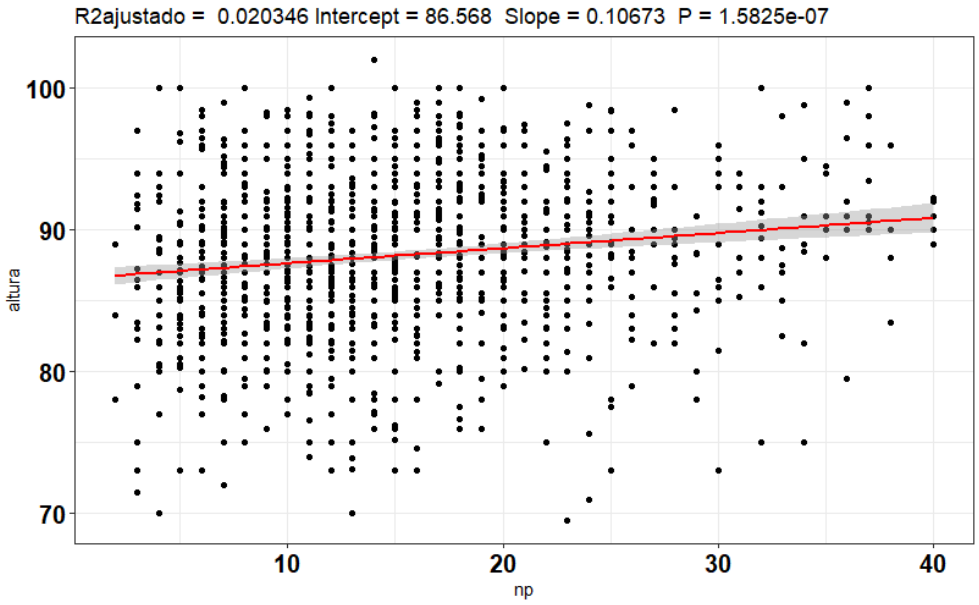

Figura 12. Regressão linear simples entre os caracteres altura de plantas e dias da floração.

Um padrão de associação importante foi encontrado entre altura de planta e comprimento da maior panícula (pmp) com correlação de 0,36 (Tabela 7), indicando grande tendência de redução no tamanho da panícula principal em função da redução da estatura dos genótipos, conforme indicado na regressão (Figura 13). SILVA (2020) encontrou correlação de 0,52 entre essas duas variáveis em cruzamento entre BRS Querência e Nipponbare. Resultados de correlação positiva também foram publicados por KIRANMAYEE et al., (2018), ATSEDEMARIYAM (2018), THUY et al., (2023) e BHATI et al., (2015) com magnitudes de 0,28, 0,41, 0,45, 0,49, respectivamente. Contrariamente as

correlações positivas, SALEH et al., (2020) e AKINWALE et al., (2011) encontraram valores de correlação entre -0,25 e -0,50, respectivamente.

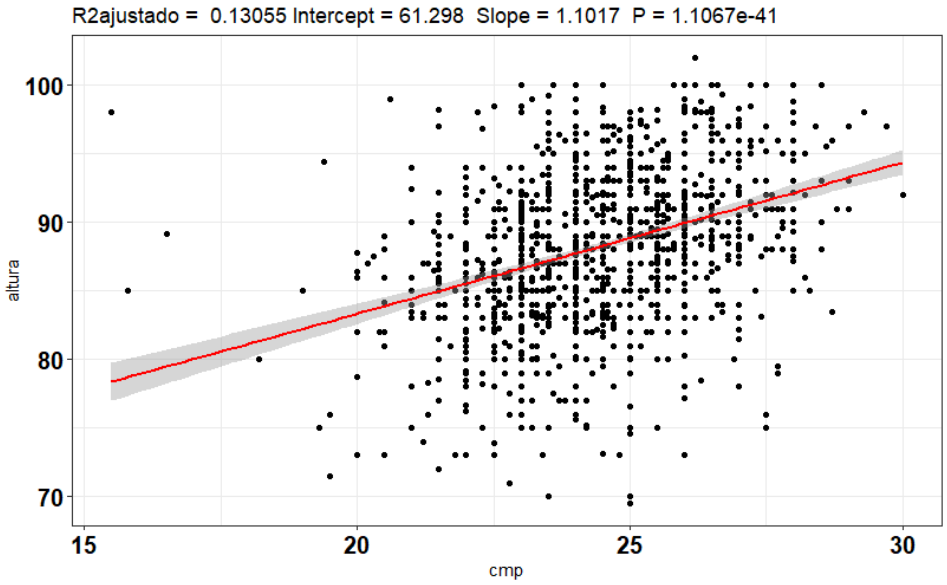

Figura 13. Regressão linear simples entre os caracteres altura de plantas e comprimento da maior panícula.

Bem como aconteceu na correlação e regressão entre as variáveis altura de planta e comprimento da maior panícula (cmp), há correlação de 0,28 entre altura e peso total de grãos da maior panícula (pmp) (Tabela 7), também indica tendência de maior produtividade em plantas de maior estatura (Figura 14).

CARGNIN et al., (2020) encontraram correlação positiva de 0,77-0,95 entre os caracteres altura de plantas e peso de grãos. LOPES (2002) avaliando uma população de seleção recorrente CNA1 no Rio Grande do Sul encontrou correlação de -0,53 entre estatura de plantas e rendimento de grãos. De maneira geral a correlação destas duas variáveis foi positiva, assim como em outros estudos como 0,15 (SILVA, 2020), 0,26 (KIRANMAYEE et al., 2018) e 0,44 entre altura de plantas e rendimento de grãos por planta (BHATI et al., 2015).

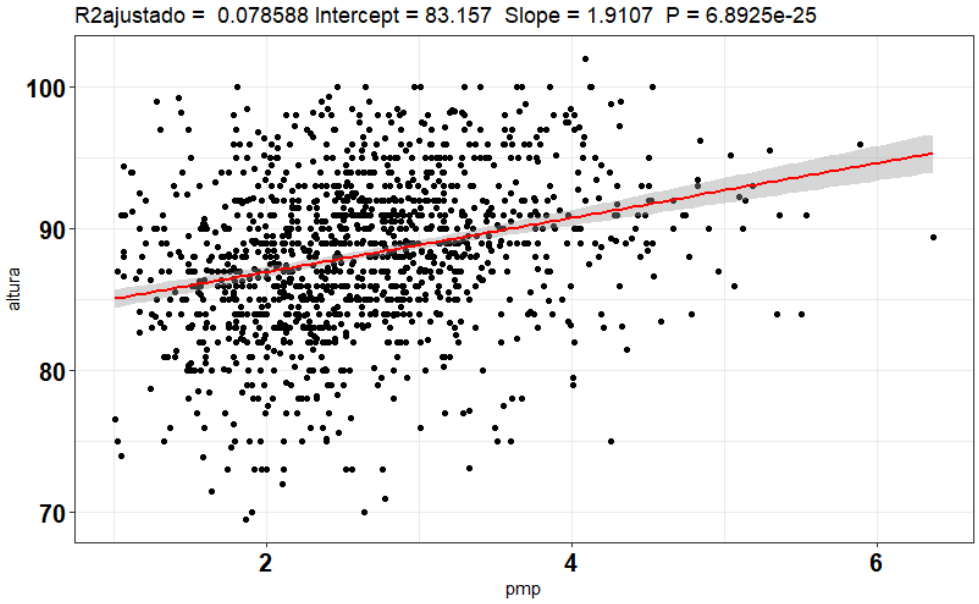

Figura 14. Regressão linear simples entre os caracteres altura de plantas e peso total de grãos da maior panícula.

O incremento da estatura das plantas resulta em melhores reflete positivamente nos valores médios do comprimento da maior panícula (cmp), associado ao peso total de grãos da maior panícula (pmp). Essa tendência pode ser atribuída, em parte, à elevada correlação entre cmp e pmp (r = 0,54), como, evidenciado na Figura 15. Notavelmente, as panículas de maior dimensão também apresentam os maiores pesos totais de grãos. SILVA (2020) descreveu correlação de 0,17 entre comprimento de panícula e massa de 100 grãos. BHATI et al., (2015) encontrou correlação de 0,25 entre tamanho de panícula e rendimento de grãos e KIRANMAYEE et al., (2018) encontrou correlação de 0,14 entre tamanho da panícula e peso da panícula.

