

Universidade Federal de Pelotas
Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel
Programa de Pós-Graduação em Agronomia



Tese

**Ação gênica e estimação de parâmetros genéticos em cruzamentos
de arroz irrigado**

Gabriel Almeida Aguiar

Pelotas, 2018.

Gabriel Almeida Aguiar

**Ação gênica e estimação de parâmetros genéticos em cruzamentos
de arroz irrigado**

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia, da Universidade Federal de Pelotas, como requisito parcial à obtenção do título de Doutor em Ciências (área do conhecimento: Fitomelhoramento).

Orientador: Dr. Ariano Martins de Magalhães Júnior

Coorientador: Prof. Dr. Luciano Carlos da Maia

Pelotas, 2018.

Universidade Federal de Pelotas / Sistema de Bibliotecas
Catalogação na Publicação

A281a Aguiar, Gabriel Almeida

Ação gênica e estimação de parâmetros genéticos em cruzamentos de arroz irrigado / Gabriel Almeida Aguiar ; Ariano Martins de Magalhães Júnior, orientador ; Luciano Carlos da Maia, coorientador. — Pelotas, 2018.

131 f. : il.

Tese (Doutorado) — Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Universidade Federal de Pelotas, 2018.

1. Oryza sativa L. 2. Melhoramento de plantas. 3. Base genética. 4. Predição de ganho seleção. I. Magalhães Júnior, Ariano Martins de, orient. II. Maia, Luciano Carlos da, coorient. III. Título.

CDD : 633.18

Banca Examinadora:

Dr. Ariano Martins de Magalhães Júnior: _____
(Departamento de Fitotecnia/FAEM/UFPEL)

Prof. PhD. Antônio Costa de Oliveira: _____
(Departamento de Fitotecnia/FAEM/UFPEL)

Prof Dr. Eduardo Anibele Streck: _____
(IF Farroupilha/ Campus Santo Augusto)

Prof. Dr. Maicon Nardino: _____
(Departamento de Estatística/UFPEL)

Dedico,

*A minha namorada Carolina Goulart.
A meus pais Rubens Cardo de Aguiar
e Ireni Terezinha A. Aguiar, e a meus
irmãos Maícon e Vinícius. A meus
sogros Cláudio F. Goulart e Eliane
Marise S. Goulart.*

Agradecimentos

À Universidade Federal de Pelotas (UFPel), pela formação e pelo suporte oferecido da graduação ao doutorado.

À CAPES, pela concessão da bolsa de doutorado.

Ao Programa de Pós-graduação em Agronomia (PPGA) da Faculdade de Agronomia "Eliseu Maciel" da UPel, pela oportunidade de realização do Curso e a equipe de funcionários e professores do PPGA.

À Estação Experimental Terras Baixas da Embrapa Clima Temperado, pela disponibilidade da infraestrutura concedida para a realização deste trabalho e principalmente a equipe de funcionários do setor de Melhoramento Genético de Arroz Irrigado.

Ao meu orientador pesquisador Dr. Ariano Martins de Magalhães Jr., pela orientação, amizade, confiança, experiência repassada e ensinamentos transmitidos.

Aos professores do PPGA Antônio Costa de Oliveira, Luciano Carlos da Maia e a Camila Pegoraro pela amizade e conhecimento passado durante o período do curso e nas aulas ministradas.

Aos meus pais, Rubens Cardozo de Aguiar e Ireni Terezinha Almeida Aguiar, e irmãos Maicon e Vinícius, pelo espírito familiar, apoio e incentivo em todos os momentos e nas minhas decisões, contribuindo para o alcance dos meus objetivos, assim como, aos meus sogros Claudio e Eliane.

A minha namorada, Carolina Goulart, pela compreensão e apoio nos momentos difíceis no decorrer desses últimos anos, por me fazer acreditar na minha capacidade de superar os obstáculos e pela ajuda incondicional fornecida na realização deste trabalho.

Aos amigos e colegas, Eduardo, Lais, Paulo Henrique, Janaina e Tuise pela ajuda na condução e avaliação dos experimentos.

A todas aquelas pessoas que de alguma maneira me ajudaram durante toda essa trajetória.

MUITO OBRIGADO!!!

“Talvez não tenha conseguido fazer o melhor, mas lutei para que o melhor fosse feito. Não sou o que deveria ser, mas Graças a Deus, não sou o que era antes” (Marthin Luther King).

Resumo

AGUIAR, Gabriel Almeida. **Ação gênica e estimação de parâmetros genéticos em cruzamentos de arroz irrigado**. 2018. 131f. Tese (Doutorado em Ciências, área de concentração em Fitomelhoramento), Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, 2018.

O melhoramento genético tem desempenhado um importante papel na evolução da cultura do arroz. Assim, os melhoristas de plantas têm usado a análise de gerações para obter estimativas dos parâmetros genéticos, potencializando o entendimento das bases genéticas de caracteres de importância agrônômica, consequentemente maior eficiência na condução do programa de melhoramento. Logo, esse trabalho teve o objetivo de determinar os parâmetros genéticos e o modo de ação gênica predominante para os caracteres: teor de compostos fenólicos totais (TCFT), variáveis da cor (luminosidade da cor (L), coordenada a^* da cor (a^*), coordenada b^* da cor (b^*), tonalidade da cor ($^\circ$ Hue) e da saturação da cor (Croma)) do pericarpo, número de panículas por planta (NPP), peso de panícula (PP), comprimento de panícula (CP) e altura de planta (AP) em populações segregantes de arroz. Dessa forma, foram realizados cruzamentos entre os genitores, obtendo assim as gerações P1, P2, F1, F2, RC1 (F1 x P1) e RC2 (F1 x P2) que foram avaliadas em um mesmo ambiente de cultivo. O cruzamento entre os genitores BRS Pampa e SCS 120 Ônix, assim como o cruzamento recíproco, foram executados a fim de estimar os parâmetros genéticos e modo de ação gênica para os caracteres TCFT, L, a^* , b^* , $^\circ$ Hue e Croma. Já o cruzamento entre os genitores BRS AG e Arbório, bem como o cruzamento recíproco, foram realizados para estimar os parâmetros genéticos e modo de ação gênica para os caracteres NPP, PP e CP. Já para AP, foram os cruzamentos BRS AG x Arbório, BRS Querência x BRS Pampa e BRS Pampa x SCS 120 Ônix. A partir da análise de variância das gerações, foram obtidos os seguintes componentes e parâmetros de variância fenotípica, variância de ambiente, variância genotípica, variância genética aditiva, variância genética de dominância, herdabilidade no sentido amplo e herdabilidade no sentido restrito. Sendo utilizados para a predição de ganhos por seleção e grau médio de dominância. A análise de ação gênica foi através do modelo completo e do modelo aditivo-dominante. As estimativas dos componentes e parâmetros genéticos de todos os caracteres analisados indicam que há variabilidade genética significativa, proporcionando ganhos genéticos em ciclos adicionais de seleção com base no fenótipo. Os caracteres analisados apresentam herança genética quantitativa e o efeito gênico mais importante na determinação dos caracteres é o efeito gênico aditivo. Ocorre ação gênica de dominância parcial para os caracteres TCFT, L, b^* , $^\circ$ Hue, Croma, NPP, PP e CP. Já para o caráter a^* , a ação gênica é de sobredominância. Para AP, o tipo de ação gênica é influenciado conforme os genitores analisados, sendo detectado ação gênica de dominância parcial e sobredominância. Não ocorre efeito materno para os caracteres analisados. Essas informações podem ser utilizadas a fim de possibilitar a definição de procedimentos técnicos e estratégias eficientes que proporcionaram o desenvolvimento e lançamento de novas cultivares de arroz.

Palavras Chave: *Oryza sativa* L.; melhoramento de plantas; base genética; predição de ganho seleção.

Abstract

AGUIAR, Gabriel Almeida. **Genetic action and estimation of genetic parameters in crosses of irrigated rice.** 2018. 131f. Thesis (Doctorate in sciences, area of concentration in plant breeding) – Pos-graduate Program in Agronomy, Faculty of Agronomy Eliseu Maciel, Federal University of Pelotas. Pelotas, 2018.

The genetic improvement has played an important role in the evolution of rice crop. Thus, plant breeders have used the analysis of generations to obtain estimates of genetic parameters, potentializing the understanding of the genetic bases of characters of agronomic importance, consequently greater efficiency in the conduct of the breeding program. Therefore, this work had the objective of determining the genetic parameters and the mode of predominant genetic action for the characters: content of total phenolic compounds (CTPC), color variables (color luminosity (L), color coordinate a^* (a^*), color coordinate b^* (b^*), color tonality ($^\circ$ Hue) and color saturation (Chroma)) of pericarp, number of panicles per plant (NPP), panicle weight (PW), panicle length (PL) and plant height (PH) in rice-segregating populations. For this reason, were done cross breeding between the parents thus obtaining the generations P1, P2, F1, F2, BC1 (F1 x P1) e BC2 (F1 x P2) which were evaluated in the same culture environment. The cross between the parents BRS Pampa e SCS 120 Ônix, as reciprocal crossing, were performed in order to estimate the genetic parameters, and mode of genetic action for the characters CTPC, L, a^* , b^* , $^\circ$ Hue and Croma. Already the cross between the parents BRS AG and Arbório, as reciprocal crossing, were performed to estimate the genetic parameters and mode of genetic action for the characters NPP, PW and PL. Already for PH, were the crossings BRS AG x Arbório, BRS Quêrência x BRS Pampa and BRS Pampa x SCS 120 Ônix. As from analysis of variance of the generations, the following components and parameters of phenotypic variance, variance of environment, genotypic variance, additive genetic variance, genetic variance of dominance, heritability in the broad sense and heritability in the narrow sense were obtained. Being used for the prediction of earnings by selection and average degree of dominance. The analysis of genetic action was through the complete model and the additive-dominant model. The estimates of the components and genetic parameters of all traits analyzed indicate that there is significant genetic variability, providing genetic gains in additional cycles of selection based on the phenotype. The analyzed characters present quantitative genetic inheritance and the most important gene effect in determining the characters is the additive gene effect. Genetic action of partial dominance occurs for the characters CTPC, L, b^* , $^\circ$ Hue, Chroma, NPP, PW and PL. Already for the character a^* , the genetic action is over dominance. For PH, the type of genetic action is influenced according to the parents analyzed, being detected partial dominance and over dominance genetic action. There is no maternal effect for the characters analyzed. This information can be used to enable the definition of technical procedures and efficient strategies that provided the development and launch of new rice cultivars.

Key words: *Oryza sativa* L.; plant breeding; genetic basis; genetic gain prediction.

Lista de Figuras

Capítulo I: Ação gênica e parâmetros genéticos para atributos funcionais em arroz

Figura 3.1. Distribuição de frequência do teor de compostos fenólicos totais em arroz, a partir de P1♀ (BRS Pampa), P2♂ (SCS 120 Ônix), F1, RCP1 e RCP2, no cruzamento entre BRS Pampa x SCS 120 Ônix.55

Figura 3.2. Distribuição de frequência do teor de compostos fenólicos totais em arroz, a partir de P1♀ (SCS 120 Ônix), P2♂ (BRS Pampa), F1, RCP1 e RCP2, no cruzamento entre SCS 120 Ônix x BRS Pampa.56

Capítulo II: Controle genético da coloração do pericarpo em arroz

Figura 4.1. Colorímetro Konica Minolta Chroma Meter CR400.66

Figura 4.2. Diagrama de cores sistema CIELab.66

Lista de Tabelas

Capítulo I: Ação gênica e parâmetros genéticos para atributos funcionais em arroz

Tabela 3.1. Classificação da herdabilidade segundo Carneglutti Filho; Stottrck (2007).	44
Tabela 3.2. Classificação do tipo de interação intra-alélica sobre o caráter quanto grau médio da dominância (GMD).....	45
Tabela 3.3. Número de plantas avaliadas (N), médias (X) e variâncias ($\hat{\sigma}^2$) a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 para o teor de compostos fenólicos totais (mg EAG 100 g ⁻¹) em arroz, dos cruzamentos entre BRS Pampa X SCS 120 Ônix e SCS 120 Ônix X BRS Pampa.....	46
Tabela 3.4. Teste de significância da hipótese de nulidade dos parâmetros genéticos estimados a partir do modelo completo, com base nas médias do teor de compostos fenólicos totais (mg EAG 100 g ⁻¹) em arroz, obtidas a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 dos cruzamentos entre BRS Pampa X SCS 120 Ônix e SCS 120 Ônix X BRS Pampa.	47
Tabela 3.5. Decomposição não ortogonal da soma de quadrados (SQ) de parâmetros (m, a, d, aa, ad, dd), pelo método de eliminação de Gauss, para o teor de compostos fenólicos totais (mg EAG 100 g ⁻¹) obtidos a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 dos cruzamentos entre BRS Pampa X SCS 120 Ônix e SCS 120 Ônix X BRS Pampa. .	48
Tabela 3.6. Teste de significância da hipótese de nulidade dos parâmetros genéticos estimados a partir do modelo aditivo-dominante, com base nas médias do teor de compostos fenólicos totais (mg EAG 100 g ⁻¹) obtidas a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 dos cruzamentos entre BRS Pampa X SCS 120 Ônix e SCS 120 Ônix X BRS Pampa.	49
Tabela 3.7. Médias observadas (Y) e estimadas ($\hat{Y}$) para os teores de compostos fenólicos totais (mg EAG 100 g ⁻¹) obtidas a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 dos cruzamentos entre BRS Pampa X SCS 120 Ônix e SCS 120 Ônix X BRS Pampa. .	49
Tabela 3.8. Decomposição não ortogonal da soma de quadrados de parâmetros (m, a, d) pelo método de eliminação de Gauss, com base nas médias do teor de compostos fenólicos totais (mg EAG 100 g ⁻¹) a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 dos cruzamentos entre BRS Pampa X SCS 120 Ônix e SCS 120 Ônix X BRS Pampa.	50
Tabela 3.9. Predição de ganhos genético com a seleção de 10% dos melhores indivíduos (Plantas) para o caráter teor de compostos fenólicos totais (mg EAG 100 g ⁻¹) em arroz, dos cruzamentos BRS Pampa X SCS 120 Ônix e SCS 120 Ônix X BRS Pampa.	51
Tabela 3.10. Estimativas das variâncias fenotípica, genotípica, aditiva, de dominância e de ambiente, das herdabilidades no sentido amplo e restrito, do grau médio de dominância e do número de genes que controlam o caráter teor de compostos	

fenólicos totais, obtida a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 dos cruzamentos entre BRS Pampa X SCS 120 Ônix e SCS 120 Ônix X BRS Pampa.52