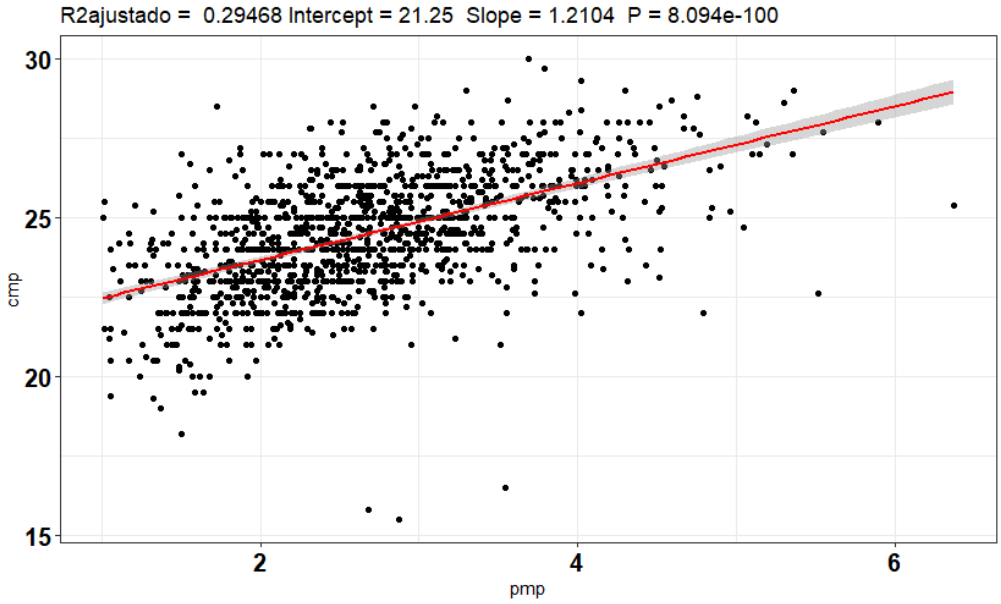

Figura 15. Regressão linear simples entre os caracteres comprimento da maior panícula (cmp) e peso total de grãos da maior panícula (pmp).

A correlação entre altura de planta e número de grãos cheios da maior panícula (ngc), foi de 0,23 (Tabela 7). Embora de baixa magnitude, essa associação sugere que plantas mais altas podem contribuir para uma maior produtividade, em função da linearidade entre os acréscimos nas duas variáveis (Tabela 7 e Figura 16).

SILVA (2020) descreveu correlação de 0,13 entre altura de plantas e número de espiguetas férteis enquanto SRIJAN et a., (2016) encontrou correlação de 0,22 entre altura e porcentagem de espiguetas férteis. Contrariamente, KIRANMAYEE et al., (2018) encontrou correlação de -0,09 entre altura de plantas e porcentagem de espigueta férteis.

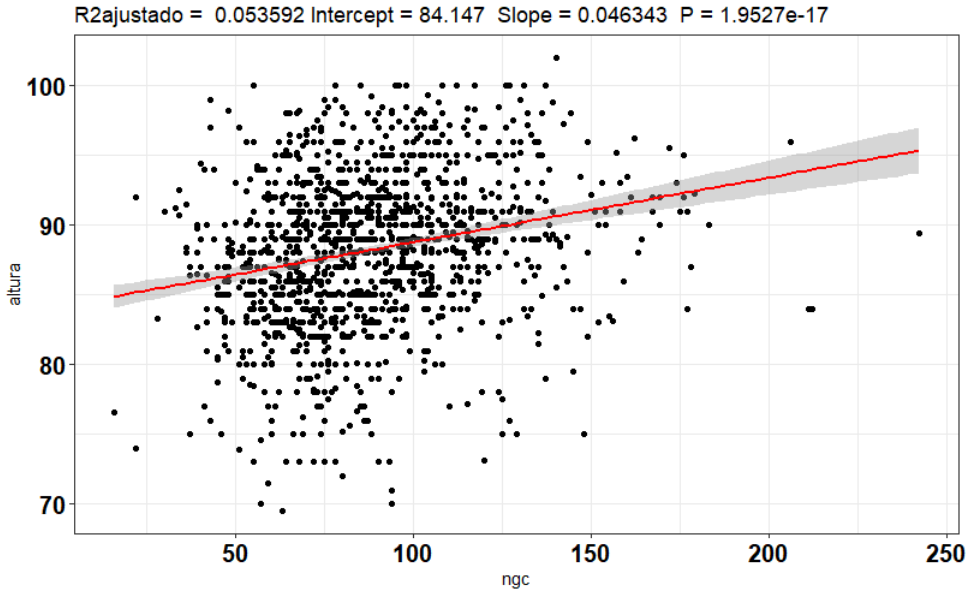

Figura 16. Regressão linear simples entre os caracteres altura de planta e número de grãos cheios na maior panícula (ngc).

A relação identificada entre a altura e o número de grãos cheios na maior panícula (ngc) provavelmente se deve ao fato de que as plantas mais altas apresentam panículas de maior tamanho. Nestas plantas, a presença de um maior número de grãos, resulta em uma contagem de mais elevada de grãos cheios, como evidência pela correlação significativa de 0,51 entre o comprimento do maior número de panícula (cmp) e o número de grãos cheios (ngc), conforme demostrado na tabela 7 e na Figura 17. Em estudos realizados por SRIJAN et a., (2016) foi observada correlação de 0,07 entre tamanho de panícula e porcentagem de espiguetas férteis.

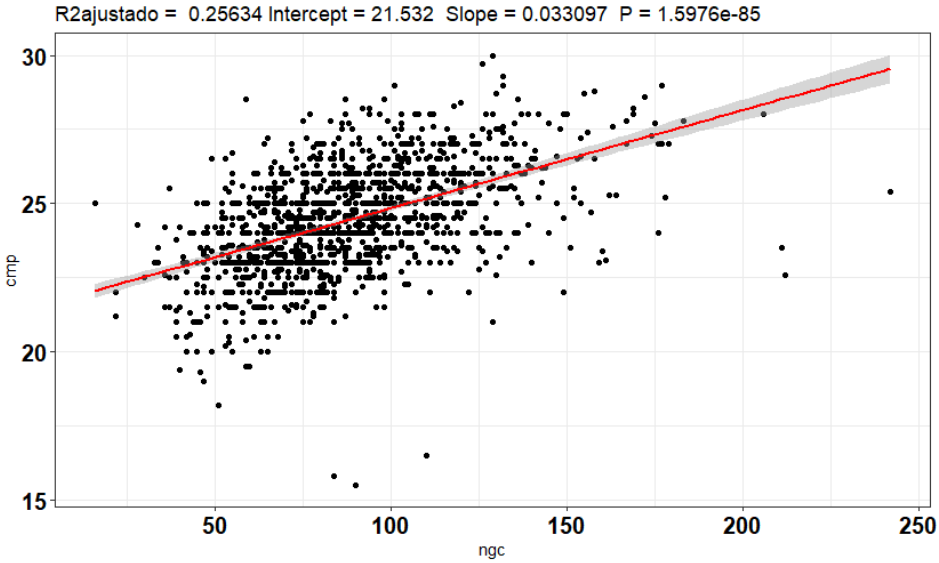

Figura 17. Regressão linear simples entre os caracteres comprimento da maior panícula (cmp) e número de grãos cheios na maior panícula (ngc).

Pelo mesmo fato de que as planta mais altas apresentaram panículas maiores resultando num maior número total de grãos, possivelmente essa seja a explicação da correlação entre altura e espiguetas estéreis (ngv), com correlação de 0,13 (Tabela 7 e Figura 18), pois em plantas com maior número de grãos, essas também terão maior número de espiguetas estéreis. SRIJAN et a., (2016) encontrou correlação de 0,22 entre altura de plantas e porcentagem de espiguetas férteis. Correlações negativas de -0,22 e nulas foram encontradas por CARGNIN et al., (2020) para as variáveis altura e número e espiguetas estéreis.