Tabela 3.11. Teste de significância entre as médias dos contrastes P1 x P2, P2 x P1, P1 x F1, P2 x F1 recíproco, F1 x F1 recíproco e F2 x F2 recíproco, para o caráter teor de compostos fenólicos totais dos cruzamentos entre BRS Pampa X SCS 120 Ônix e SCS 120 Ônix X BRS Pampa.53

Tabela 3.12. Estimativas dos coeficientes de correlação linear de Pearson entre os caracteres antocianinas totais (AT), teor de compostos fenólicos totais (TCFT), luminosidade da cor (L), coordenada a^* da cor (a^*), coordenada b^* da cor (b^*), tonalidade da cor ($^{\circ}$ Hue) e saturação da cor (Croma) em arroz.57

Capítulo II: Controle genéticos da coloração do pericarpo em arroz

Tabela 4.1. Classificação da herdabilidade segundo Cargnelutti Filho; Storck (2007).67

Tabela 4.2. Classificação do tipo de interação intra-alélica sobre o caráter quanto grau médio da dominância (GMD).67

Tabela 4.3. Análise de variância para os parâmetros (L, a^* , b^* , $^{\circ}$ Hue e Croma) relacionados a coloração do pericarpo em arroz, considerando os genitores (P1 e P2) e as gerações F1 e F2, obtidas nos cruzamentos entre BRS Pampa x SCS 120 Ônix e SCS 120 Ônix x BRS Pampa.69

Tabela 4.4. Número de plantas avaliadas (N), médias (X) e variâncias ($\hat{\sigma}^2$) a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 para os parâmetros (L, a^* , b^* , $^{\circ}$ Hue e Croma) relacionados a coloração do pericarpo em arroz, dos cruzamentos entre BRS Pampa X SCS 120 Ônix e SCS 120 Ônix X BRS Pampa.70

Tabela 4.5. Teste de significância da hipótese de nulidade dos parâmetros genéticos estimados a partir do modelo completo, com base nas médias dos caracteres luminosidade da cor (L), coordenada a^* da cor (a^*), coordenada b^* da cor (b^*), tonalidade da cor ($^{\circ}$ Hue) e da saturação da cor (Croma) em arroz, obtidas a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 dos cruzamentos entre BRS Pampa X SCS 120 Ônix e SCS 120 Ônix X BRS Pampa.72

Tabela 4.6. Decomposição não ortogonal da soma de quadrados (SQ) de parâmetros (m, a, d, aa, ad, dd), pelo método de eliminação de Gauss, para os caracteres luminosidade da cor (L), coordenada a^* da cor (a^*), coordenada b^* da cor (b^*), tonalidade da cor ($^{\circ}$ Hue) e da saturação da cor (Croma) obtidos a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 dos cruzamentos entre BRS Pampa X SCS 120 Ônix e SCS 120 Ônix X BRS Pampa.73

Tabela 4.7. Teste de significância da hipótese de nulidade dos parâmetros genéticos estimados a partir do modelo aditivo-dominante, com base nas médias dos caracteres luminosidade da cor (L), coordenada a^* da cor (a^*), coordenada b^* da cor (b^*), tonalidade da cor ($^{\circ}$ Hue) e da saturação da cor (Croma) obtidas a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 dos cruzamentos entre BRS Pampa X SCS 120 Ônix e SCS 120 Ônix X BRS Pampa.74

Tabela 4.8. Médias observadas ($\bar{Y}$) e estimadas ($\hat{Y}$) para os caracteres luminosidade da cor (L), coordenada a^* da cor (a^*), coordenada b^* da cor (b^*), tonalidade da cor ($^\circ\text{Hue}$) e da saturação da cor (Croma), obtidas a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2, dos cruzamentos entre BRS Pampa X SCS 120 Ônix e SCS 120 Ônix X BRS Pampa.76

Tabela 4.9. Decomposição não ortogonal da soma de quadrados de parâmetros (m, a, d) pelo método de eliminação de Gauss, com base nas médias dos caracteres luminosidade da cor (L), coordenada a^* da cor (a^*), coordenada b^* da cor (b^*), tonalidade da cor ($^\circ\text{Hue}$) e saturação da cor (Croma), a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 dos cruzamentos entre BRS Pampa X SCS 120 Ônix e SCS 120 Ônix X BRS Pampa.77

Tabela 4.10. Estimativas das variâncias fenotípica, genotípica, aditiva, de dominância e de ambiente, das herdabilidades no sentido amplo e restrito, do grau médio de dominância e do número de genes que controlam os caracteres luminosidade da cor (L), coordenada a^* da cor (a^*), coordenada b^* da cor (b^*), tonalidade da cor ($^\circ\text{Hue}$) e saturação da cor (Croma), obtidas a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 dos cruzamentos entre BRS Pampa X SCS 120 Ônix e SCS 120 Ônix X BRS Pampa. .79

Tabela 4.11. Teste de significância entre as médias dos contrastes P1 x P2, P2 x P1, P1 x F1, P2 x F1 recíproco, F1 x F1 recíproco e F2 x F2 recíproco, para os caracteres luminosidade da cor (L), coordenada a^* da cor (a^*), coordenada b^* da cor (b^*), tonalidade da cor ($^\circ\text{Hue}$) e saturação da cor (Croma) de arroz, dos cruzamentos entre BRS Pampa X SCS 120 Ônix e SCS 120 Ônix X BRS Pampa.81

Capítulo III: Ação gênica e parâmetros genéticos de caracteres relacionados a produtividade em arroz

Tabela 5.1. Classificação da herdabilidade segundo Cargnelutti Filho; Storck (2007).90

Tabela 5.2. Classificação do tipo de interação intra-alélica sobre o caráter quanto grau médio da dominância (GMD).....91

Tabela 5.3. Análise de variância para os parâmetros número de panículas por plantas (NPP), peso de panícula (PP) e comprimento de panícula (CP) em arroz, considerando os genitores (P1 e P2) e as gerações F1 e F2, obtidas nos cruzamentos entre BRS AG X Arbório e Arbório X BRS AG.92

Tabela 5.4. Número de plantas avaliadas (N), médias ($\bar{X}$) e variâncias ($\hat{\sigma}^2$) a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 para os parâmetros número de panículas por plantas (NPP), peso de panícula (PP) e comprimento de panícula (CP) em arroz, dos cruzamentos entre BRS AG X Arbório e Arbório X BRS AG.93

Tabela 5.5. Teste de significância da hipótese de nulidade dos parâmetros genéticos estimados a partir do modelo completo, com base nas médias dos caracteres número de panículas por plantas (NPP), peso de panícula (PP) e comprimento de panícula (CP) em arroz, obtidas a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 dos cruzamentos entre BRS AG X Arbório e Arbório X BRS AG.....95

Tabela 5.6. Decomposição não ortogonal da soma de quadrados (SQ) de parâmetros (m, a, d, aa, ad, dd), pelo método de eliminação de Gauss, para os caracteres número de panículas por planta (NPP), peso de panícula (PP) e comprimento de panícula (CP) obtidos a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 dos cruzamentos entre BRS AG X Arbório e Arbório X BRS AG.96

Tabela 5.7. Teste de significância da hipótese de nulidade dos parâmetros genéticos estimados a partir do modelo aditivo-dominante, referente as médias dos caracteres número de panículas por planta (NPP), peso de panícula (PP) e comprimento de panícula (CP) obtida a partir P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 dos cruzamentos entre BRS AG X Arbório e Arbório X BRS AG.98

Tabela 5.8. Médias observadas (Y) e estimadas ($\hat{Y}$) para os caracteres número de panículas por planta (NPP), peso de panícula (PP) e comprimento de panícula (CP) obtidos a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 dos cruzamentos entre BRS AG X Arbório e Arbório X BRS AG.99

Tabela 5.9. Decomposição não ortogonal da soma de quadrados dos parâmetros (m, a, d) pelo método de eliminação de Gauss, com base nas médias dos caracteres número de panículas por planta (NPP), peso de panícula (PP) e comprimento de panícula (CP) obtidos a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 dos cruzamentos entre BRS AG X Arbório e Arbório X BRS AG.....100

Tabela 5.10. Predição de ganhos genético com a seleção de 10% dos melhores indivíduos (Plantas) para os caracteres número de panículas por planta (NPP), peso de panícula (PP) e comprimento de panícula (CP) em arroz, nos cruzamentos entre BRS AG X Arbório e Arbório X BRS AG.....101

Tabela 5.11. Estimativas das variâncias fenotípica, genotípica, aditiva, de dominância e de ambiente, das herdabilidades no sentido amplo e restrito, do grau médio de dominância e do número de genes que controlam os caracteres número de panículas por planta (NPP), peso de panícula (PP) e comprimento de panícula (CP), obtidas a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 nos cruzamentos entre BRS AG X Arbório e Arbório X BRS AG.102

Tabela 5.12. Teste de significância entre as médias dos contrastes P1 x P2, P2 x P1, P1 x F1, P2 x F1 recíproco, F1 x F1 recíproco e F2 x F2 recíproco, para os caracteres número de panículas por planta (NPP), peso de panícula (PP) e comprimento de panícula (CP) em arroz, nos cruzamentos entre BRS AG X Arbório e Arbório X BRS AG.104

Capítulo IV: Controle genético da altura de planta em arroz irrigado

Tabela 6.1. Classificação da herdabilidade segundo Cargnelutti Filho; Storck (2007).112

Tabela 6.2. Classificação do tipo de interação intra-alélica sobre o caráter quanto grau médio da dominância (GMD).....113

Tabela 6.3. Análise de variância para altura de planta em arroz, considerando os genitores (P1 e P2) e as gerações F1 e F2, nos cruzamentos entre BRS AG x Arbório, BRS Querência x BRS Pampa e BRS Pampa x SCS 120 Ônix.114

Tabela 6.4. Número de plantas avaliadas (N), médias (X) e variâncias ($\hat{\sigma}^2$) a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 para a altura de planta (cm) em arroz, nos cruzamentos entre BRS AG x Arbório, BRS Querência x BRS Pampa e BRS Pampa x SCS 120 Ônix.115

Tabela 6.5. Teste de significância da hipótese de nulidade dos parâmetros genéticos estimados a partir do modelo completo, com base nas médias de altura de planta (cm) em arroz, obtidas a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 dos cruzamentos entre BRS AG x Arbório, BRS Querência x BRS Pampa e BRS Pampa x SCS 120 Ônix.116

Tabela 6.6. Decomposição não ortogonal da soma de quadrados (SQ) de parâmetros (m, a, d, aa, ad, dd), pelo método de eliminação de Gauss, para a altura de planta (cm) obtidas a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 dos cruzamentos entre BRS AG x Arbório, BRS Querência x BRS Pampa e BRS Pampa x SCS 120 Ônix.117

Tabela 6.7. Teste de significância da hipótese de nulidade dos parâmetros genéticos estimados a partir do modelo aditivo-dominante, com base nas médias de altura de planta (cm) obtidas a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 dos cruzamentos entre BRS AG x Arbório, BRS Querência x BRS Pampa e BRS Pampa x SCS 120 Ônix.118

Tabela 6.8. Médias observadas (Y) e estimadas ($\hat{Y}$) para a altura de planta (cm) obtidas a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 dos cruzamentos entre BRS AG x Arbório, BRS Querência x BRS Pampa e BRS Pampa x SCS 120 Ônix.119

Tabela 6.9. Decomposição não ortogonal da soma de quadrados de parâmetros (m, a, d) pelo método de eliminação de Gauss, para as médias de altura de planta (cm) a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 dos cruzamentos entre BRS AG x Arbório, BRS Querência x BRS Pampa e BRS Pampa x SCS 120 Ônix.120

Tabela 6.10. Predição de ganhos genético com a seleção de 10% das melhores plantas para o caráter altura de planta (cm) em arroz, nos cruzamentos entre BRS AG x Arbório, BRS Querência x BRS Pampa e BRS Pampa x SCS 120 Ônix.121

Tabela 6.11. Estimativas das variâncias fenotípica, genotípica, aditiva, de dominância e de ambiente, das herdabilidades no sentido amplo e restrito, do grau médio de dominância e do número de genes que controlam o caráter altura de planta obtidas a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 nos cruzamentos entre BRS AG x Arbório, BRS Querência x BRS Pampa e BRS Pampa x SCS 120 Ônix.121

Sumário

Agradecimentos	6
Resumo	8
Abstract	9
Lista de Figuras	10
Lista de Tabelas	11
Sumário	16
1. Introdução Geral.....	18
1.1. Referências	21
2. Revisão bibliográfica	22
2.1. Descrição botânica e taxonomia.....	22
2.2. Origem, domesticação e evolução do arroz	23
2.3. Melhoramento genético do arroz	25
2.4. Componentes e parâmetros genéticos no melhoramento de plantas.....	29
2.5. Referências	33
3. Capítulo I	39
Ação gênica e parâmetros genéticos para atributos funcionais em arroz	39
3.1. Introdução.....	39
3.2. Material e Métodos	41
3.3. Resultados e discussões	45
3.4. Conclusões.....	58
3.5. Referências	59
4. Capítulo II	63
Controle genético da coloração do pericarpo em arroz	63
4.1. Introdução.....	63
4.2. Material e Métodos	65
4.3. Resultados e discussões	68
4.4. Conclusões.....	82
4.5. Referências	83
5. Capítulo III	87
Ação gênica e parâmetros genéticos de caracteres relacionados a produtividade em arroz	87
5.1. Introdução.....	87
5.2. Material e Métodos	89

5.3. Resultados e discussões.....	92
5.4. Conclusões.....	105
5.5. Referências	106
6. Capítulo IV.....	110
Controle genético da altura de planta em arroz irrigado.....	110
6.1. Introdução.....	110
6.2. Material e Métodos	112
6.3. Resultados e discussões.....	114
6.4. Conclusão.....	124
6.5. Referências	125
7. Considerações finais	128
8. Anexo	129

1. Introdução Geral

O arroz (*Oryza sativa* L.) é uma das principais culturas agrícolas do mundo, sendo cultivado em todos os continentes exceto na Antártida (MASOOD et al., 2015). Esse cereal, possui um papel crucial na segurança alimentar mundial e contribui para o sustento da população mundial (BALAKRISHNAN et al., 2016), fornecendo a subsistência básica para aproximadamente 65% da população global sendo uma das fontes de alimento de menor custo econômico (PADMAJA et al., 2008). É o segundo cereal mais produzido no mundo, na última safra a produção global de arroz foi de 758,8 milhões de toneladas implantadas em 163,6 milhões de hectares (FAO, 2017).