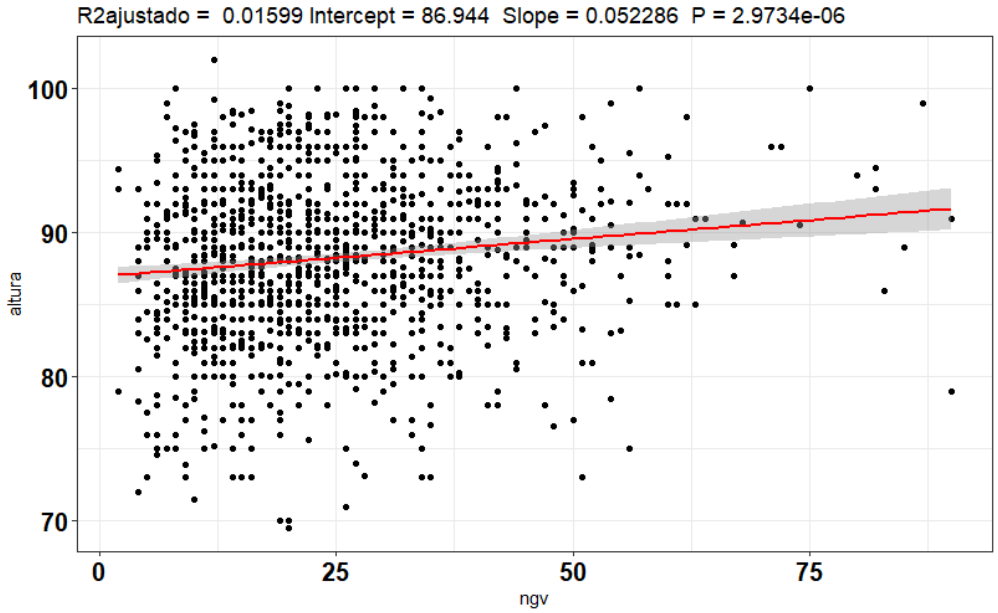

Figura 18. Regressão linear simples entre os caracteres altura de planta e número de grãos vazios na maior panícula (ngv).

A correlação de -0,10 entre dias para a floração (dflor) e comprimento da maior panícula (cmp) (Tabela 7), mostraram um padrão de associação interessante para o melhoramento, pois, mesmo que de baixa magnitude, as plantas com menor período entre a semeadura e o florescimento (ciclo) também tem os maiores tamanhos de panícula principal (pmp) (Figura 19).

Resultados semelhantes a esses foram descritos por THUY et al., (2023) em 55 genótipos cultivados na Índia onde a correlação foi de 0,01 entre dias para floração e comprimento da panícula e para BHATI et al., (2015) o valor foi de -0,04. Ao contrário desses resultados, SILVA (2020) encontrou correlação de 0,17, KIRANMAYEE et al., (2018) de 0,33 e AKINWALE et al., (2011) de 0,38.

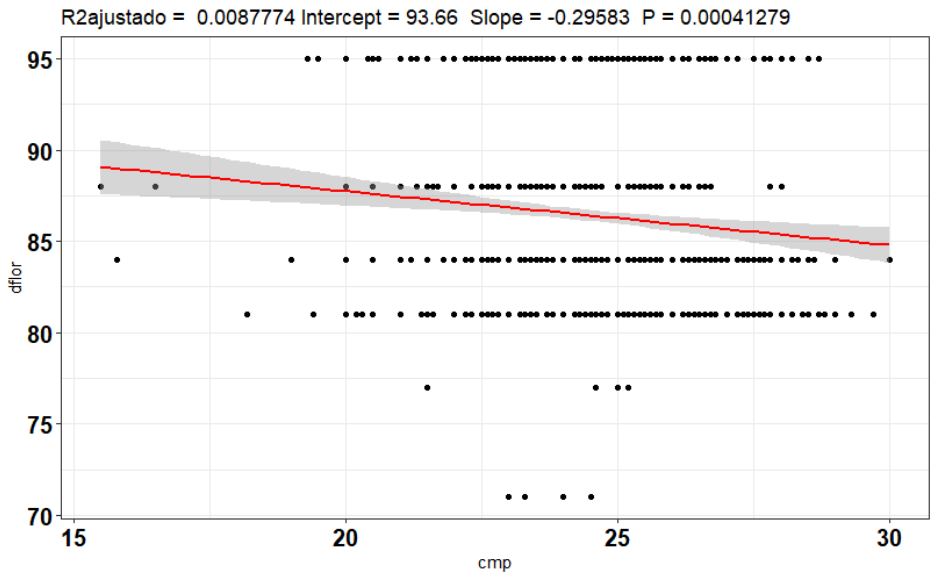

Figura 19. Regressão linear simples entre os caracteres dias para floração e comprimento da maior panícula (cmp).

A variável número de panículas por planta (np) apresentou valores de correlação entre 0,35 e 0,36 em relação as variáveis comprimento da maior panícula (cmp), peso da maior panícula (pmp) e número de grãos cheios (ngc) e correlação de menor magnitude para o caractere número de espiguetas estéreis (ngv) (Tabela 7). A análise dos resultados das regressões entre np e as essas variáveis (Figuras 20,21,22 e 23) indicam que este caractere é bastante importante na seleção, pois, além de seu impacto *per se* nos componentes do rendimento ela também reflete o fato de que, genótipos com maior número de panículas por planta também resultam em genótipos com panícula maiores (cmp) e mais pesadas (pmp), bem como maior número de grãos cheios (ngc).

SRIJAN et a., (2016) encontrou correlação de 0,15 entre número de panícula e comprimento da panícula e 0,34 entre número de panícula e produtividade por planta. Por outro lado, SILVA (2020) descreveu que a correlação entre número de panículas e comprimento de panículas de -0,18 e THUY et al., (2023) encontraram magnitude ainda maior (r=-0,27) para a mesma análise.

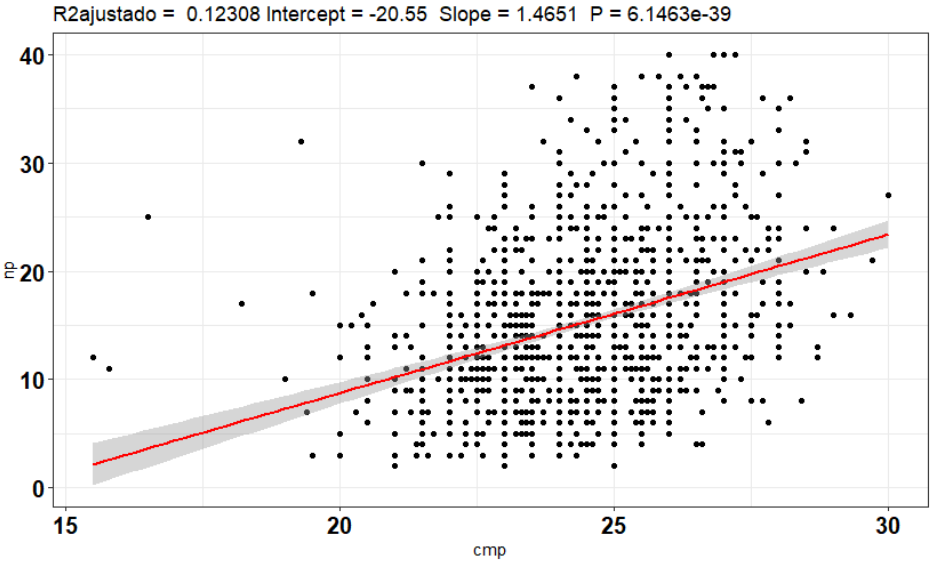

Figura 20. Regressão linear simples entre os caracteres número de panículas (np) e comprimento da maior panícula (cmp).

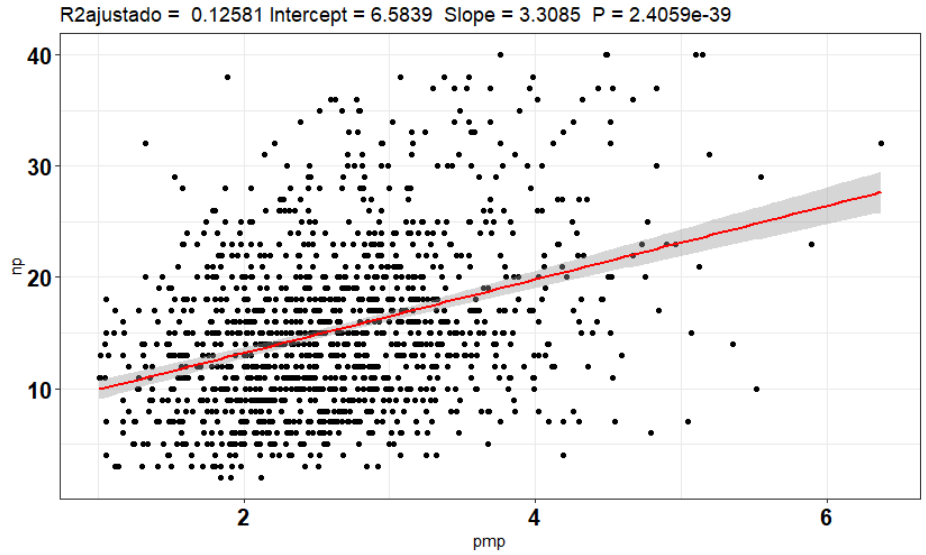

Figura 21. Regressão linear simples entre os caracteres número de panículas (np) e peso total de grãos da maior panícula (pmp).

Figura 22. Regressão linear simples entre os caracteres número de panículas (np) e número de grãos cheios da maior panícula (ngc).

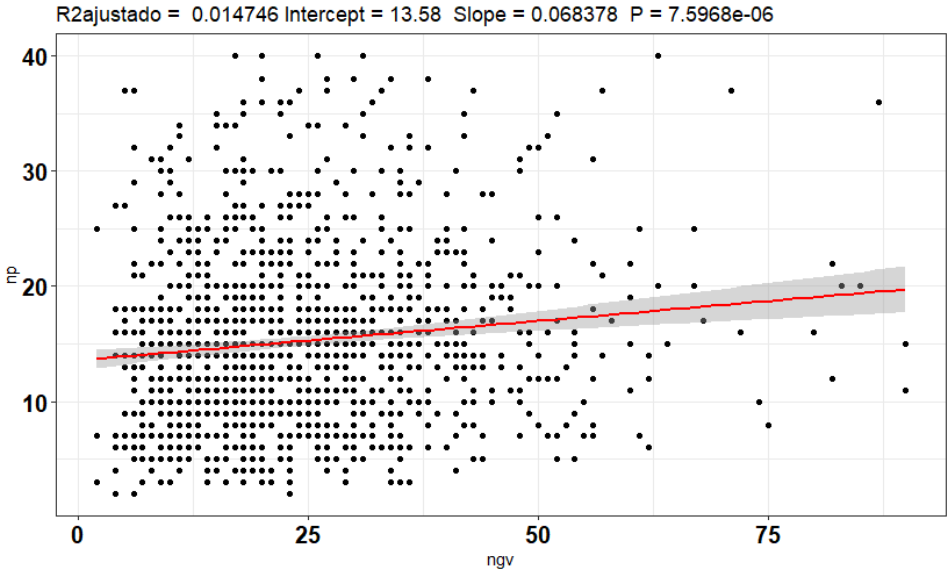

Figura 23. Regressão linear simples entre os caracteres número de panículas (np) e número de grãos vazios da maior panícula (ngv).

O peso da maior panícula (pmp) neste cruzamento manteve correlação positiva quase que perfeita com o número de grãos cheios (ngc) (r=0,92), indicando que, neste caso, quanto maior o número de grãos cheios maior foi o peso da panícula (Tabela 7 e Figura 24). A variável também teve associação positiva (r=0,38) com a porcentagem de grãos cheios (pgcheio) (Figura 25).

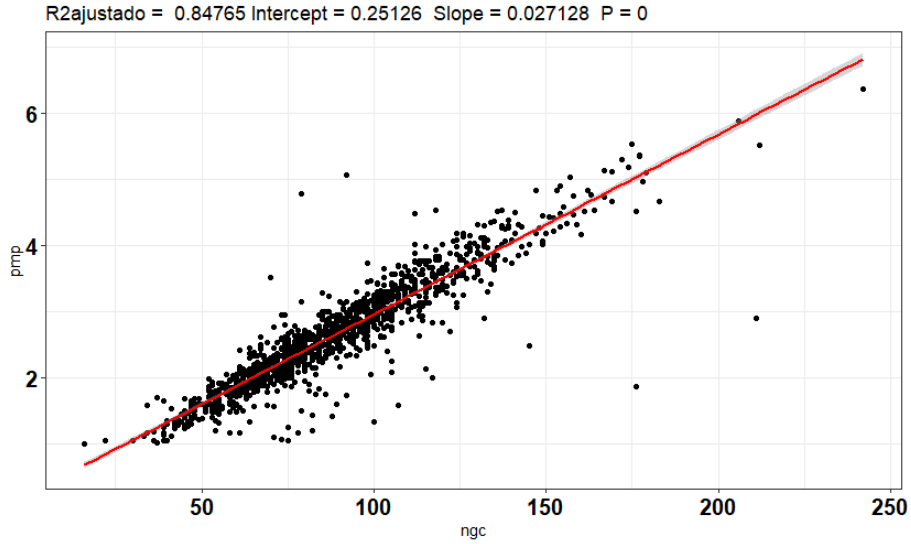

Figura 24. Regressão linear simples entre os caracteres peso da maior panícula (pmp) e número de grãos cheios da maior panícula (ngc).

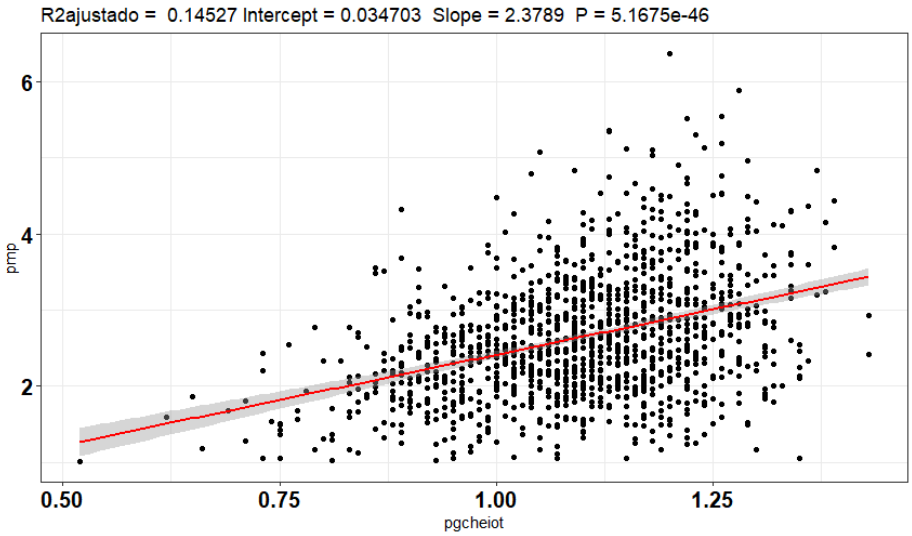

Figura 25. Regressão linear simples entre os caracteres peso da maior panícula (pmp) e porcentagem do número de grãos cheios (phcheios).