Assim como nos países considerados em fase de desenvolvimento, no Brasil, o nono maior produtor mundial e o maior produtor fora do continente asiático (KATSURAYAMA et al., 2017), o arroz também desempenha um papel econômico e social estratégico para o agronegócio regional e nas comunidades que possuem na orizicultura sua atividade agrícola principal. No país foram produzidas no último ano agrícola de 2016/2017, aproximadamente 12,33 milhões de toneladas de arroz originadas principalmente no estado do Rio Grande do Sul, onde foram produzidas em torno de 8,72 milhões toneladas de arroz, o que corresponde a 70,7% da produção nacional (CONAB, 2017).

Existe uma grande variação no mundo quanto ao tipo e consumo deste cereal, decorrente fundamentalmente de características inerentes relacionadas aos fatores culturais, sociais e econômicos. O mercado consumidor brasileiro, assim como o setor produtor, é fundamentado em genótipos de arroz de pericarpo branco da classe longo-fino (subespécie *Indica*), os quais caracterizam-se pelo alto teor de amilose e baixa temperatura de gelatinização. Consequentemente, isto proporciona grãos com elevada maciez e desagregados após o processo de cozimento, assim como a rápida cocção dos grãos. O maior consumo é de arroz branco polido, com pouco mais de 70% do total, em segundo lugar aparece o arroz parboilizado, cujo consumo quintuplicou nas duas últimas décadas correspondendo aproximadamente 25% e posteriormente o arroz integral com 3 a 4% do que é consumido no Brasil Elias et al. (2012).

Dessa forma, observa-se que o mercado de arroz do tipo especial, onde se enquadram os genótipos de arroz com pericarpo pigmentado, representa de 1 a 2%. Apesar disso, as perspectivas desse setor são favoráveis e há tendência de aumento de consumo desse tipo de arroz. Esse nicho comercial cresceu cinco vezes mais do que os outros tipos de arroz nos últimos três anos, despertando o interesse por parte da indústria e varejo em novos produtos (PLANETA ARROZ, 2017).

Esse fato decorreu devido ao longo dos últimos anos no Brasil e no mundo inteiro, o padrão de alimentação do consumidor ter apresentado diversas alterações, principalmente por causa dos crescentes estudos relacionados a composição, constituintes nutricionais e compostos bioativos dos alimentos, assim como a funcionalidade e os benefícios desses no organismo humano. Mas também, devido ao aumento de apreciadores da boa e mais refinada comida, ou seja, *gourmetização* dos pratos e o surgimento de programas de culinária na televisão. Assim os tipos de arroz pigmentados, embora sejam consumidos principalmente por nichos específicos de mercado, vêm ganhando espaço nas prateleiras dos mercados e na preferência do consumidor brasileiro.

Apesar dessa demanda, a produção brasileira de arroz dos tipos especiais é inexpressiva e basicamente de subsistência. Onde se destaca o cultivo do arroz vermelho nos estados do Nordeste, como Rio Grande do Norte e Paraíba, para o sustento familiar (COSTA, 2015). Já o cultivo do arroz preto prevalece na região do Vale do Paraíba no estado de São Paulo, que tem investido na produção dos vários tipos de arroz especial, dirigidos à alta gastronomia (FARIAS et al., 2015).

A produção de arroz do tipo especial no Brasil apresenta algumas limitações a serem superadas, visto que o consumo de grande parte desse tipo de arroz no país é garantido pela importação. Apesar de possuírem boa aceitação em determinados mercados e alto valor agregado, consequentemente preço superior, a produção do mesmo estagna devido a problemas de logística e industrialização, baixo consumo per capita, baixa adaptabilidade das cultivares introduzidas no país e baixa capacidade produtiva das cultivares.

O melhoramento genético de tipos especiais de arroz, de um modo geral, encontra-se em processo de desenvolvimento muito inferior às cultivares em âmbito nacional, por isso, apresentam potenciais produtivos inferiores e os efeitos genéticos

relacionados aos compostos bioativos dos grãos são desconhecidos, como por exemplo, quanto aos compostos fenólicos totais, proantocianidinas e antocianinas.

Através da contribuição do melhoramento genético, nas últimas décadas tem-se alcançado incrementos significativos no potencial de produtividade na cultura do arroz, obtido fundamentalmente a partir de alterações na arquitetura de planta, sendo selecionados genótipos de menor altura, alta capacidade de emissão de afilhos, folhas bandeiras eretas, responsivos a adubação e com melhor eficiência fotossintética, caracterizando assim a arquitetura de planta moderna. Portanto, essas características agrônômicas devem ser buscadas no melhoramento de tipos especiais de arroz, afim de elevar o potencial produtivo e a lucratividade para o produtor.

Além disso, é fundamental a execução de estudos voltados para determinar o modo de ação gênica e a herança genética dos compostos bioativos do arroz pigmentado. Do mesmo modo, para os caracteres ligados ao rendimento de grãos e arquitetura da planta, não apenas quanto os tipos especiais de arroz, mas também quanto aos genótipos de pericarpo branco de arquitetura moderna, para obter maior eficiência na condução do programa de melhoramento.

Dessa forma, devido ao constante desafio do melhorista de arroz em disponibilizar genótipos que além do elevado potencial genético para produtividade, apresentem características desejadas para cada fim específico, tais como por exemplo: alta qualidade industrial nas cultivares longo-fino de pericarpo branco e elevada concentração dos compostos bioativos nos tipos especiais de arroz pigmentado.

Sendo assim, o presente trabalho teve como finalidade a determinação dos parâmetros preponderantes no controle genético como, a herdabilidade, a verificação do efeito materno, a herança genética e o tipo de ação gênica para compostos fenólicos totais, parâmetros da cor do pericarpo, caracteres relacionados ao rendimento de grãos e altura de plantas. O conhecimento desses parâmetros genéticos é de extrema importância para estabelecer estratégias mais eficientes de seleção para estes caracteres.

1.1. Referências

- BALAKRISHNAN, D.; ROBIN, S.; RABINDRAN, R.; JOEL, A. J. Molecular and morphological characterisation of back cross generations for yield and blast resistance in rice. **Journal Rice Research**, v.4, n.3, 169, 2016.
- CONAB. **Acompanhamento da Safra Brasileira de Grãos: Décimo segundo Levantamento – Setembro 2017**. Companhia Nacional de Abastecimento, Brasília, Safra 2016/17, v.4, n.12, p.1-158. Disponível em: http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/17_09_12_10_14_36_boletim_graos_setembro_2017.pdf. Acesso em: 04 de dezembro de 2017.
- COSTA, L. G. A. A cultura do arroz no estado do Rio Grande do Norte. In: OLIVEIRA NETO, A. A. **A cultura do arroz**. Brasília: Conab, 2015. cap. 2.15, p.66-70.
- ELIAS, M. C. F.; OLIVEIRA, M.; VANIER, N. L.; PARAGINSKI, R. T.; SCHIAVON, R. A. Industrialização de arroz por processo convencional e por parboilização. In: ELIAS, M. C. F.; OLIVEIRA, M.; VANIER, N. L. (Ed.). **Qualidade de arroz da pós-colheita ao consumo**. Pelotas: Ed. Universidade da UFPEL, 2012. cap. 4, p.43-55.
- FARIAS, A. C. C.; AVILA, C. L.; CARDOSO, E. C.; OLIVEIRA, E. T.; CAJUEIRO, F. J. V. M.; BREVIOLIERI, M. B.; MARTINS, L. A. A cultura do arroz em São Paulo. In: OLIVEIRA NETO, A. A. **A cultura do arroz**. Brasília: Conab, 2015. cap. 2.20, p.90-93.
- FAO, 2017. **FAO Rice Market Monitor**, July 2017, Volume XX - Issue No. 2. Disponível em <http://www.fao.org/economic/est/publications/rice-publications/rice-market-monitor-rmm/en/>. Acesso em: 04 de novembro de 2017.
- KATSURAYAMA, A. M.; TANIWAKI, M. H. Fungos e aflatoxinas no arroz: ocorrência e significado na saúde do consumidor. **Brazilian Journal of Food Technology**, Campinas, v. 20, e2017006, 2017.
- MASOOD, S. A.; JABEEN, S.; ANUM, M.; NASEEM, Z.; JAMSHAD, A.; ALI, Q. Genetic association of transcriptional factors (OsAP2 gene family) to incorporate drought tolerance in rice (*Oryza sativa* L. ssp. indica): An overview. **Life Science Journal**, v.12, p.71-76, 2015.
- PADMAJA, D.; RADHIKA, K.; RAO, S. L.; PADMA, V. Studies on variability, heritability and genetic advance for quantitative characters in rice (*Oryza sativa* L.). **Journal of Plant Genetic Resources**, v.21, n.3, p.196-198, 2008.
- PLANETA ARROZ. **Cor & Sabor: Tipos especiais de arroz ganham espaço no mercado**. Edição 63. p. 28 – 31, 2017.

2. Revisão bibliográfica

2.1. Descrição botânica e taxonomia

Os ambientes de cultivo do arroz variam significativamente entre e dentro dos países produtores (BAMBARADENIYA; AMERASINGHE, 2003). Sendo cultivado em grande parte do mundo (GUIMARÃES; BALDANI, 2013), pois apresenta ampla adaptabilidade e plasticidade fenotípica às diferentes condições edafoclimáticas. Além disso, é a espécie com maior potencial de aumento de produção e, possivelmente, de combate à fome no mundo (MENEZES et al. 2012).

Esse cereal é uma planta herbácea, de ciclo anual, pertence ao grupo de plantas de metabolismo C-3 e se adapta ao ambiente aquático, devido à presença de aerênquima no colmo e nas raízes da planta que possibilita a passagem de oxigênio do ar para a camada da rizosfera (SOSBAI, 2012). É uma gramínea da classe das monocotiledôneas (MARCONDES; GARCIA, 2009), ou seja, possui um único embrião e um só cotilédone. Taxonomicamente, o arroz pertence à tribo Oryzeae, família Poaceae, subfamília Oryzoideae e gênero *Oryza* (WATANABE, 1997).

O gênero *Oryza* foi assim denominado por Linnaeus em 1753 e deu o nome específico ao arroz cultivado *Oryza sativa* L. (MAGALHÃES JR., 2007). O número haplóide de cromossomos do arroz foi determinado por Kuwada em 1910, porém somente na década de 60 é que os caracteres que definiram o gênero foram estabelecidos (TATEOKA, 1964).

Esse gênero é de fundamental interesse não apenas por ser o do arroz, mas também por ser o gênero que apresenta uma forte relação com outras gramíneas, representando uma fonte de estudo para o entendimento de outras espécies (VAUGHAN et al., 2008). As principais características morfológicas do gênero *Oryza* são a presença de glumas estéreis rudimentares, espiguetas bissexuais e as folhas estreitas, herbáceas com nervuras lineares e bordos serrilhados (VAUGHAN et al., 2003).

O número básico de cromossomos do gênero *Oryza* é 12 ($2n=24$), mas há várias espécies poliplóides ($2n=48$), como por exemplo, *O. minuta* J. S. Presl. ex C. B. Presl., *O. malapuzhaensis* Krishnaswamy e Chandrasakaran, *O. punctata* Kotschy

ex Steud., *O. latifolia* Desv., *O. alta* Swallen, *O. grandiglumis* (Doell) Prod., *O. schlechteri* Pilger, *O. ridleyi* Hook. e *O. longiglumis* Jansen (MAGALHÃES JR.; OLIVEIRA, 2008). Segundo Londo et al. (2006) esse gênero inclui 23 espécies, constituído por 21 espécies selvagens e 2 cultivadas, sendo *Oryza glaberrima* Steud. cultivada somente no oeste da África (arroz cultivado africano) e *Oryza sativa* L. (arroz cultivado asiático), essa de maior importância econômica e social sendo cultivada globalmente.

2.2. Origem, domesticação e evolução do arroz

É presumido que as duas espécies de arroz cultivado, o asiático (*Oryza sativa* L.) e o africano (*Oryza glaberrima* Steud.), devam ter um ancestral comum, mas não há, até o momento, um consenso quanto à conexão evolutiva entre eles (MAGALHÃES JR., 2007). Tem sido proposto, como provável progenitor comum, o arroz *O. perennis* ou *O. rufipogon*. Porém, qualquer que seja seu ancestral comum, parece claro que as duas formas de domesticação ocorreram de modo paralelo e independente (PEREIRA, 2002).

O gênero *Oryza* tem sua origem e distribuição em várias partes do mundo (VAUGHAN; CHANG, 1995). Diversos historiadores e cientistas apontam que a espécie *Oryza sativa* tem seu centro de origem no sudeste asiático, mais precisamente na região compreendida entre a Índia e Mianmar, devido à rica diversidade de formas cultivadas deste arroz ali encontradas, sua domesticação deu-se provavelmente no sul da Índia, onde se encontram as condições de solos mais favoráveis para o seu cultivo (PEREIRA, 2002). Escritos indianos de 1300 e 1000 anos a.C. descrevem certas práticas agrônômicas, como o transplante, e exibem uma classificação agrônômica e alimentícia do arroz (MAGALHÃES JR.; COSTA de OLIVEIRA, 2008).

A partir dessa região a espécie disseminou-se até a China, e desse local o arroz foi introduzido na Coreia, Japão e Filipinas. Paralelamente, através do sul da Índia, o arroz foi propagado para a Indonésia e Ceilão (GOMES; MAGALHÃES JR., 2004). A expansão do cultivo pelos árabes foi muito importante para disseminar a cultura aos outros continentes, sendo levado para Marrocos e Espanha, de onde se espalhou para vários países vizinhos. Nas Américas, o cultivo do arroz teve início em data pós-colombiana e foi trazido por colonizadores espanhóis, portugueses e holandeses, no

Brasil pelos portugueses na época do descobrimento, onde se tornou atualmente um dos principais alimentos de consumo interno (MAGALHÃES JR.; COSTA de OLIVEIRA, 2008).

Devido ao processo evolutivo e de domesticação do arroz, surgiram inúmeros grupos geneticamente divergentes, os quais se adaptaram às mais variadas condições agroecológicas (KHUSH, 1997). Três subespécies de *Oryza sativa* estão descritas atualmente, sendo *indica* e *japonica* as mais cultivadas, seguidas pela terceira subespécie conhecida como *javanica* ou japônica tropical (LONDO et al., 2006).

A subespécie *indica*, segundo Dalrymple (1986), caracteriza-se morfológicamente por possuir colmos longos, alta capacidade de afilamento, folhas longas de cor verde-claro e decumbentes e ciclo tardio. A maioria das variedades de arroz irrigado cultivadas no Brasil estão incluídas neste grupo, mas essas características encontram-se bastante modificadas, devido a seleções locais e cruzamentos de genótipos com gene de nanismo. Esse grupo inclui genótipos mais tolerantes à seca na fase reprodutiva, com tipo e grão longo, com baixo teor de amilopectina (TERRES et al., 1999) e não pegajoso após o cozimento.