O número de grãos cheios da maior panícula (ngc) manteve correlação positiva intermediaria (0,47) com a variável porcentagem de grãos cheios (pgcheios) (Tabela 7 e Figura 26)

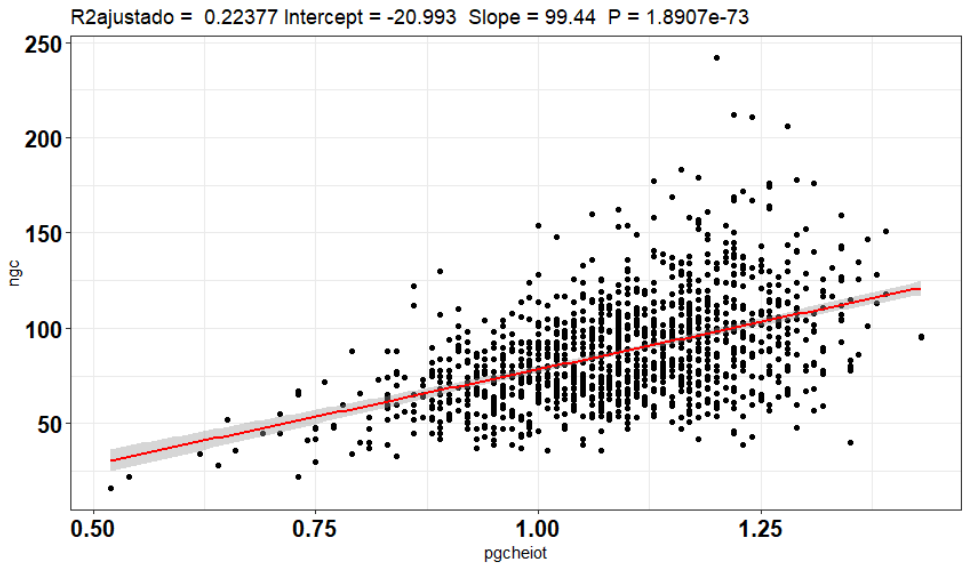

Figura 26. Regressão linear simples entre os caracteres número de grãos cheios (ngc) e porcentagem do número de grãos cheios (phcheiot).

O número de grãos vazios da maior panícula (ngv) manteve correlação negativa de grande magnitude (-0,85) com a variável porcentagem de grãos cheios (pgcheios) (Tabela 7 e Figura 27), conforme esperado.

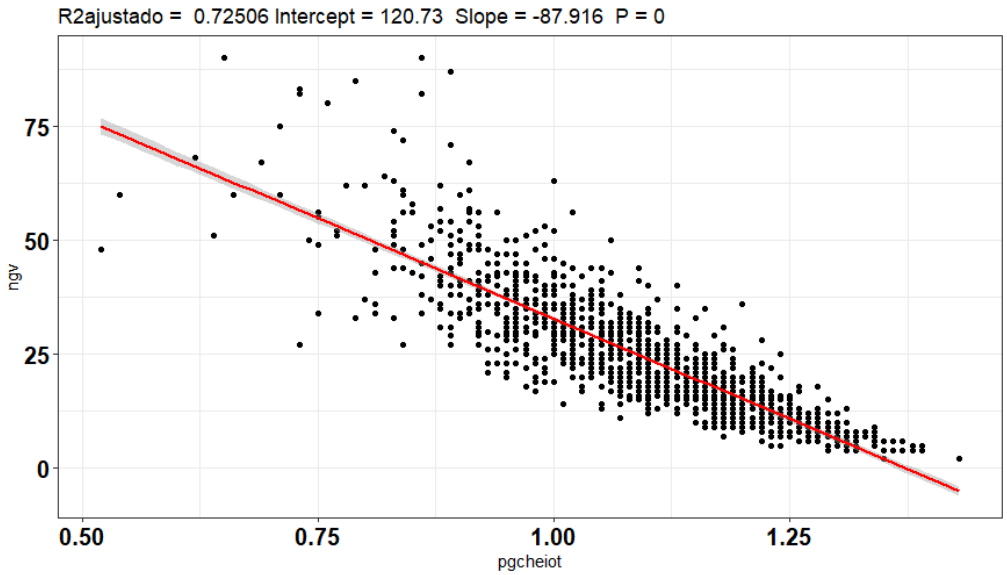

Figura 27. Regressão linear simples entre os caracteres número de grãos vazios da maior panícula (ngv) e porcentagem do número de grãos cheios (phcheiot).

As demais correlações apresentaram magnitudes muito pequenas, indicando ausência de associações importantes para serem consideradas no

processo de melhoramento, sendo elas: dflor *vs.* ngv, cmp *vs.* ngv, cmp *vs.* phcheiot (Tabela 7 e figuras 28, 29 e 30).

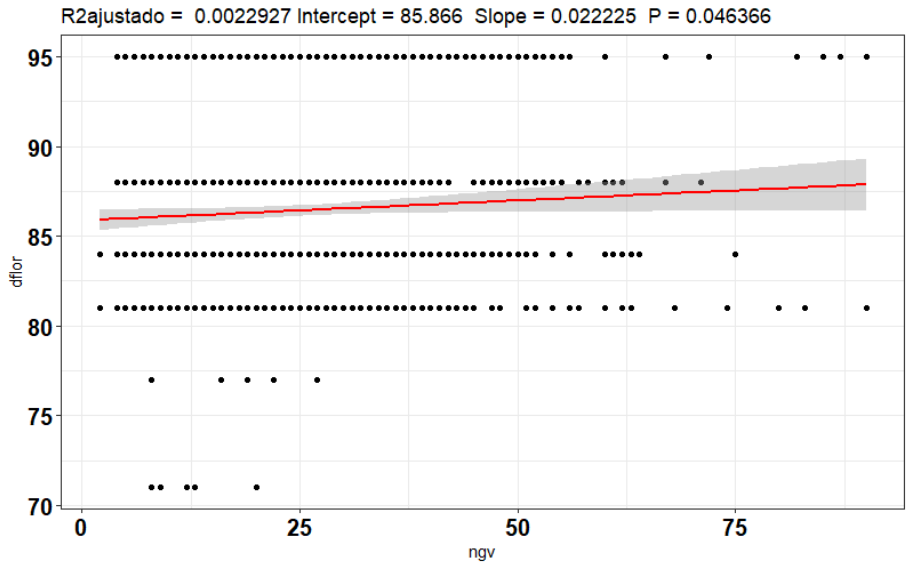

Figura 28. Regressão linear simples entre os caracteres dias para floração (dflor) e número de grãos vazios na maior panícula (ngv).

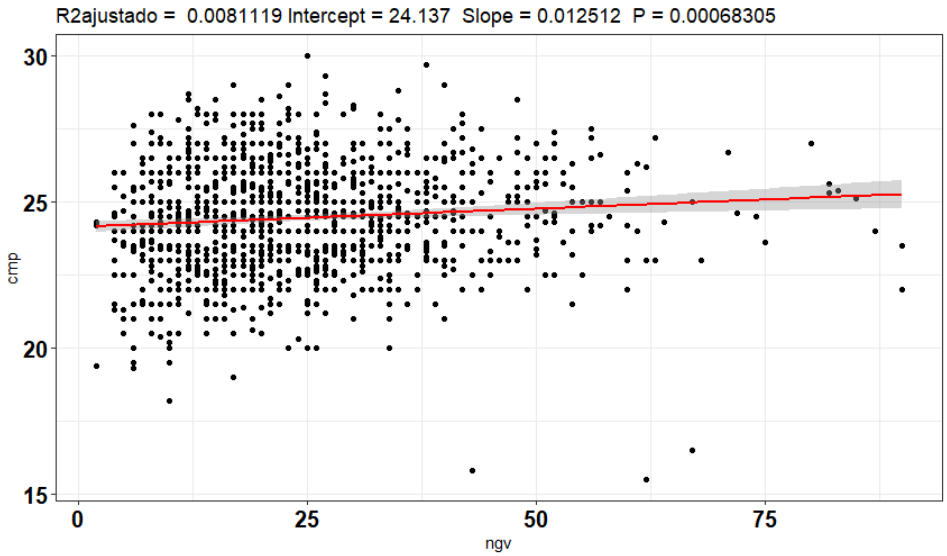

Figura 29. Regressão linear simples entre os caracteres comprimento da maior panícula (cmp) e número de grãos vazios na maior panícula (ngv).

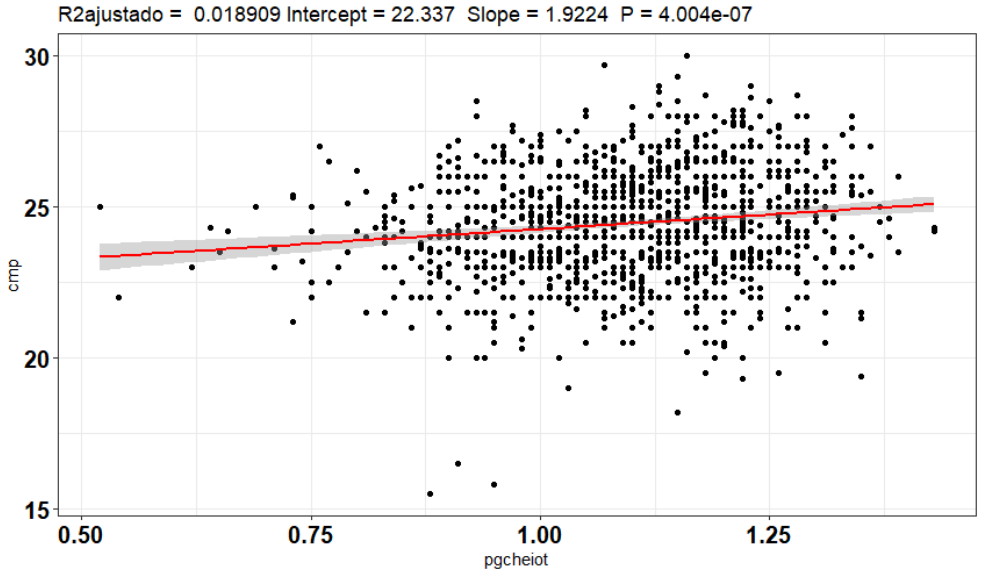

Figura 30. Regressão linear simples entre os caracteres comprimento da maior panícula (cmp) e porcentagem do número de grãos cheios (phcheiot).

5 Conclusões

Os resultados do experimento 1 indicam que, utilizando o cruzamento entre dois genótipos com grande importância na cadeia do arroz, embora com grande grau de parentesco, podem gerar segregantes transgressivos para alguns dos caracteres avaliados, possibilitando novas seleções.

As informações visuais obtidas utilizando as distribuições das variáveis permitiram entender o padrão da segregação de cada caráter.

Estimativas de herdabilidade concordam com os valores citados na literatura e que o cruzamento avaliado resulta em uma alta taxa de controle genético para caracteres avaliados.

A utilização de novos métodos (GLMM) auxilia na avaliação de dados com diferentes padrões nas curvas de distribuição.

Os resultados mais importantes obtidos no experimento 2 indicam que, o caractere número de panículas (np) mantem correlação positiva de magnitude intermediaria com os caracteres comprimento da maior panícula (cmp), peso da maior panícula (pmp) e número de grãos cheios da maior panícula (ngc), mostrando que a utilização desta variável possibilita a seleção das famílias mais produtivas.

Altura de planta também mostrou correlações importantes associadas as mesmas variáveis comprimento da maior panícula (cmp), peso da maior panícula (pmp) e número de grãos cheios da maior panícula (ngc).

6. Referências bibliográficas

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

AKINWALE, M.G. GREGORIO, G., NWILENE, F., AKINYELE, B.O., OGUNBAYO, S.A., ODIYI, A.C. Heritability and correlation coefficient analysis for yield and its components in rice (*Oryza sativa* L.). **African Journal of Plant Science.** 2011, v. 5, n. 3, p. 207-212, 2011.

ATSEDEMARIYAM, T. Correlation and Path Coefficient Analysis for Yield and Yield Related Traits of Upland Rice (*Oryza sativa* L.) Genotypes in Northwestern, Ethiopia. **Greener Journal of Plant Breeding and Crop Science**. v. 6, n.3, p. 15-25, 2018.

AWANG, N.R., NOR, A.R., SHITH, S., ZAINORDIN, N.S., MANOGARAN, H. Transformational characteristics of ground-level ozone during high particulate events in urban area of Malaysia. **Air Quality, Atmosphere & Health**, v. 11, n.6, p.715-727, 2018.

AZEVEDO, A. M., JUNIOR, V.C.A., FERNANDES, J.S.C., PEDRESO, C.E., OLIVEIRO, C.M., 2015. Desempenho agronômico e parâmetros genéticos em genótipos de batata-doce. **Horticultura Brasileira,** v.33, n.1, p. 84-90, 2015.

BALDISSERA, J. N. C.; VALENTINI, G.; COAN, M. M. D.; GUIDOLIN, A. F.; COIMBRA, J. L. M. Fatores genéticos relacionados com a herança em populações de plantas autógamas. Revista de Ciências Agroveterinárias, v.13, n.2, p.181-189, 2014.

BATHI, M., BABU, S. G., RAJPUT, A. S. Genetic variability, correlation and path coefficient for grain yield and quantitative traits of elite rice Oryza sativa L. genotypes at Uttar Pradesh**. Electronic Journal of Plant Breeding**, v. 6 n. 2, p. 586-591, 2015.

BENIN, G., CARVALHO, F. I. F. de, OLIVEIRA, A. C. de., Hartwig, I., Schmidt, D., VIEIRA, E. A., VALÉRIO, I. P., SILVA, J. G. da. Estimativas de correlações genotípicas e de ambiente em gerações com elevada freqüência de heterozigotos. **Ciência Rural**, v. 35, n.3, p. 523–529, 2005.

BRUCE, W.J., CHANG, V., JOYCE, C.J., COBB, A. N., MADUEKWE, I. M., PATEL, A. P. Age at time of craniosynostosis repair predicts increased complication rate. **The Cleft Palate-Craniofacial Journal,** v. 55, n. 5, p. 649-654, 2018.

BUENO, LUÍCE GOMES. Caracterização Agronômica e Molecular da coleção nuclear de arroz da EMBRAPA. Tese de Doutorado. UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS. **ESCOLA DE AGRONOMIA E ENGENHARIA DE ALIMENTOS**, 2010.

CARGNIN, A., SOUZA, M. A. D., PIMENTEL, A. J. B., FOGAÇA, C. M. Genetic diversity in rice cultivars and correlations between agronomic traits. **Revista Ceres**, v. *57*, p. 53-59. 2010.

CARGNIN, A., SOUZA, M. A. de., PIMENTEL, A. J. B., FOGAÇA, C. M. Diversidade genética em cultivares de arroz e correlações entre caracteres agronômicos. **Revista Ceres**, v. 57, n. 1, p. 53–59, 2020.

CARNEIRO, Henrique. Comida e sociedade: uma história da alimentação. **Elsevier Brasil**, 2017.

CARVALHO, F.I.F; LORENCETTI, C.; BENIN, G. **Estimativas e implicações da correlação no melhoramento vegetal** Pelotas: UFPel, 2004. 142p.

CARVALHO, F. I. F.; LORENCETTI, C.; MARCHIORO, V. S.; SILVA, S. A. Condução de populações no melhoramento genético de plantas. Pelotas, Rio Grande do Sul, 2ª edição, (**Editora Universitária**), 2008.

CASSMAN, K. G. Ecological intensification of cereal production systems: Yield potential, soil quality, and precision agriculture. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v.96, n. 11, p. 5952-5959, 1999.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. A cultura do arroz, Brasília: **CONAB**, p.180, 2015.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. Produção de Arroz. Disponível em**: CONAB**, 2018.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. Produção de Arroz. Disponível em**: CONAB**, 2021.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. Produção de Arroz. Disponível em**: CONAB**, 2022.

CORDEIRO, A. B. M. "Avaliação de populações de arroz irrigado conduzidas por seleção recorrente em várzea de Roraima." **Revista Agro@ mbiente On-line,** v.3, n.5, p. 182-187, 2012.

CORDEIRO, A. C. C. Engº Agrº. Dr., Pesquisador Embrapa Roraima. BR-174, km 08, caixa postal. 133., **Boa Vista -RR** / e-mail: acarlos@cpafrr.embrapa.br, EMBRAPA, 2008.

COSME, C. D., CARNEIRO, S., CRESCENCIO, P. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramiento genético**. Universidad Federal de Vidcosa, 2006.

COUNCE, P., KEISLING, T.C., MITCHELL, A.J. (2000), Objective, and Adaptive System for Expressing **Rice Development. Crop Science**, v. 40, p. 438–441. 2000.

CRUZ, S.D.L., RODRIGUES, G.S., DIAS, F.O., ALVES, J.M.A. Levantamento de plantas daninhas em área rotacionada com as culturas da soja, milho e arroz

irrigado no cerrado de Roraima. **Revista Agro@ mbiente online-line**, v. 3, n. 1, p. 58-63, 2010.