A subespécie *japonica* é largamente cultivada nas zonas temperadas, como Japão, Coréia e o Nordeste e Leste da China, e possui colmos curtos e rígidos, mediana capacidade de afilamento, folhas estreitas de cor verde-escuro e ciclo curto. As plantas desse grupo são mais tolerantes ao frio na floração e pré-floração e possuem grãos curtos e redondos com pelos densos e longos na lema e pálea, com alto teor de amilopectina, sendo por isso conhecido como grãos pegajosos após o cozimento (TERRES et al., 1999).

Na subespécie *javanica* ou japônica tropical, as plantas possuem folhas largas, rígidas, de cor verde-claro, alta estatura, baixo perfilamento, tecidos de consistência dura, grãos largos e espessos, com pelos longos na lema e pálea, arista ausente ou longa, baixo degrane, apresentando baixa sensibilidade ao fotoperíodo (PINHEIRO, 2006).

2.3. Melhoramento genético do arroz

No Brasil, os primeiros trabalhos de melhoramento genético em arroz só tiveram início em 1937, no Instituto Agronômico de Campinas (IAC), visando à obtenção de cultivares para o sistema de sequeiro (GERMEK; BANZATTO, 1972). Historicamente o melhoramento do arroz no Brasil pode ser dividido em três fases: a primeira é referente ao período anterior a 1938, caracterizada pelo aproveitamento da variabilidade genética existente nas cultivares locais em uso, assim como por algumas coletas e introduções. A segunda, que compreende o período entre 1938 e 1970 é caracterizada pelo incremento da variabilidade genética por meio de hibridação e pela continuidade das coletas e introduções. A terceira fase, iniciada na década de 70 até os dias atuais, é caracterizada através das atividades desenvolvidas pela Embrapa e outras instituições de pesquisa agropecuária localizadas em diversos estados brasileiros (PEREIRA, 2002), as quais buscam desenvolver cultivares superiores geneticamente principalmente em termos de produtividade de grãos, tolerância a fatores bióticos e abióticos, adaptadas as condições de cultivo e com qualidade dos grãos.

O Rio Grande do Sul tem um histórico de desenvolvimento da lavoura arrozeira, em termos de área e produtividade nos últimos 100 anos, muito importante para o Brasil (NUNES; TERRES, 2002). Neste contexto, a contribuição da pesquisa através dos inúmeros lançamentos de cultivares com elevado potencial genético e do aperfeiçoamento do manejo agrônomo da cultura, foram fundamentais para o incremento expressivo da produtividade e da qualidade dos grãos.

A orizicultura gaúcha até por volta de 1959, na sua maior parte, era baseada em dois tipos de cultivares, de grão curto e de grão médio, ambas da subespécie *japonica*. As cultivares de grão longo da subespécie *indica* somente a partir da safra de 1954, quando tiveram preferência pelo orizicultor gaúcho, chegando a ocupar no período de 1969 a 1973, cerca de 76% da área arrozeira do estado do RS (NUNES; TERRES, 2002). Por volta de 1970 foram introduzidas na pesquisa e depois na lavoura de arroz irrigado as cultivares americanas tradicionais (porte alto) com o grão tipo “agulhinha” (longo fino e cilíndrico), com destaque para cultivar Bluebelle que chegou em 1980, a ocupar mais de 75% da área orizícola do RS.

O desenvolvimento de genótipos de arroz irrigado de porte baixo é considerado como um dos maiores sucessos da história moderna do melhoramento genético. O precursor foi o genótipo IR-8, lançado para cultivo em 1966 pelo IRRI, que ficou conhecido como arroz "milagroso" e revolucionou a agricultura mundial, por possuir uma nova arquitetura de planta e apresentar características agrônômicas como porte baixo, alto afilhamento, resposta à adubação nitrogenada e, principalmente, elevada produtividade de grãos.

Esta cultivar proporcionou profundas transformações, não só em nível dos agricultores, que passaram a usar novas e melhores tecnologias nas lavouras, como também, na filosofia dos programas de melhoramento genético que redirecionaram todo o seu esforço de pesquisa (RANGEL et al., 2005). Segundo Vieira (2007), esse genótipo foi extensivamente utilizado como genitor em programas de melhoramento genético de arroz no mundo todo.

No decorrer da década de 80, quando as cultivares de porte alto (tradicionais) foram substituídas pelas de porte baixo (moderno), praticamente dobrou a produtividade do arroz irrigado em vários estados do país. No Rio Grande do Sul, a produtividade das lavouras aumentou em 30% (CARMONA et al., 1994) e, em Santa Catarina, o aumento foi de 66% (ISHIY, 1985).

Após este grande avanço na eficiência genética das cultivares, foram obtidos ganhos genéticos menos expressivos que esses, no potencial produtivo das cultivares. Apesar de inúmeros relatos da estagnação dos patamares de produtividade das cultivares modernas de arroz, apresentando como principal causa à excessiva redução da base genética da cultura. No entanto, diversos trabalhos têm demonstrado a contribuição do melhoramento de plantas no ganho genético para produção de grãos, conforme o transcorrer dos lançamentos das cultivares de arroz. Como por exemplo, Soares et al. (1999), Souza et al. (2007) e Breseghello et al. (2011) no cultivo de sequeiro e Breseghello et al. (1999), Peng et al. (2000), Rangel et al. (2000), Tabien et al. (2008) e Streck et al. (2018) no sistema irrigado.

Para os orizicultores continuarem dispondo de cultivares com maior potencial produtivo, conseqüentemente elevando a produtividade da cultura, uma alternativa seria através da mudança do sistema de desenvolvimento e recomendação das novas cultivares de arroz. Assim, os programas de melhoramento genético priorizariam o desenvolvimento de cultivares de arroz irrigado com adaptabilidade específica as

diferentes condições edafoclimáticas de cada região de cultivo, ao invés de optarem por genótipos com ampla adaptabilidade, como na atualidade nas recomendações das cultivares de arroz.

Do mesmo modo as técnicas de biotecnologia, como os marcadores moleculares, podem ser utilizados como estratégias auxiliares na seleção de genótipos superiores, pois seu uso associado a genes de interesse torna possível a identificação de genótipos portadores de alelos promissores (MAIA, 2007). Sendo possível dessa forma, a seleção de genótipos superiores portadores de genes e/ou alelos que conferem a tolerância ou resistência a determinados fatores abióticos ou bióticos que comprometem o desempenho agrônômico da cultura.

Nos últimos anos além do melhoramento do convencional, onde a finalidade principal é a obtenção de cultivares com grão longo-fino e pericarpo branco, com elevado potencial genético para a produtividade, qualidade de grãos e tolerância a estresse biótico e/ou abiótico, também os programas de melhoramento estão simultaneamente focados no desenvolvimento de cultivares arroz para os tipos especiais de grãos. Esse fato decorre fundamentalmente da crescente demanda e interesse dos consumidores por produtos diferenciados, de melhor qualidade nutricional e mais saudáveis.

Entre os tipos especiais de arroz destaca-se principalmente os grãos pigmentados. Sendo que as propriedades mais conhecidas desses grãos pigmentados são o alto teor de compostos fenólicos e a alta capacidade antioxidante, capaz de fornecer proteção contra espécies reativas de oxigênio e radicais livres (HU et al., 2003), auxiliando na redução da tendência do desenvolvimento de doenças crônicas, como doenças cardiovasculares, diabetes e câncer (XIA et al., 2003), além de efeito imunomodulador (OKAI et al., 2009). Tanto o arroz preto como o vermelho estão associados a uma notável atividade antioxidante em função da presença de compostos bioativos específicos, tais como antocianinas e proantocianidinas, ausentes nas variedades não pigmentadas (FINOCCHIARO et al., 2007; FINOCCHIARO; FERRARI, GIANINETTI, 2010).

No Brasil, algumas cultivares de arroz com pericarpo pigmentado foram desenvolvidas através do melhoramento genético. Entre as cultivares de pericarpo preto, destacam-se a cultivar IAC 600 originada a partir da seleção massal realizada em uma população da variedade chinesa Wang Xue Ren que apresentava

segregação para várias características agrônômicas e culinárias (IAC, 2005), e a SCS 120 Ônix desenvolvida a partir de seleções de plantas em populações segregantes, oriunda do cruzamento entre o genótipo de pericarpo preto Riso Nero e Epagri 107 (WICKERT et al., 2013).

Para os genótipos de arroz com pericarpo vermelho evidencia-se o desenvolvimento de cultivares, tais como: a SCS 119 Rubi proveniente da seleção da linhagem SC 608 que demonstrou características promissoras de cultivo e desempenho culinário, sendo desenvolvida após várias coletas de inúmeros tipos de arroz vermelho que apresentavam a característica de não debulharem facilmente (WICKERT et al., 2013) e as cultivares BRS 901 e BRS 902. Essas cultivares originaram-se do cruzamento simples entre as cultivares de pericarpo vermelho PB 01 e PB 05, de arquitetura de planta tradicional e moderna, respectivamente, visando combinar a rusticidade da primeira com a elevada produtividade de grãos da segunda (PEREIRA et al., 2015a; PEREIRA et al., 2015b).

Além dessas cultivares, a Embrapa tem focado no desenvolvimento de outros genótipos para diferentes finalidades. Tal como a cultivar BRS 358, que possui arquitetura de planta moderna, elevado potencial produtivo, grãos médios, arredondados e com atributos para a culinária japonesa, principalmente para a preparação de sushi (CORDEIRO et al., 2014), e a BRS AG, desenvolvida para produção de etanol e alimentação animal (MAGALHÃES JR., 2017).

Os tipos especiais de arroz são consumidos principalmente por nichos específicos de mercado, associados a tradições culturais ou mesmo oferecidos em restaurantes especializados em determinadas gastronomia. Esses produtos com essas características diferenciadas estão proporcionando novas oportunidades de mercado, ocupando gradualmente o espaço dos produtos tradicionais e têm apresentado perspectiva de crescimento (IKEDA et al., 2010). Em razão da predisposição dos consumidores para a substituição do padrão de consumo atual, seguindo o movimento do comportamento nacional e mundial de preocupação com a saúde (BARNI et al., 2015). Diante dessa crescente procura e interesse dos consumidores por produtos diferenciados, os programas de melhoramento genético de arroz também devem continuar desenvolvendo trabalhos nessa área, pois proporcionarão aos orizicultores novas tecnologias com maior valor agregado.

2.4. Componentes e parâmetros genéticos no melhoramento de plantas

O processo de desenvolvimento e obtenção de uma nova cultivar de arroz, além do conhecimento do melhorista, requer muito tempo, trabalho e altos investimentos financeiros em infraestruturas, equipamentos e na condução do programa de melhoramento. Assim, caso ocorra um procedimento equivocado em uma determinada etapa do programa de melhoramento, pode ocasionar em consequências inestimáveis e irreversíveis a curto prazo, proporcionando problemas, perdas e prejuízos econômicos. Para evitar isso, é fundamental a estimação dos parâmetros genéticos e o conhecimento do modo de ação gênica predominante no controle dos caracteres de interesse.

Desse modo, a genética quantitativa desempenha importante e essencial papel como suporte nas diversas etapas do programa de melhoramento. Segundo Hallauer et al. (2010), a estimativa dos parâmetros genéticos e fenotípicos constitui-se em uma das mais importantes contribuições da genética quantitativa para o melhoramento de plantas. Por isso a genética quantitativa constitui-se em uma das ferramentas de auxílio aos melhoristas no desenvolvimento de cultivares com elevado potencial genético, pois o conhecimento dos parâmetros genéticos dos caracteres de interesse é necessário para que se obtenha sucesso no melhoramento de plantas (BURATTO, 2012).

O conhecimento das estimativas dos parâmetros genéticos nas gerações segregantes, fornecem informações importantes sobre os caracteres quantitativos (AJMAL et al., 2009), que são de maior interesse agrônomo. Conforme Câmara et al. (2007), essas estimativas proporcionam a identificação do modo de ação dos genes que participam do controle de caracteres quantitativos, possibilitando a adoção de estratégias de melhoramento que visam a obtenção de maiores ganhos de seleção. Além disso, auxiliam os melhoristas na tomada de decisões quanto à escolha do método de melhoramento, do modo de condução e de seleção das populações segregantes, além da possibilidade de prever o sucesso nos futuros ciclos de seleção (RAMALHO et al., 1993), possibilitando assim, a condução de maneira mais efetiva do programa de melhoramento (CRUZ et al., 2012).

A estimativa e a compreensão dos parâmetros genéticos permitem definir estratégias e estabelecer procedimentos a serem adotados na condução da

população segregante. A interpretação desses parâmetros possibilita o conhecimento da magnitude da variabilidade genética de determinado caráter, viabilizando a tomada de decisões com relação à manutenção de certas populações no programa, a necessidade de ampliação da variabilidade por meio da introgressão de novos genótipos e intensidade de seleção a ser utilizada (GUIMARÃES, 2014).

A efetividade da seleção para um determinado caráter depende da importância relativa dos fatores genéticos e não genéticos na expressão das diferenças fenotípicas (FEHR, 1987; RAMALHO et al., 1993). No caso dos caracteres quantitativos, que apresentam maior importância e interesse, essas informações podem ser obtidas utilizando componentes de média ou de variância. A determinação através dos componentes da variância tem a vantagem de os efeitos genéticos não se anularem, como pode ocorrer com médias, possibilitando a obtenção de precisas estimativas de parâmetros genéticos (CRUZ et al., 2012).

Os fatores mais importantes que interferem no ganho genético obtido por seleção, de acordo com Vencovsky (1987) são: intensidade de seleção, propriedades genéticas da população e condições ambientais. O ganho obtido por seleção está diretamente relacionado com o diferencial de seleção, ou seja, à diferença entre a média do grupo selecionado e a média da população original. Portanto, já que os caracteres quantitativos apresentam uma distribuição normal, um maior diferencial de seleção é obtido quando uma menor proporção de plantas geneticamente superiores é selecionada. Assim, quanto maior a pressão de seleção, maior será o diferencial. Apesar disso, uma pressão de seleção muito intensa principalmente nas primeiras gerações pode implicar em risco drástico na redução da variabilidade genética, podendo dificultar as chances de obtenção de ganho genético, pois tal ganho se baseia na heterogeneidade da população, isto é, nas diferenças genéticas.