DANIELOWSKI, R. Melhoramento genético de arroz: modelos biométricos aplicados na avaliação de caracteres agronômicos e reação ao estresse por frio durante o período de germinação. Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia da Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel da **Universidade Federal de Pelotas,** 2017**.**

EMBRAPA. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. Cultivo do arroz irrigado no Brasil. **Alice**, 2002.

EMBRAPA CPACT**,** EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGRO AGROPECUÁRIA. Árvore do conhecimento – arroz. Ensaio Regional de Linhagens de arroz irrigado do Programa de Melhoramento Genético da Embrapa no RS – **SAFRA,** 2012.

EMBRAPA, EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. Árvore do conhecimento – arroz. OLEA, H. P., GOMES, D. G., ALEXANDRE, R., CRISTIANO, G. Viabilidade operacional e econômica da utilização de VANTs e ferramentas digitais para a demarcação de taipas em lavoura de arroz irrigado. **Repositório Institucional da Unipampa**, 2023.

FACCHINLLO, P. H. K., CARVALHO, I. R., STRECK, E. A., AGUIAR, G. A., GOVEIA, J., FEIJÓ, M., PEREIRA, R. R., FAGUNDES, P.R.R., LORO, M.V., MAIA, L.C. da., JÚNIOR, de., M. A. M. Genetic cause and effect interrelationships for grain quality attributes of irrigated rice. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 58, p.32-52, 2023.

FALCONER, C. T. M. Introduction to Quantitative Genetics Fourth Edition D. S. Falconer Formerly with Institute of Cell, **Anim al and Population Biology University of Edinburgh,** Department o f Genetics North Carolina State University, 1960.

FALCONER, D. S. Introdução a genética quantitativa. Tradução de SILVA, M. de A., SILVA, J. C. 1 ed. **Viçosa, MG, Imprensa Universitária,** p. 279, 1981.

FAO/AMIS. Food and Agriculture Organization of the United Nations .View and compare. Available, 2019.

FAO. Food and Agriculture Organization of the United Nations, L. http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC/visualize, 2021.

FAOSTAT - FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS. Production. **Disponível** em: http://www.fao.org/faostat/en/#data. Acesso em: 2021.

FUTAKUCHI, K., SENTHILKUMAR, K., AROUNA, A., VANDAMME, E., DIAGNE, M., ZHAO, D., MANNEH, B., SAITO, K. History and progress in genetic improvement for enhancing rice yield in sub-Saharan Africa. **Field Crops Research**, v. 267, p. 108159, 2021.

GE, S., SANG, T., LU, B.R., HONG, D. Y. Phylogeny of rice genomes with emphasis on origins of allotetraploid species. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 96, n. 25, p. 14400-14405, 1999.

GOVINTHARAJ, P., MANONMANI, S., ROBIN, S. Variability and genetic diversity study in an advanced segregating population of rice with bacterial blight resistance genes introgressed. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 42 n.3:291-296, 2018.

HAZEL, L.N. The Genetic Basis for Constructing Selection Indexes. **Genetics**. V. 28, n.6, p. 476-490, 1943.

HILL, W.G. Genetic Correlation. **Brenner's Encyclopedia of Genetics (Second Edition)**, p.237-239. 2013.

ISHIZAKI, T., UEDA, Y., TAKAI, T., MARUYAMA, K., TSUJIMOTO, Y. In-frame mutation in rice TEOSINTE BRANCHED1 (OsTB1) improves productivity under phosphorus deficiency. **Plant Science**, v. 330, p. 111-627, (2023).

JAYASUDHA, S.; SHARMA, D. Genetic parameters of variability, correlation and path-coefficient for grain yield and physiological traits in rice (Oryza sativa L.) under shallow lowland situation. Electronic Journal of Plant Breeding, v.5, p.1332-1338, 2010.

JIA, B., ZHAO, X., QIN, Y., IRFAN, M., KIM, T.-H., WANG, B.S., SOHN, J.K. Quantitative trait loci mapping of panicle traits in rice**. Molecular Biology Research Communications**; v**.** 8 n.1 p.9-15**,** 2019.

JIA, Y., LIU, H., WANG, H., ZOU, D., QU, Z., WANG, J., ZHAO, H. Effects of root characteristics on panicle formation in japonica rice under low temperature water stress at the reproductive stage. **Field Crops Research,** v. *277*, p. 108-395, 2022.

KLERKS, P.L., XIE, L., LEYINTON, J.S. Quantitative genetics approaches to study evolutionary processes in ecotoxicology; a perspective from research on the evolution of resistance**. Ecotoxicology**, v. 20, p. 513-523, 2011.

KONATE, A.K., ZONGO, A., KAM, H., SANNI, A., AUDEBERT, A. Genetic variability and correlation analysis of rice (Oryza sativa L.) inbred lines based on agromorphological traits. **African Journal of Agricultural Research**, v. 11 n.35, p. 3340-3346, 2016.

KIRANMAYEE, B., RAJU, C. D., RAJU, K. B., BALARAM, M. A Study on Correlation and Path Coefficient Analysis for Yield and Yield Contributing Traits in Maintainer (B lines) Lines of Hybrid Rice (Oryza sativa L.). Department of Genetics and Plant Breeding, College of Agriculture, Prof. Jayashankar Telangana State Agricultural University, Rajendranagar, Hyderabad-030, Telangana, India, **International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences**, v. 7, n.6, 2018.

LIU, E., LIU, Y., WU, G., ZENG, S., TRAN THI, T. G., LIANG, L., LIANG, Y., DONG, Z., SHE, D., ZAID, I. U., HONG, D. Identification of a candidate gene for panicle length in rice (Oryza sativa L.) via association and linkage analysis. **Frontiers in Plant Science**, v.7, p. 596, 2016.

LOPES, S.I.G. Avaliação dos parametros genéticos da população de arroz irrigado CNA 11 e da divergencia genética entre os genitores. Tese de doutorado. Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia. **UFRGS**, 2002.

LOPES, J. L. Caracterização de linhagens endogâmicas recombinantes do cruzamento entre BRS Querência x BRS Bojuru em arroz irrigado. Universidade Federal de Pelotas - Dissertação (Mestrado). Pelotas, p. 103. 2019.

MAGALHÃES, J.A.M., MORAIS, O.F.J.M., CASTRO, A.P.M.F., STRECK, E.A., AGUIAR G. Desenvolvimento de Cultivares de Arroz Irrigado Subtropical do Programa de Melhoramento Genético da Embrapa - Ensaios de VCU no RS, Safras 2010/11 a 2013/14. Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento / Embrapa Clima Temperado. **Pelotas: Embrapa Clima Temperado**, n. 29, p. 227**,** 2015.

MAGALHÃES, J.A.M., MORAES, O.P., FAGUNDES, P., NETO, F. M., FRANCO, D. F., NUNES, C. D., NEVES, P., RANGEL, P. H., MARTINS, J.F., SEVERO, A., CARDOSO, É. T. Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento / Embrapa Clima Temperado. **Pelotas: Embrapa Clima Temperado,** p. 156-159**,** 2011.

MAGALHÃES, J.A.M, Recursos genéticos de arroz (Oryza sativa L.) no Sul do Brasil. **Tese, Programa de Pós-Graduação em Agronomia,** Universidade Federal de Pelotas- RS, (UFPEL), 2007.

MAGALHÃES JÚNUIOR, A. M. de; OLIVEIRA, A. C. de. Arroz. In: BARBIERI, R. L.; STUMPF, E. R. T. Origem e evolução das plantas cultivadas. Pelotas: **Embrapa Clima Temperado**, p. 186-208, 2008.

MAGALHÃES JR., M. D., GOMES, A. D. S., SANTOS, A. D. Sistema de Cultivo de Arroz Irrigado no Brasil. **EMBRAPA - Clima Temperado.** Pelotas, p. 270. 2004.

MAGALHÃES JR, ANTÔNIO, P., CORDEIRO, N. O. de M. Ciência, cognição e informação na operacionalização da gestão participativa da água no Brasil. **Sociedade e Estado**, v. 18, p. 221-256, 2003.