A estimativa da herdabilidade é outro fator extremamente relevante e considerável na condução do programa de melhoramento, contribuindo diretamente para o trabalho do melhorista, pois permite antever a possibilidade de sucesso com a seleção. Somente o valor fenotípico de um indivíduo pode ser mensurado, no entanto, é o valor genotípico que influenciará a próxima geração. Por isso, é importante o conhecimento de quanto da variação fenotípica é atribuída à variação genotípica, e dessa, quanto é proveniente a variação genética aditiva. A principal função da

herdabilidade, segundo Falconer (1987), é seu papel preditivo, que expressa à confiabilidade do valor fenotípico como estimador do valor genético.

A herdabilidade pode ser estimada no sentido amplo e no sentido restrito, sendo que a diferença entre elas ocorre em função do numerador da expressão, onde no sentido amplo envolve a variância genética total e no sentido restrito, apenas a variância aditiva. Assim quanto maior a herdabilidade principalmente no sentido restrito, maior o ganho genético por seleção. Desse modo, a herdabilidade no sentido restrito apresenta maior importância prática, pois reflete a proporção da variação total expressa que pode ser herdada (VENCOVSKY, 1987). Logo quando a herdabilidade é alta, sendo essa específica de caracteres qualitativos, a seleção nas gerações iniciais de autofecundação é eficiente. Em contrapartida, sendo seu valor baixo, nos caracteres quantitativos a seleção deve ser realizada apenas nas gerações mais avançadas, uma vez que o aumento da homozigose, consequência da autofecundação, propicia um incremento na herdabilidade no sentido restrito (FALCONER, 1987).

É importante salientar que a herdabilidade não é apenas a propriedade de um caráter e sim da população sob as condições ambientais a que ela foi exposta (BALDISSERA et al., 2014). Logo, o uso de ambientes desuniformes, e populações segregantes obtidas de genitores não contrastantes podem diminuir a herdabilidade (RAMALHO et al., 1993). Por outro lado, a variação gênica na população e a estabilidade do ambiente no qual os indivíduos são cultivados tendem a aumentar a herdabilidade (MATHER; JINKS, 1984).

A determinação desses parâmetros genéticos que permitem estimar com precisão o comportamento dos caracteres quantitativos tem sido amplamente utilizado pelos melhoristas de plantas, na busca de maior eficiência na condução dos programas de melhoramento. Desse modo, a utilização da análise de gerações torna-se uma técnica relevante para estimar os efeitos gênicos (aditividade e dominância) envolvidos nos caracteres quantitativos, bem como a possibilidade de considerar a influência dos efeitos epistáticos (aditivo x aditivo, aditivo x dominante, dominante x dominante), que interferem na expressão do caráter (SINGH; SINGH, 1992).

Assim, a estimação dos parâmetros genéticos proporciona a obtenção de informações referentes a natureza da ação dos genes envolvidos na herança dos caracteres sob investigação e estabelece os princípios para a escolha dos métodos

de melhoramento e a pressão de seleção aplicáveis às populações (MORAIS et al., 1997). Além disso, permite o conhecimento da estrutura genética da população e fazer a inferência da variância genética da mesma.

A partir da variância genotípica é possível determinar os fatores genéticos que são importantes para a população em análise. A variância genotípica pode ser decomposta em três componentes (FISHER, 1918): variância genética aditiva, atribuída aos efeitos médios dos genes; variância devida aos desvios da dominância, atribuída às interações entre alelos de um mesmo loco; e a variância epistática, oriunda das interações entre alelos de locos diferentes (REIS et al., 2002), permitindo estimar os fatores preponderantes na expressão do caráter de interesse.

Diante do exposto, evidencia-se a importância da estimação dos parâmetros gênicos e do conhecimento da bases genéticas no melhoramento de plantas, com intuito de qualificar o trabalho do melhorista no processo de desenvolvimento de novas cultivares com elevado potencial genético para os caracteres de interesse agronômicos.

2.5. Referências

- AJMAL, S. U.; ZAKIR, N.; MUJAHID, M. Y. Estimation of genetic parameters and character association in wheat. **Journal of Agricultural & Biological Science**, v.1, n.1, p.15-18, 2009.
- 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**. Lages, v.13, n.2, p.181-189, 2014.
- BAMBARADENIYA, C. N. B.; AMERASINGHE, F. P. **Biodiversity associated with the rice field agro-ecosystem in Asian countries: a brief review**. Working Paper 63, International Water Management Institute (IWMI), Sri Lanka. 2003.
- BARNI, E. J.; SILVA, M. C. WICKERT, E.; NOLDIN, J. A. Oportunidades de mercado para tipos especiais de arroz em Santa Catarina. **Agropecuária Catarinense**., Florianópolis, v.28, n.2, p.71-77, 2015.
- BRESEGHELLO, F.; MORAIS, O. P.; PINHEIRO, P. V.; SILVA, A. C. S.; CASTRO, E. M.; GUIMARÃES, E. P.; CASTRO, A. P.; PEREIRA, J. A.; LOPES, A. M.; UTUMI, M. M.; OLIVEIRA, J. P. Results of 25 Years of Upland Rice Breeding in Brazil. **Crop Science**, v.51, p.914-923, 2011.
- BRESEGHELLO, F.; RANGEL, P. H. N.; MORAIS, O. P. Ganho de produtividade pelo melhoramento genético do arroz irrigado no nordeste do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.34, n.3, p.399-407, 1999.
- BURATTO, J. S. **Teores de minerais e proteínas em grãos de feijão e estimativas de parâmetros genéticos**. 2012. 148f. Tese (Doutorado), Universidade Federal de Lavras, Lavras. 2012.
- CÂMARA, T. M. M.; BENTO, D. A. V.; ALVES, G. F.; SANTOS, M. F.; MOREIRA, J. U. V.; SOUZA JÚNIOR, C. L. de. Parâmetros genéticos de caracteres relacionados à tolerância à deficiência hídrica em milho tropical. **Bragantia**, v.66, n.4, p.595-603, 2007.
- CARMONA, P. S.; TERRES, A. L.; SCHIOCCHET, M. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE ARROZ, 4., 1990, Goiânia. **A pesquisa de arroz nos anos 80: avaliação crítica dos principais resultados**. Goiânia: p.269-285, 1994. (Embrapa - CNPAF. Documentos, 40).
- CORDEIRO, A. C. C.; RANGEL, P. H. N.; BASSINELLO, P. Z.; MORAIS, O. P.; MOURA NETO, F. P.; MAGALHÃES JR., A. M. de; WICHERT, E.; TORGA, P. P.; CAMPOS, G. W.; STAUT, L. A.; AMORIM NETO, S.; PEREIRA, J. A.; KOAKUZU, S. N.; COLOMBARI FILHO, J. M.; FRIGERI, T. **BRS 358: Cultivar de arroz irrigado com tipo de grãos para a culinária japonesa**. 2014. 5p. (Embrapa Roraima, Comunicado Técnico, 81).
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. **Métodos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4.ed. - Viçosa, MG: Ed. UFV, 2012. 514p.

DALRYMPLE, D. G. **Development and spread of high-yielding rice varieties in development countries**. Washington, Agency for Development, 1986.117p.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Tradução de Martinho de Almeida e Silva e José Carlos Silva. Viçosa - Minas Gerais: UFV - Imprensa Universitária da Universidade Federal de Viçosa, 1987. 279p.

FEHR, W. R. **Principles of cultivar development**. New York: Macmillan Publishing Company, 1987. 536p.

FINOCCHIARO, F.; FERRARI, B.; GIANINETTI, A. A study of biodiversity of flavonoid conten in the rice caryopsis evidencing simultaneous accumulation of anthocyanins and proanthocyanidins in a black-grained genotype. **Journal of Cereal Science**, v.51, p.28-34, 2010.

FINOCCHIARO, F.; FERRARI, B.; GIANINETTI, A.; DALLÁSTA, C.; GALAVERNA, G.; SCAZZINA, F.; PELLEGRINI, N. Characterization of antioxidant compounds of red and white rice and changes in total antioxidant capacity during processing. **Molecular Nutrition Food Research**, v.51, p.1006-1019, 2007.

FISHER, D. S. The correlation between relatives on the supposition of Mendelian inheritance. **Review Society Transation**, Edinburgh, v.52, p.399-433, 1918.

GERMEK, E.; BANZATTO, N. V. **Melhoramento do arroz no Instituto Agrônômico**. Campinas: Instituto Agrônômico, Boletim 202, 1972. 56p.

GUIMARÃES, P. H. R. **Parâmetros genéticos e fenotípicos em arroz irrigado estimados por método de análise espacial**. 2014. 76f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2014.

GUIMARAES, S. L.; BALDANI, V. L. D. Produção de arroz inoculado com bactérias diazotróficas marcadas com resistência induzida ao antibiótico estreptomicina. **Revista Ciência Rural**, Belém, v.56, n.1, p.125-132, 2013.

GOMES, A. S.; MAGALHÃES JR., A. M. de (Eds.) **Arroz irrigado no Sul do Brasil**. Pelotas: Embrapa Clima Temperado, 2004. 900p.

HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. 3 ed. New York: Springer, 2010. 663p.

HU, C.; ZAWISTOWSKI, J.; LING, W.; KITTS, D.D. Black rice (*Oryza sativa* L. indica) pigmented fraction suppresses both reactive oxygen species and nitric oxide in chemical and biological model systems. **Journal of Agriculture and Food Chemistry**, v.51, p.5271-527, 2003.

IAC - Instituto Agrônômico de Campinas. 2005. **IAC 600: Cultivar de arroz tipo especial exótico preto**. Acesso em: 12 de janeiro de 2018. Disponível em: <http://www.iac.sp.gov.br/cultivares/inicio/Folders/Arroz/IAC600.htm>

IKEDA, A. A.; MORAES, A.; MESQUISTA, G. Considerações sobre tendências e oportunidade dos alimentos funcionais. **Revista P&D Engenharia de Produção**, v.8, n.2, p.40-56, 2010.

ISHIY, T. O impacto das cultivares de arroz em Santa Catarina. **Lavoura Arrozeira**. Porto Alegre, v.38, n.359, p.10-12, 1985.

KHUSH, G. S. Origin, dispersal, cultivation of rice. **Plant Molecular Biology**. Belgium, v.35, p.25-34, 1997.

LONDO, J. P.; CHIANG, Y. C.; HUNG, K. H.; CHIANG, T. Y.; SCHAAL, B. A. Phylogeography of Asian wild rice, *Oryza rufipogon*, reveals multiple independent domestications of cultivated rice, *Oryza sativa*. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**. v.103, n.25, p.9578-9583, 2006.

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

MAGALHÃES JR., A. M.; FAGUNDES, P. R. R.; FRANCO, D. F.; MORAIS, O. P.; SIQUEIRA, F. G.; STRECK, E. A.; AGUIAR, G. A.; FACCHINELLO, P. H. K. BRS AG: first cultivar of irrigated rice used for alcohol production or animal feed. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**. v.17, p.72-77, 2017.

MAGALHÃES JR., A. M. de **Recursos genéticos de arroz (*Oryza sativa* L.) no Sul do Brasil**. 2007. 160f. Tese (Doutorado em Fitomelhoramento) Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas. 2007.

MAIA, L. C. **Desenvolvimento de ferramenta e análise *in silico* da ocorrência de microssatélites (single sequence repeat) no genoma do arroz**. 2007. 120f. Dissertação (Mestrado em Fitomelhoramento) Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas. 2007.

MARCONDES, J.; GARCIA, A. B. Aspectos citomorfológicos do estresse salino em plântulas de arroz (*Oryza sativa* L.). **Arquivos do Instituto Biológico**, v.76, n.02, p. 187-194, 2009.

MATHER, K.; JINKS, J. L. **Introdução à genética biométrica**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1984. 242p.

MENEZES, B. R. S.; MOREIRA, L. B.; PEREIRA, M. B.; LOPES, H. M.; COSTA, E. M.; CURTI, A. T. M. Características morfoagronômicas de dois genótipos de arroz vermelho em cultivo inundado. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**. Recife, v.7, n.3, p.394-401, 2012.

MORAIS, O. P.; SILVA, J. C.; CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; NEVES, P. C. F. Estimação dos parâmetros genéticos da população de arroz irrigado CNA-IRAT 4/0/3. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.32, n.4, p.421-433, 1997.

NUNES, C. D. M.; TERRES, A. L. Séries Culturas Arroz: **A pesquisa com arroz irrigado no Rio Grande do Sul**. Estado do Rio Grande do Sul - Assembleia Legislativa. Cap.4, p.39-58, 2002.

OKAI, Y.; OKADA, T.; HIGASHI-OKAI, K.; KASAHARA, E.; INOUE, M.; YAMASHITA, U. Immunomodulating activities in bran extracts of Japanese red, black and brown rices. **Journal of UOEH**, v.31, p.231-242, 2009.

PENG, S.; LAZA, R. C.; VISPERAS, R. M.; SANICO, A. L.; CASSMAN, K. G.; KHUSH, G. S. Grain yield of rice cultivars and line developed in the Philippines since 1966. **Crop Science**, v.40, n.2, p.307-314, 2000.

PEREIRA, J. A. **Cultura do arroz no Brasil: subsídios para a sua história**. Teresina, Embrapa Meio-Norte, 2002, 226p.

PEREIRA, J. A.; MORAIS, O. P.; BASSINELLO, P. Z.; TORGA, P. P.; COLOMBARI FILHO, J. M.; CÂMARA, J. A. S.; RIBEIRO, V. Q. **BRS 901: Cultivar de arroz vermelho para o nordeste brasileiro**. 2015a. 5p. (Embrapa Meio-Norte. Comunicado Técnico, 235).

PEREIRA, J. A.; MORAIS, O. P.; COLOMBARI FILHO, J. M.; TORGA, P. P.; BASSINELLO, P. Z.; CÂMARA, J. A. S.; RIBEIRO, V. Q.; MAGALHÃES JR.; A. M. de; CORDEIRO, A. C. C.; CAMPOS, G. W.; WICKERT, E.; AMORIM NETO, S. **BRS 902: Cultivar de arroz vermelho para o mercado brasileiro**. 2015b. 6p. (Embrapa Meio-Norte. Comunicado Técnico, 236).

PINHEIRO, B. da S. Características morfofisiológicas da planta relacionadas à produtividade. In.: SANTOS, A. B. dos; STONE, L. F.; VIEIRA, N. R. de A. **A Cultura do Arroz no Brasil**. Embrapa Arroz e Feijão, 2ª Ed. rev. ampl. p.257-288. Santo Antônio de Goiás, 2006.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. **Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro**. Goiânia: Universidade Federal de Goiás, 1993. 271p.

RANGEL, P. H. N.; BUSO, G. S. C.; BRONDANI, C.; GUIMARÃES, E. P.; FERREIRA, M. E. **Coleta, caracterização e uso de germoplasma silvestre de arroz diplóide e tetraplóide (*Oryza spp.*) nativo do Brasil no melhoramento genético**. p.586-631. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2005. 778p.

RANGEL, P. H. N.; PEREIRA, J. A.; MORAIS, O. P.; GUIMARÃES, E. P.; YOKOKURA, T. Ganhos na produtividade de grãos pelo melhoramento genético do arroz irrigado no meio-norte do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.35, n.8, p.1595-1604, 2000.

REIS, E. F. dos; REIS, M. S.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C. D. Estimativa de variâncias e herdabilidades de algumas características primárias e secundárias da produção de grãos em soja (*Glycine max* (L.) Merrill). **Ciência e Agrotecnologia**, v.26, p.749-761, 2002.

SINGH, R. P.; SINGH, S. Estimation of genetic parameters through generation mean analysis in breadwheat. **Indian Journal of Genetics**, v.52, p.369-375, 1992.

SOARES, A. A.; SANTOS, P. G.; MORAIS, O. P.; SOARES, P. C.; REIS, M. S.; SOUZA, M. A. Progresso genético obtido pelo melhoramento do arroz de sequeiro em 21 anos de pesquisa em Minas Gerais. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.34, n.3, p.415-424, 1999.

SOSBAI - SOCIEDADE SUL-BRASILEIRA DE ARROZ IRRIGADO. **Arroz irrigado: recomendações técnicas de pesquisa para o Sul do Brasil**. Itajaí: SOSBAI, 2012. 179p.

SOUZA, M. A. de; MORAIS, O. P. de; HERÁN, R. E. C.; CARGNIN, A.; PIMENTEL, A. J. B. Progresso genético do melhoramento de arroz de terras altas no período de 1950 a 2001. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. v.42, n.3, p.371-376, 2007.

STRECK, E. A.; MAGALHÃES JR., A. M. de; AGUIAR, G. A.; FACCHINELLO, P. H. K.; FAGUNDES, P. R. R.; FRANCO, D. F.; NARDINO, M.; OLIVEIRA, A. C. de Genetic progress in 45 years of irrigated rice breeding in southern Brazil. **Crop Science**, 2018. No prelo.

TABIEN, R. E.; SAMONTE, S. O. P. B.; MCCLUNG, A. M. Forty-eight years of rice improvement in Texas since the release of cultivar Bluebonnet in 1944. **Crop Science**, v.48, n.6, p.2097-2106, 2008.

TATEOKA, T. Notes on some grasses. 16. Embryo structure of genus *Oryza* in relation to systematics. **American Journal of Botany**, Columbus, v.51, n.2, p.539-543, 1964.

TERRES, A. L.; GALLI, J.; FAGUNDES, P. R. R.; MACHADO, M. O.; MAGALHÃES JUNIOR, A. M. de; MARTINS, J. F.; NUNES, C. D. M.; FRANCO, D. F.; AZAMBUJA, I. H. V. **Arroz Irrigado no Rio Grande do Sul: generalidades e cultivares**. Pelotas: Embrapa Clima Temperado, Circular Técnica n.14, 1999. 58 p.

VAUGHAN, D. A.; CHANG, T. T. Collecting the rice gene pool. In: GUARINO, L.; RAMANATHA RAO, V.; REID, R. **Collecting plant genetic diversity – Technical Guidelines**. CAB International, Wallingford, UK, p. 659-675, 1995.

VAUGHAN, D. A.; GE, S.; KAGA, A.; TOMOOKA, N. Phylogeny and Biogeography of the Genus *Oryza*. In: HIRANO, H. Y.; SANO, Y.; HIRAI, A.; SASAKI, T. (Ed.). **Rice Biology in the Genomics Era**. Berlin: Springer Berlin Heidelberg: Biotechnology in Agriculture and Forestry, p.219–234, 2008.

VAUGHAN, D. A.; MORISHIMA, H.; KADOWAKI, K. Diversity in the *Oryza* genus. **Current Opinion in Plant Biology**, Londres, v.6, n.2, p.139-146, 2003.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: **Melhoramento e produção de milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987, v.1, p.137-214.

VIEIRA, J. **Caracterização morfológica e molecular do banco de germoplasma de arroz irrigado (*Oryza sativa* L.) da Epagri**. 2007. 115 p. (Tese de Doutorado). Santa Catarina: Universidade Federal de Santa Catarina, 2007.

WATANABE, Y. Phylogeny and geographical distribution of genus *Oryza*. In: MATSUO, T.; FUTSUHARA, Y.; KIKUCHI, F.; YAMAGUCHI, H. **Science of the rice plant genetics**. Tokyo: Food and Agriculture Policy Research Center, p.29-39, 1997.

WICKERT, E.; SCHIOCCHET, M. A.; NOLDIN, J. A.; RAIMONDI, J. V.; KLEVESTON, R.; ANDRADE, A.; SCHEUERMANN, K. K.; MARTINS, G. N.; MARSCHALEK, R.; HICKEL, E.; EBERHARDT, D. S.; KNOBLAUCH, R. **SCS 119 RUBI e SCS 120 ÔNIX: Novas variedades para o mercado de tipos especiais de arroz.** In: VIII Congresso Brasileiro de Arroz Irrigado - "Avaliando cenários para a produção sustentável de arroz". Santa Maria, 2013, v.1, p.133-136.

XIA, M.; LING, W. H.; MA, J.; KITTS, D. D.; ZAWISTOWSKI, J. Supplementation of diets with the black rice pigment fraction attenuates atherosclerotic plaque formation in apolipoprotein E deficient mice. **Journal of Nutrition**, Guangzhou, v.133, n.3, p.744-751, 2003.

3. Capítulo I

Ação gênica e parâmetros genéticos para atributos funcionais em arroz

3.1. Introdução

O arroz (*Oryza sativa* L.) é um dos cereais mais produzidos e consumidos em todo o mundo, sendo um dos alimentos de grande importância para a nutrição da população global. No Brasil, predomina o consumo de arroz do tipo branco polido, seguido pelo parboilizado e integral (ELIAS et al., 2012). Existe uma predisposição dos consumidores para a substituição desse padrão de consumo atual, seguindo o movimento do comportamento nacional e mundial de preocupação com a saúde (BARNI et al., 2015). Com esse aumento da demanda por novos produtos ocasionada pela mudança nos hábitos alimentares, os tipos especiais de arroz são uma alternativa para atender a esse nicho de mercado.

Esses tipos de arroz são classificados como especiais, porque apresentam características peculiares em um ou mais aspectos relacionados ao grão, como cor do pericarpo, forma, tamanho, teor de amilose e aroma (MAGALHÃES JR., et al., 2012). Produtos com essas características diferenciadas estão proporcionando novas oportunidades de mercado, ocupando gradualmente o espaço dos produtos tradicionais e têm apresentado perspectiva de crescimento (IKEDA et al., 2010).

A presença dos flavonoides, os quais fazem parte dos compostos fenólicos, nos tipos especiais de arroz pigmentados são os atributos com maior apelo do consumidor para a aquisição desses novos produtos (BARNI et al., 2015). As propriedades mais conhecidas destes grãos pigmentados são a alta concentração de compostos fenólicos e a alta capacidade antioxidante, capaz de fornecer proteção contra espécies reativas de oxigênio e radicais livres (HU et al., 2003). Essas propriedades, auxiliam na redução de desenvolvimento de doenças crônicas, como doenças cardiovasculares, diabetes e câncer (XIA et al., 2003).

No arroz, maior atividade antioxidante é apresentada nos grãos integrais e naqueles com pericarpo preto ou vermelho, devido à maior concentração de

compostos fenólicos (NAM et al., 2005). Assim, o arroz de pericarpo preto e o vermelho estão associados a uma notável atividade antioxidante *in vitro* em função da presença de compostos bioativos específicos, tais como antocianinas e proantocianidinas, ausentes nas variedades não pigmentadas (FINOCCHIARO et al., 2007; FINOCCHIARO; FERRARI, GIANINETTI, 2010).

Na busca de aumentar a utilização desses tipos especiais de arroz com pericarpo pigmentado, não apenas na forma do consumo direto do grão, atualmente tem-se realizado pesquisas com esses grãos buscando desenvolver produtos com propriedades nutricionais diferenciadas, como cereais infantis (HIRAWAN; DIEHL-JONES; BETA, 2011) e macarrão (KONG et al., 2011). No Japão, este tipo de arroz pigmentado é utilizado na elaboração de pastas coloridas, bolos, bebidas lácteas e alcoólicas, entre outros (PANTINDOL et al., 2006).

Diante dessa crescente procura e interesse dos consumidores por produtos diferenciados e de melhor qualidade nutricional, nos últimos anos os programas de melhoramento genético têm buscado o desenvolvimento de novas cultivares de arroz pigmentado, com alto potencial genético para a produção de grãos e com alta concentração de compostos bioativos nos grãos. Desse modo, proporciona-se maior competitividade e sustentabilidade a todos os integrantes da cadeia orizícola e, conseqüentemente maior disponibilidade desses grãos para o consumo.

Para alcançar essas metas, os melhoristas de plantas têm buscado estimar os parâmetros genéticos para o entendimento das bases genéticas dos caracteres agrônômicos. Com base nessas informações, pode-se melhorar a condução das populações segregantes, assim como estabelecer a estratégia mais eficiente de seleção para estes caracteres e conseqüentemente maior eficiência no ganho genético por ciclo de seleção.

O uso da análise de gerações tem proporcionado obter estimativas essenciais dos parâmetros genéticos, potencializando o entendimento das bases genéticas de caracteres de importância agrônômica. Neste sentido, o presente trabalho teve como objetivo estimar os parâmetros genéticos para o teor de compostos fenólicos totais em arroz, assim como sua correlação com antocianinas totais e com a coloração do pericarpo do arroz, proporcionando o entendimento da base genética desses caracteres.

3.2. Material e Métodos

O experimento foi conduzido na Estação Experimental Terras Baixas, pertencente a Embrapa Clima Temperado, localizada nas coordenadas geográficas, 31°48'49" de latitude Sul e 52°28'20" de longitude Oeste, no município do Capão do Leão, no estado do Rio Grande do Sul.

Os cruzamentos entre os genitores BRS Pampa de pericarpo branco com SCS 120 Ônix de pericarpo preto e seu recíproco para obter as seguintes gerações, foram realizados nos anos agrícolas de 2014/2015 para formar os F1, e em 2015/2016 para obter os F2 e os retrocruzamentos.

A condução dos cruzamentos foi executada em casa de vegetação com estrutura de vidro e orientação Norte-Sul. A emasculação foi realizada através de uma bomba de sucção à vácuo, após um corte para remover a parte superior de cada espiguetas da porção intermediária da panícula, quando essa estava no estágio reprodutivo R2 (formação do colar na folha bandeira) ou no R3 (exserção da panícula). As espiguetas do terço superior das panículas foram eliminadas, devido à alta possibilidade de haver autofecundação, assim como as do terço inferior, em razão de não estarem maduras, resultando entre 50 a 60 espiguetas no terço intermediário por panícula emasculada.

A etapa de polinização, executada logo após a emasculação, foi efetuada no período de alta temperatura e radiação solar do dia, ou seja, entre as 12:00 h e as 13:30 h. Nesse horário, as espiguetas encontravam-se com as anteras e o estigma expostos, o que proporcionava através de agitação manual das panículas do genitor masculino, a liberação dos grãos de pólen para a fecundação do óvulo do genitor feminino e posterior formação da semente híbrida (F1 e retrocruzamentos). Esses processos mencionados acima foram realizados nas safras 2014/2015 e 2015/2016.

Em casa de vegetação, nos anos 2016/2017, as sementes obtidas no processo de hibridação (F1 e retrocruzamentos), F2 e os genitores usados nos cruzamentos, foram semeados em linha em um tanque de concreto preenchido com terra em condições naturais de um Planossolo. Quando as plantas estavam no estágio vegetativo V3 (colar formado na terceira folha do colmo principal) ou V4 (colar formado na quarta folha do colmo principal) foram transplantadas manualmente no campo experimental.

O preparo do solo para o transplante, procedeu-se conforme o sistema convencional. A adubação de base foi efetuada antes do transplante das plantas, com aplicação correspondente a 300 kg ha⁻¹ de NPK (fórmula 5-20-20). Em seguida, foi colocada uma pequena lâmina de água para facilitar o processo de transplante e o desenvolvimento das plantas. A adubação nitrogenada de cobertura, foi de 90 kg ha⁻¹ na forma de ureia, sendo aplicado 50% da dose no estágio V4 e o restante no estágio R0 (iniciação da panícula). O controle de plantas daninhas no experimento foi realizado através aplicação de herbicidas recomendados para a cultura do arroz irrigado (SOSBAI, 2016).

O transplante foi efetuado sob esquema de plantas espaçadas, em fileiras de 5 m de comprimento com 0,50 m de espaçamento entre linhas e 0,25 m em média entre plantas. As linhas das plantas da geração F1 foram transplantadas intercaladas entre as linhas dos genitores, com a finalidade de verificar e eliminar possíveis ocorrências de autofecundações, assim como nos retrocruzamentos. O delineamento experimental utilizado foi o inteiramente casualizado, sendo as repetições constituídas conforme o número de plantas avaliadas em cada geração.

As sementes de cada geração (P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2) foram colhidas de forma manual e individual, em seguida foram acondicionadas em um secador de grãos para redução da umidade. Posteriormente foi realizada a trilha manual e o descascamento dos grãos de cada planta de todas as gerações para processar as avaliações de cor do pericarpo, em seguida foi efetuada a moagem dos grãos, para analisar o teor de compostos fenólicos totais e antocianinas totais no grão de arroz.

As determinações dos parâmetros quantitativos relacionados a cor do pericarpo do arroz foram realizadas através do colorímetro Konica Minolta Chroma Meter CR400. Obtendo assim, a luminosidade (L) onde os valores encontram-se em uma amplitude de 0 (preto) a 100 (branco), coordenada a*, que varia de vermelho (valores positivos) a verde (valores negativos) e a coordenada b*, que varia de amarelo (valores positivos) a azul (valores negativos). Com base nos valores das coordenadas a* e b*, foi calculado a tonalidade da cor (°Hue) através da fórmula [arco tangente (b*/a*)], e a saturação da cor (Croma) por meio da fórmula $[(a^{*2} + b^{*2})^{1/2}]$, conforme Minolta (1994).