MCCOUCH, S. Diversifying selection in plant breeding. **PLoS Biology**, v. 2, n. 10, p. e347, 2004.

MCCOUCH, S., SWEENEY, M. The complex history of the domestication of rice**. Annals of botany**, v. 100, n 5, p. 951-957, 2007

MISTURA, C.C., VARIAÇÃO FENOTÍPICA EM CARACTERES ASSOCIADOS AO SISTEMA DE RAÍZES EM PLÂNTULAS DE ARROZ (Oryza sativa L.). Dissertação de Mestrado. **PPGA. UFPel**, 2008.

MUTHAYAY, S., SUGIMOTO, J. D, MONGOMERY, S., MABERLY, G. F. An overview of global rice production, supply, trade, and consumption. **Ann N Y Academic Sciences**. v.7, n.14. p. 13-24, 2014.

MUTHAYAY, S., SUGIMOTO, J. D, MONGOMERY, S., MABERLY, G. F. An overview of global rice production, supply, trade, and consumption. **Ann N Y Academic Sciences**. v.7, n.14. p. 13-24, 2014.

NARDINO, M. CARVALHO, D. R., FORMANN, D.N., KONFLANZ, V.A., SOUZA, V. Q.de., OLIVEIRA, A.C de., MAIA, L. C. da. Correlações fenotípica, genética e de ambiente entre caracteres de milho híbrido da região sul do Brasil. **Revista Brasileira de Biometria, Lavras**, v. 34, n. 3, p.379-394, 2016.

NITHYA, N., BEENA, R., STEPHEN, R., ABIDA, P.S., JAYALEKSHMI, V.G., VIJI, M.M., MANJU, R.V. Genetic. variability, heritability, correlation coefficient and path analysis of morph physiological and yield related traits of rice under drought stress. **Chemical Science Review and Letters**, V. 9, N. 33, P. 48–54, 2020.

OECD, Organisation for Economic Co-operation and Development. Revised Consensus Document on the Biology of Rice (Oryza sativa L.). **Revised Consensus Series on the Harmonisation of Regulatory Oversight in Biotechnology**, n.70, 2021.

OLIVEIRA de, N. A. A. COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. Produção de Arroz. Disponível em**: CONAB**, 2008.

PURCELL, N. H., WILKINS, B. J., YORK, A., SABA-EL-LEIL, M. K., MELOCHE, S., ROBBINS, J., MOLKENTIN, J. D. Genetic inhibition of cardiac ERK1/2 promotes stress-induced apoptosis and heart failure but has no effect on hypertrophy in vivo. ***Proceedings of the National Academy of Sciences*****,** v. 104, n. 35, p. 14074-14079, 2007.

RAHIMI, M., HERNANDEZ, M.V. A SAS code to estimate phenotypic-genotypic covariance and correlation matrices based on expected value of statistical designs to use in plant breeding. **Anais da Academia Brasileira de Ciência**, v. 94. n. 1, p. 202, 2022.

RAMALHO, M.A.P., SANTOS, J.B., PINTO, C.A.B.P., SOUZA, E.A. SOUZA, F.M.A.G.J.C. Genética na Agropecuária. **Lavras, Minas Gerais,** 5ª edição, (editora UFLA), 2012.

SALEH, M.M., SALEM, K.F.M., ELABD, A.B. Definition of selection criterion using correlation and path coefficient analysis in rice (*Oryza sativa* L.) genotypes. **Bulletin of the Natioanl Research Centre,** v**.** 44, n.143 2020.

SANTOS, M.P.G., ALVES, S.A., RAMALHO, M.A.P. Predição do potencial genético de populações segregantes de arroz de terras altas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.36 n.4, p. 659–670, 2001.

SILVA, R. M. da. Caracterização de linhagens endogâmicas recombinantes em arroz. Thèse de maîtrise. **Universidade Federal de Pelotas**, 2016.

SILVA, R.M., Avaliações quantitativas em linhagens endogâmicas recombinantes de arroz (RILs) com ênfase em caracteres de qualidade de grãos. Tese de doutorado. **PPGA. UFPel**, 2020.

SILVA, D.R.A., MENDONÇA, J.A., CORDEIRO, A.C.C., MAGALHÃES J.A.M., VIANELLO, R.P., BRONDANI, C. Identification of stable quantitative trait loci for grain yield in rice **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 57. p.02812, 2022.

SILVA, E. F., SILVA, V. A. C., GUIMARÃES, J. F. R., & MOURA, R. R. de. Divergência fenotípica entre genótipos de arroz de terras altas. **Revista Brasileira De Ciências Agrárias**, v.6, n.2, p.280-286, 2022.

SINGH, M.; UPADHYAYA, H. Genetic and Genomic Resources for Grain Cereals **Improvement, Academic Press**, p. 384, 2016.

SOSBAI – Sociedade Sul-Brasileira de Arroz Irrigado. Arroz irrigado: Recomendações Técnicas da Pesquisa para o Sul do Brasil. **SOSBAI**, P. 205, 2018.

SOSBAI – Sociedade Sul-Brasileira de Arroz Irrigado. Arroz irrigado: Recomendações Técnicas da Pesquisa para o Sul do Brasil. Santa Maria: **SOSBAI**, 2020.

SOUZA, J.M.O., CARNEIRO, M.F.H., PAULELLIA, A.C.C., GROTTOB, D., MAGALHÃES, J.A.M., FERNANDO, B.J., BATISTA, B.L. Arsenic and rice: toxicity, metabolism, and food safety. **Química Nova**, v.38 n.1, 2015.

SRIJAN, A., SUDHEER, S., RAJU, R., RUMANDLA, J. Character association and path coefficient analysis for grain yield of parents and hybrids in rice (*Oryza sativa* L.). **Journal of Applied & Natural Science**. v. 8, n.1, p. 167-172, 2016.

STEEL, R.G.D.; TORRIE, J.L. Principles and procedures of statistics. New York: **McGraw Hill**. P. 481, 1960.

STRECK E A. Contribuição Genética do Melhoramento de Arroz Irrigado de Terras Baixas para o Rio Grande do Sul. Tese (Doutorado) — Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, **Universidade Federal de Pelotas**, 2017.

TERRES, A. L. S.; FAGUNDES, P. R. R.; MACHADO, M. O.; MAGALHÃES JÚNIOR, A. M. M.; NUNES, C. D. M. Melhoramento genético e cultivares de arroz irrigado. In: GOMES, A.; MAGALHÃES JÚNIOR, A. M. Arroz irrigado, Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 899p, 2004.

TERRA, T. G. R., LEAL, T. C. A. de B., RANGEL, P. H. N., BORÉM, A., Phenotypic correlation and path analysis in cultivars and strains of upland rice for drought tolerance. **Bioscience Journal**, v.33, n. 6, p. 1474-1484, 2017.

ZENG Y., CHEN Y., JI, Z., LIANG Y., ZHENG A., WEN, Z., YANG C. Control of plant height by 24 alleles at 12 quantitative trait loci in rice. **Crop Breeding Applied Biotechnoly [On-line]**. Available from: v.19, n.2, p.28, 2019.

ZHANG, H., ZHU, Y.J., ZHU A.D., FAN, Y.Y., HUANG, T.X., ZHANG, J.F., XIE, H.A., ZHUANG J.Y. Fine-mapping of qTGW2, a quantitative trait locus for grain weight in rice (*Oryza sativa L.*). Branch of the National Center for Rice Improvement, **Fujian Academy of Agricultural Sciences, Fuzhou, Chin**, v. 4, n. 8, p.8679, 2020.

ZHAO, X., YANG, L., ZHENG Y., XU, Z., WU, W. Subspecies-specific intron length polymorphism markers reveal clear genetic differentiation in common wild rice (*Oryza rufipogon* L.) inrelation to the domestication of cultivated rice (O. sativa L.). **Journal of Genetics and Genomics,** v.36, p.435-442, 2009.

ZHAO S., JANG, S., LEE, Y.K, KIM, D.G., JIN, Z., KOH, H.J. Genetic Basis of Tiller Dynamics of Rice Revealed by Genome-Wide Association Studies**. Plants (Basel).** v. 9, n.12, p. 16-95, 2020.