As avaliações para determinar o teor de compostos fenólicos totais e antocianinas totais no grão de arroz foi realizada no Laboratório de Pós-Colheita,

Industrialização e Qualidade de Grãos (LabGrãos), no Departamento de Ciência e Tecnologia Agroindustrial (DCTA) da Faculdade de Agronomia "Eliseu Maciel" (FAEM) da Universidade Federal de Pelotas (UFPel).

A extração de fenólicos livres foi realizada de acordo com o método descrito por Qiu et al. (2010), com algumas modificações. A farinha (2 g) foi extraída duas vezes com solvente acetona/água (70:30 v/v). Para cada extração, a mistura foi mantida num agitador mecânico (*Certomat Biotech International*) durante 1 h a 150 rpm à temperatura ambiente. Após centrifugação (5430-R, *Eppendorf AG*) a 1430 x g durante 5 min, os sobrenadantes obtidos a partir de cada extração foram combinados e concentrados até à secura utilizando um evaporador rotativo a 35°C. Os extratos secos foram redissolvidos em 20 mL de solvente acetona/água (70:30 v/v) e utilizados como extratos brutos para a quantificação total dos teores de compostos fenólicos.

A quantificação do teor de compostos fenólicos totais foi determinada pelo método de Folin-Ciocalteu, com algumas modificações (SINGLETON; ROSSI, 1965). Resumidamente, misturou-se 100 µL dos extratos adequadamente diluídos com 400 µL de água destilada, 0,25 mL de reagente Folin-Ciocalteu 1N e depois adicionou-se 1,25 mL de carbonato de sódio a 7,5%. Depois de reagir durante 120 minutos, a absorbância da mistura foi medida a 725 nm (espectrofotômetro UV 17000, *Shimadzu*). A quantificação foi realizada utilizando uma curva de calibração feita com ácido gálico dissolvido em solvente acetona/água (70:30 v/v). Os resultados foram expressos em mg de equivalentes de ácido gálico (EAG) por 100 g de arroz em base de peso seco.

O teor total de antocianinas foi determinado de acordo com o método proposto por Abdel-Aal e Hucl (2003). Amostras de 500 mg de farinha foram colocadas em tubos Falcon™ de 15 mL. A extração foi realizada por adição de 5 mL de metanol acidificado em três lavagens (85% de metanol: 15% de HCl 1N). Após cada lavagem, foi realizada a centrifugação por 5 min a 5000 rpm. A leitura foi realizada a um comprimento de onda de 535 nm em um espectrofotômetro (Jenway 6705 UV/Visible). O teor total de antocianina foi expresso como um equivalente mg de cianidina 3-glicosido (CGE)/g.

Após a quantificação dos atributos de coloração e de composto nutricionais, foram realizadas as análises de médias e variâncias. A partir da análise das variâncias das gerações P1, P2, F1, F2, RC_{P1} e RC_{P2} foram obtidas as seguintes estimativas

para o teor de compostos fenólicos totais em arroz: variância fenotípica: $\hat{\sigma}_F^2 = \hat{\sigma}_{F2}^2$; variância de ambiente: $\hat{\sigma}_E^2 = [(\hat{\sigma}_{P1}^2 + 2\hat{\sigma}_{F1}^2 + \hat{\sigma}_{P2}^2)/4]$; variância genotípica: $\hat{\sigma}_G^2 = \hat{\sigma}_F^2 - \hat{\sigma}_E^2$; variância aditiva: $\hat{\sigma}_A^2 = 2\hat{\sigma}_{F2}^2 - (\hat{\sigma}_{RCP1}^2 + \hat{\sigma}_{RCP2}^2)$; variância de dominância: $\hat{\sigma}_D^2 = \hat{\sigma}_G^2 - \hat{\sigma}_A^2$; herdabilidade no sentido amplo: $\hat{h}_A^2 = \hat{\sigma}_G^2/\hat{\sigma}_F^2$ e herdabilidade no sentido restrito: $\hat{h}_R^2 = \hat{\sigma}_A^2/\hat{\sigma}_F^2$. As estimativas das herdabilidades no sentido amplo e restrito foram classificadas de acordo com Cargnelutti Filho; Storck (2007), conforme a Tabela 3.1.

Tabela 3.1. Classificação da herdabilidade segundo Cargnelutti Filho; Storck (2007).

Classificação	Herdabilidade (%)
Muito alta	$\geq 81,0$
Alta	$\geq 49,0$ a $< 81,0$
Moderada	$\geq 25,0$ a $< 49,0$
Baixa	$< 25,0$

Para a predição de ganhos por seleção, obtida pela análise das variâncias das gerações, foi considerada a seleção de 10% das melhores plantas da população F2. O ganho esperado, considerando-se a seleção e a recombinação dos indivíduos superiores na população F2, foi estimado pela expressão: $\Delta G = DS \times \hat{h}_R^2$; onde: DS = Diferencial de seleção, que é igual a $\bar{X}_s - \bar{X}_0$, sendo $\bar{X}_s$ = corresponde à média das plantas F2 selecionadas, $\bar{X}_0$ = corresponde à média da população original das plantas F2 e $\hat{h}_R^2$ = herdabilidade no sentido restrito.

O cálculo da estimativa do grau médio de dominância (GMD), o qual torna possível analisar a magnitude e a direção dos desvios, foi estimado por meio de:

$$GMD = k = \frac{2\overline{F1} - (\overline{P1} + \overline{P2})}{\overline{P1} - \overline{P2}}$$

onde: $\overline{P1}$ e $\overline{P2}$, são as medidas dos genitores P1 e P2 e $\overline{F1}$ é a média da geração F1.

A estimativa do número de genes (η) para o caráter foi feito utilizando a fórmula abaixo:

$$\eta = \frac{A^2(1 + 0,5k^2)}{8\hat{\sigma}_g^2}$$

sendo: A é a amplitude total na população F2, k é o grau médio de dominância e $\hat{\sigma}_g^2$ é variância genética.

Sendo a classificação do grau médio de dominância (GMD) conforme a Tabela 3.2, para determinar o tipo de interação intra-alélica (CRUZ et al., 2012).

Tabela 3.2. Classificação do tipo de interação intra-alélica sobre o caráter quanto ao grau médio da dominância (GMD).

Grau médio da dominância (GMD)	Tipo de interação intra-alélica
1 ($d = a$)	Dominância completa
0 ($d = a$)	Ausência de dominância
> 1 ($d > a$)	Sobredominância
< 1 ($d < a$)	Dominância parcial

a: efeito gênico aditivo. d: desvios de dominância.

As análises dos parâmetros genéticos das gerações foram avaliadas levando-se em conta tanto o modelo completo (m, a, d, aa, ad, dd) calculado por meio do método de mínimos quadrados ponderados, quanto ao modelo aditivo-dominante (m, a, d) como descrito por Mather; Jinks (1984) e Cruz et al. (2012). Para testar a hipótese de efeito materno, efetuou-se a comparação entre as médias pelo teste t a 5% de significância para os contrastes P1 x P2, P2 x P1, P1 x F1, P2 x F1 recíproco, F1 x F1 recíproco e F2 x F2 recíproco.

A correlação linear de Pearson, foi realizada entre o teor de compostos fenólicos totais, antocianinas totais e os parâmetros (L, a*, b*, °Hue e Croma) da cor do pericarpo em arroz. Todas as análises foram realizadas com o auxílio do aplicativo computacional em genética e estatística, GENES (CRUZ, 2013; CRUZ, 2016).

3.3. Resultados e discussões

As médias e as variâncias estimadas para o caráter teor de compostos fenólicos totais em arroz, demonstram diferenças significativas no comportamento fenotípico entre os genitores BRS Pampa e SCS 120 Ônix (Tabela 3.3). Sendo, esses genitores contrastantes em relação a esse caráter, o que contribui para uma boa precisão na execução do estudo (ROCHA et al., 2009). A maior diferença na composição química do arroz integral preto em relação ao branco integral é o alto teor de compostos fenólicos totais e a alta atividade antioxidante (SOMPONG et al., 2011).

O genitor BRS Pampa apresentou valores médios de compostos fenólicos totais de 86,29 mg EAG 100 g⁻¹ e 81,61 mg EAG 100 g⁻¹, enquanto que no genitor SCS 120 Ônix foram de 504,88 mg EAG 100 g⁻¹ e 737,88 mg EAG 100 g⁻¹, o qual expressou uma superioridade numa proporção de seis a oito vezes. Resultados semelhantes aos obtidos por Mira et al. (2008) e Chen et al. (2012). O teor de compostos fenólicos totais pode chegar a 1244,9 mg EAG 100 g⁻¹ (SHEN et al., 2009), em genótipos de arroz de pericarpo preto.

A variação nos teores de compostos fenólicos totais em diferentes amostras de arroz pode ser explicada por fatores genéticos, interação do genótipo com as variações nas condições de cultivo, estágio de maturação no momento da colheita (NIU et al., 2013), nas alterações das partes constituintes do grão e principalmente em diferentes fragmentações obtidas da moagem dos grãos (TI et al., 2015).

Tabela 3.3. Número de plantas avaliadas (N), médias (X) e variâncias ($\hat{\sigma}^2$) a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 para o teor de compostos fenólicos totais (mg EAG 100 g⁻¹) em arroz, dos cruzamentos entre BRS Pampa X SCS 120 Ônix e SCS 120 Ônix X BRS Pampa.

Geração	BRS Pampa X SCS 120 Ônix			Geração	SCS 120 Ônix X BRS Pampa		
	N	X	$\hat{\sigma}^2$		N	X	$\hat{\sigma}^2$
P1♀(BRS Pampa)	20	86,29	106,48	P1♀(SCS 120 Ônix)	20	504,88	4754,48
P2♂(SCS 120 Ônix)	20	737,88	11084,12	P2♂(BRS Pampa)	20	81,61	143,49
F1	11	178,63	568,43	F1	20	194,12	957,95
F2	144	221,00	23228,95	F2	145	284,78	28630,09
RC1 (F1♀ X P1♂)	92	145,86	13823,86	RC1 (F1♀ X P1♂)	67	418,89	50146,81
RC2 (F1♀ X P2♂)	27	298,38	18818,55	RC2 (F1♀ X P2♂)	88	122,50	4102,05

As estimativas e a significância da hipótese de nulidade de cada parâmetro genético do modelo completo para o caráter teor de compostos fenólicos totais em arroz, encontram-se na Tabela 3.4. Observa-se, que a média (m), a aditividade (a) e as interações gênicas aditiva x dominante (ad), foram os parâmetros significativos nos cruzamentos entre BRS Pampa x SCS 120 Ônix e seu recíproco.

Tabela 3.4. Teste de significância da hipótese de nulidade dos parâmetros genéticos estimados a partir do modelo completo, com base nas médias do teor de compostos fenólicos totais (mg EAG 100 g⁻¹) em arroz, obtidas a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 dos cruzamentos entre BRS Pampa X SCS 120 Ônix e SCS 120 Ônix X BRS Pampa.

Parâmetros	BRS Pampa X SCS 120 Ônix				SCS 120 Ônix X BRS Pampa			
	Estimativa	Variância	t	GL	Estimativa	Variância	t	GL
m	407,59	6109,85	5,21**	298	349,59	6400,70	4,37**	335
a	-325,79	139,88	-27,55**	38	211,63	61,22	27,05**	38
d	-517,41	42135,33	-2,52*	308	-103,77	41858,31	-0,51 ^{ns}	354
aa	4,49	5969,97	0,06 ^{ns}	260	-56,35	6339,48	-0,71 ^{ns}	297
ad	346,54	3948,50	5,51**	155	169,51	3425,19	2,90**	191
dd	288,44	16903,11	2,22*	308	-51,70	16316,85	-0,40 ^{ns}	354

m, média das linhagens homozigóticas derivadas de F2; a, medida do efeito gênico aditivo; d, medida dos desvios de dominância; aa, medida das interações gênicas aditiva x aditiva; ad, medida das interações gênicas aditiva x dominante; dd, medida das interações gênicas dominante x dominante. GL: Grau de liberdade. * e **: Significativo a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste t. ns: não significativo.

Apesar da decomposição não ser ortogonal, o coeficiente de determinação (R^2) pode ser adotado com o objetivo de percepção da importância de um particular efeito genético sobre a variabilidade disponível do caráter analisado (Tabela 3.5). Dessa forma, o efeito genético mais importante na determinação do caráter compostos fenólicos totais em arroz foi o efeito gênico aditivo (91,68% e 96,26%), seguido da média (3,29% e 2,51%) enquanto que o efeito decorrente da dominância foi o de menor importância (0,77% e 0,03%).

Esse fato proporciona uma elevada possibilidade de êxito no desenvolvimento de linhagens superiores geneticamente, por meio de seleção, fundamentalmente a partir da geração F2 que os ganhos genéticos nos ciclos de seleção serão satisfatórios, visto que o componente de natureza aditiva é de elevada magnitude e importância. Segundo Rocha et al. (2009), como os efeitos aditivos foram significativos, os ganhos preditos com a seleção para o teor de compostos fenólicos totais em arroz poderão ser alcançados, em razão da aditividade ser facilmente fixada conforme as etapas de seleção e autofecundações, sendo de grande utilidade e interesse nas técnicas convencionais de melhoramento de plantas autógamas (GRAVINA et al., 2004).

Tabela 3.5. Decomposição não ortogonal da soma de quadrados (SQ) de parâmetros (m, a, d, aa, ad, dd), pelo método de eliminação de Gauss, para o teor de compostos fenólicos totais (mg EAG 100 g⁻¹) obtidos a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 dos cruzamentos entre BRS Pampa X SCS 120 Ônix e SCS 120 Ônix X BRS Pampa.

Fonte de Variação	BRS Pampa X SCS 120 Ônix		SCS 120 Ônix X BRS Pampa	
	SQ	R ² (%)	SQ	R ² (%)
m/a, d, aa, ad, dd	27,19	3,29	19,09	2,51
a/m, d, aa, ad, dd	758,78	91,68	731,55	96,26
d/m, a, aa, ad, dd	6,35	0,77	0,26	0,04
aa/m, a, d, ad, dd	0,0034	0,0004	0,50	0,07
ad/m, a, d, aa, dd	30,41	3,67	8,39	1,10
dd/m, a, d, aa, ad	4,92	0,59	0,16	0,02
Total	827,665		759,952	

m: média das linhagens homozigóticas derivadas de F2; a: medida do efeito gênico aditivo; d: medida dos desvios da dominância; aa: medida das interações aditiva x aditiva; ad: medida das interações aditiva x dominante; dd: medida das interações dominante x dominante.

As magnitudes dos componentes genéticos que controlam o caráter, podem ser avaliadas através do modelo reduzido aditivo-dominante que, além de mais simples, tem sido rotineiramente utilizado no melhoramento, para prover as informações indispensáveis na avaliação da eficiência de métodos empregados e do êxito dos mesmos (CRUZ et al., 2012).

Para o caráter em análise, compostos fenólicos totais em arroz, tanto no cruzamento de BRS Pampa X SCS 120 Ônix quanto no seu recíproco, considerando o modelo reduzido aditivo-dominante, a média foi o parâmetro em que se obteve a maior estimativa. Já o efeito gênico decorrente da dominância, a maior variância, e todos os parâmetros estimados diferiram significativamente de zero, a 1% de probabilidade, pelo teste t (Tabela 3.6).

Tabela 3.6. Teste de significância da hipótese de nulidade dos parâmetros genéticos estimados a partir do modelo aditivo-dominante, com base nas médias do teor de compostos fenólicos totais (mg EAG 100 g⁻¹) obtidas a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 dos cruzamentos entre BRS Pampa X SCS 120 Ônix e SCS 120 Ônix X BRS Pampa.

Parâmetros	BRS Pampa X SCS 120 Ônix				SCS 120 Ônix X BRS Pampa			
	Estimativa	Variância	t	GL	Estimativa	Variância	t	GL
m	368,94	101,27	36,66**	308	303,11	53,49	41,44**	354
a	-282,73	101,84	-28,02**	308	222,28	53,65	30,35**	354
d	-199,15	166,23	-15,45**	308	-110,06	98,64	-11,08**	354

m: média das linhagens homozigóticas derivadas de F2; a: medida do efeito gênico aditivo; d: medida dos desvios da dominância. **:Significativo a 1% de probabilidade pelo teste t.

Para avaliar a adequação do modelo aditivo-dominante, correlacionaram-se os valores entre as médias observadas e estimadas (Tabela 3.7). Observa-se que o modelo aditivo-dominante possibilita a obtenção de médias estimadas que se correlacionam com as médias observadas em magnitude de 0,9607 no cruzamento BRS Pampa X SCS120 Ônix e de 0,9826 no SCS 120 Ônix X BRS Pampa, o que equivale a uma determinação de 92,30% e 96,55%, respectivamente. O coeficiente de correlação elevado e próximo da unidade indica uma alta precisão do modelo para o caráter teor de compostos fenólicos totais (ROCHA et al., 2009).

Tabela 3.7. Médias observadas (Y) e estimadas ($\hat{Y}$) para os teores de compostos fenólicos totais (mg EAG 100 g⁻¹) obtidas a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 dos cruzamentos entre BRS Pampa X SCS 120 Ônix e SCS 120 Ônix X BRS Pampa.

Geração	BRS Pampa X SCS 120 Ônix		Geração	SCS 120 Ônix X BRS Pampa	
	Y	$\hat{Y}$		Y	$\hat{Y}$
P ₁ ♀ (BRS Pampa)	86,29	86,21	P ₁ ♀ (SCS 120 Ônix)	504,88	525,40
P ₂ ♂ (SCS 120 Ônix)	737,88	651,67	P ₂ ♂ (BRS Pampa)	81,61	80,83
F ₁	178,63	169,79	F ₁	194,12	193,06
F ₂	221,00	269,36	F ₂	284,78	248,08
RC ₁ (F ₁ X P ₁)	145,86	127,98	RC ₁ (F ₁ X P ₁)	418,89	359,23
RC ₂ (F ₁ X P ₂)	298,38	410,73	RC ₂ (F ₁ X P ₂)	122,50	136,94
r (Y, $\hat{Y}$)	0,9607			0,9826	
R ² (%)	92,30			96,55	

RC₁ (F₁♀ X P₁♂), RC₂ (F₁♀ X P₂♂).

Nesse estudo, pode-se constatar que o uso do modelo genético aditivo-dominante foi satisfatório para explicar o comportamento da média das gerações, em

relação ao caráter de teor de compostos fenólicos totais em arroz. Verificou-se que a variabilidade aditiva, presente em F2, é relativamente superior à atribuída aos desvios da dominância para caráter avaliado. Sendo possível explicar 33,15% e 33,35% da variação total na geração F2, nos cruzamentos BRS Pampa X SCS 120 Ônix e SCS 120 Ônix X BRS Pampa, respectivamente (Tabela 3.8), possibilitando ao melhorista obter plantas homozigóticas superiores geneticamente a partir da seleção na população F2 (MOREIRA et al., 2013).

Tabela 3.8. Decomposição não ortogonal da soma de quadrados de parâmetros (m, a, d) pelo método de eliminação de Gauss, com base nas médias do teor de compostos fenólicos totais (mg EAG 100 g⁻¹) a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 dos cruzamentos entre BRS Pampa X SCS 120 Ônix e SCS 120 Ônix X BRS Pampa.

Fonte de Variação	BRS Pampa X SCS 120 Ônix		SCS 120 Ônix X BRS Pampa	
	SQ	R ² (%)	SQ	R ² (%)
m/a, d	1344,049	56,77	1717,639	62,20
a/m, d	784,939	33,15	921,006	33,35
d/m, a	238,593	10,08	122,801	4,45
Total	2367,581		2761,45	

m: média das linhagens homozigóticas derivadas de F2; a: medida do efeito gênico aditivo; d: medida dos desvios da dominância.

O teor de compostos fenólicos totais, observado na média original nas populações F2 foi de 221,0 e de 284,78 mg EAG 100 g⁻¹, nos cruzamentos de BRS Pampa X SCS 120 Ônix e de SCS 120 Ônix X BRS Pampa, respectivamente (Tabela 3.9). Utilizando para a predição do ganho genético, uma intensidade de seleção de 10% das plantas F2 com maior concentração de compostos fenólicos totais, o que corresponde a seleção das 14 melhores plantas nos dois cruzamentos, haverá um potencial de aumento na concentração nesse caráter de 331,26 e 374,29 mg EAG 100 g⁻¹, o que representa um acréscimo de 89,14% e 13,82%, nos cruzamentos de BRS Pampa X SCS 120 Ônix e SCS 120 Ônix X BRS Pampa, respectivamente.

Desse modo, espera-se que o teor médio de compostos fenólicos totais para o primeiro ciclo após a seleção seja de 418,00 e 324,15 mg EAG 100 g⁻¹ nos recombinantes obtidos nos cruzamentos entre BRS Pampa X SCS 120 Ônix e SCS 120 Ônix X BRS Pampa, o que representa um ganho por seleção de 197,00 e 39,37 mg EAG 100 g⁻¹, respectivamente (Tabela 3.9).

Tabela 3.9. Predição de ganhos genéticos com a seleção de 10% dos melhores indivíduos (Plantas) para o caráter teor de compostos fenólicos totais (mg EAG 100 g⁻¹) em arroz, dos cruzamentos BRS Pampa X SCS 120 Ônix e SCS 120 Ônix X BRS Pampa.

Parâmetros	Compostos Fenólicos Totais	
	BRS Pampa X SCS 120 Ônix	SCS 120 Ônix X BRS Pampa
Número de indivíduos selecionados	14	14
Média original da F2	221,00	284,78
Média dos indivíduos selecionados	552,26	659,07
Diferencial de seleção (DS)	331,26	374,29
Ganho por seleção (ΔG)	197,00	39,37
Ganho por seleção ($\Delta G\%$)	89,14	13,82
Média predita para 1º ciclo após seleção	418,00	324,15

As predições dos ganhos por seleção variam em função da população estudada e das condições do ambiente as quais as plantas são submetidas durante o cultivo (BURATTO; CIRINO, 2017), além da forma de combinação entre os genitores para hibridação. Desta forma, a partir da predição do ganho genético estimado no presente trabalho, a combinação na hibridação entre os genitores mais promissora para a seleção em populações segregantes e consequentemente o desenvolvimento de linhagens com elevado potencial genético para o teor de compostos fenólicos totais é BRS Pampa X SCS 120 Ônix.

Conforme a Tabela 3.10, verifica-se que a maior parte da variância fenotípica estimada nos cruzamentos entre BRS Pampa X SCS 120 Ônix e SCS 120 Ônix X BRS Pampa, é devido a causa de magnitude genética, evidenciando assim, a existência de variabilidade genética para o caráter teor de compostos fenólicos totais em arroz. Sendo que, no cruzamento entre BRS Pampa X SCS 120 Ônix, a maior parte da variância genotípica é atribuída ao predomínio da variância genética aditiva. No entanto, no cruzamento entre SCS 120 Ônix X BRS Pampa, a variância genética de dominância é superior a aditiva.

Tabela 3.10. Estimativas das variâncias fenotípica, genotípica, aditiva, de dominância e de ambiente, das herdabilidades no sentido amplo e restrito, do grau médio de dominância e do número de genes que controlam o caráter teor de compostos fenólicos totais, obtida a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 dos cruzamentos entre BRS Pampa X SCS 120 Ônix e SCS 120 Ônix X BRS Pampa.

Parâmetros	BRS Pampa X SCS 120 Ônix	SCS 120 Ônix X BRS Pampa
Variância fenotípica	23228,95	28630,09
Variância genotípica	20147,09	26926,62
Variância de ambiente	3081,86	1703,47
Variância aditiva	13815,50	3011,32
Variância de dominância	6331,59	23915,30
Herdabilidade no sentido amplo (%)	86,73	94,05
Herdabilidade no sentido restrito (%)	59,47	10,52
Grau médio de dominância	0,72	-0,47
Número de genes que controlam o caráter	6	23

As estimativas de herdabilidade no sentido amplo foram de magnitude muito alta, de 86,73% e 94,05%, nos cruzamentos entre BRS Pampa X SCS 120 Ônix e SCS 120 Ônix X BRS Pampa, respectivamente. Para a herdabilidade no sentido restrito, que expressa a porção da variância fenotípica atribuída à aditividade, sendo de grande utilidade para o melhoramento de plantas autógamas pois é fixada pela seleção de plantas (RAMALHO et al., 2012), apresentou estimativas de magnitude alta (59,47%) e baixa (10,52%), nos cruzamentos entre BRS Pampa X SCS 120 Ônix e SCS 120 Ônix X BRS Pampa, respectivamente.

Desse modo, pode-se antever o êxito no processo de melhoramento, ou seja, as populações segregantes oriundas da hibridação de BRS Pampa x SCS 120 Ônix serão altamente promissoras para o desenvolvimento de linhagens com elevado teor de compostos fenólicos totais. Em razão de, apresentarem estimativas de herdabilidade no sentido restrito e predição do ganho por seleções maiores.

A partir das estimativas do grau médio de dominância de 0,72 e -0,47, com base nas médias, foi constatada a dominância parcial negativa para o controle genético do caráter teor de compostos fenólicos totais em arroz. O sinal negativo encontrado indica que a dominância parcial ocorre em direção à manifestação fenotípica de menor grandeza do caráter, ou seja, no sentido de ocorrência de menor teor de compostos fenólicos totais, consequentemente na direção do genótipo BRS Pampa.

A estimativa do número de genes que governam o caráter teor de compostos fenólicos totais em arroz variou de seis a vinte e três. Estes valores não podem ser tomados de forma absoluta, pois Cruz et al. (2012) sugerem cautela em interpretar o número de genes que controlam o caráter em estudo com base no estimador utilizado devido às pressuposições em que se baseia. Porém, estes mesmos autores citam a importância das estimativas dos números de genes como indicativo da natureza poligênica ou monogênica no controle do caráter. Nesse caso, houve indicativo de herança poligênica ou quantitativa, para o caráter teor de compostos fenólicos totais.

Os contrastes entre os cruzamentos de BRS Pampa X SCS 120 Ônix e de SCS 120 Ônix X BRS Pampa foram significativos, demonstrando diferenças entre as médias dos genitores, assim como, no BRS Pampa X F1 e SCS 120 Ônix X F1 recíproco, entretanto, os contrastes de F1 X F1 recíproco e F2 X F2 recíproco não foram significativos (Tabela 3.11). O contraste entre as gerações F1 e F1 recíproco é utilizado para verificar a possibilidade de ocorrência de efeito materno e a sua não significância demonstra a inexistência de efeito materno, indicando que o fenótipo da geração F1 não é dependente do genitor feminino utilizado (RAMALHO et al., 2012).

Tabela 3.11. Teste de significância entre as médias dos contrastes P1 x P2, P2 x P1, P1 x F1, P2 x F1 recíproco, F1 x F1 recíproco e F2 x F2 recíproco, para o caráter teor de compostos fenólicos totais dos cruzamentos entre BRS Pampa X SCS 120 Ônix e SCS 120 Ônix X BRS Pampa.

Contrastes	Diferenças entre as médias	Probabilidade
BRS Pampa (P1) X SCS 120 Ônix (P2)	651,59	0,01**
SCS 120 Ônix (P2) X BRS Pampa (P1)	423,27	0,01**
BRS Pampa (P1♀) X F1	92,34	0,01**
SCS 120 Ônix (P2♀) X F1 recíproco	310,76	0,01**
F1 X F1 recíproco	15,49	0,161 ^{ns}
F2 X F2 recíproco	63,78	0,102 ^{ns}

** : Significativo a 1% de probabilidade pelo teste t. ns: não significativo.

Segundo Bordallo et al. (2005), se a herança de um determinado caráter é controlada por genes nucleares, os resultados de um cruzamento e seu recíproco serão similares. Se houver efeitos citoplasmáticos, os resultados dos cruzamentos recíprocos serão diferentes, em que o fenótipo dos descendentes será influenciado pelo genitor feminino que contribuiu com o citoplasma (BALDISSERA et al., 2012).

Diante do exposto, supõe-se a ausência de efeito materno para o caráter teor de compostos fenólicos totais em arroz.

A distribuição de frequência das plantas das seis gerações P1, P2, F1, F2, RC_{P1} e RC_{P2} para o teor de compostos fenólicos totais, nos cruzamentos entre BRS Pampa x SCS 120 Ônix e de SCS 120 Ônix x BRS Pampa encontram-se na Figura 1 e na Figura 2, respectivamente. Observa-se uma tendência da maioria dos indivíduos das gerações F1 e F2 apresentarem o teor de compostos fenólicos totais mais semelhantes ao genitor BRS Pampa, em razão da ocorrência de dominância parcial negativa, assim como, verificado nos retrocruzamentos com esse genitor.

Nos retrocruzamentos com o genitor SCS 120 Ônix, verifica-se uma predisposição da maior parte dos indivíduos em expressarem médias mais elevadas para o teor de compostos fenólicos totais em comparação aos indivíduos das gerações F1 e F2 (Figura 3.1, Figura 3.2 e Tabela 3.3). Esse fato, pode ser explicado devido a transferência de alelos e/ou genes do genitor SCS 120 Ônix, que codificam para o teor de compostos fenólicos totais, consequentemente aumentando sua frequência.

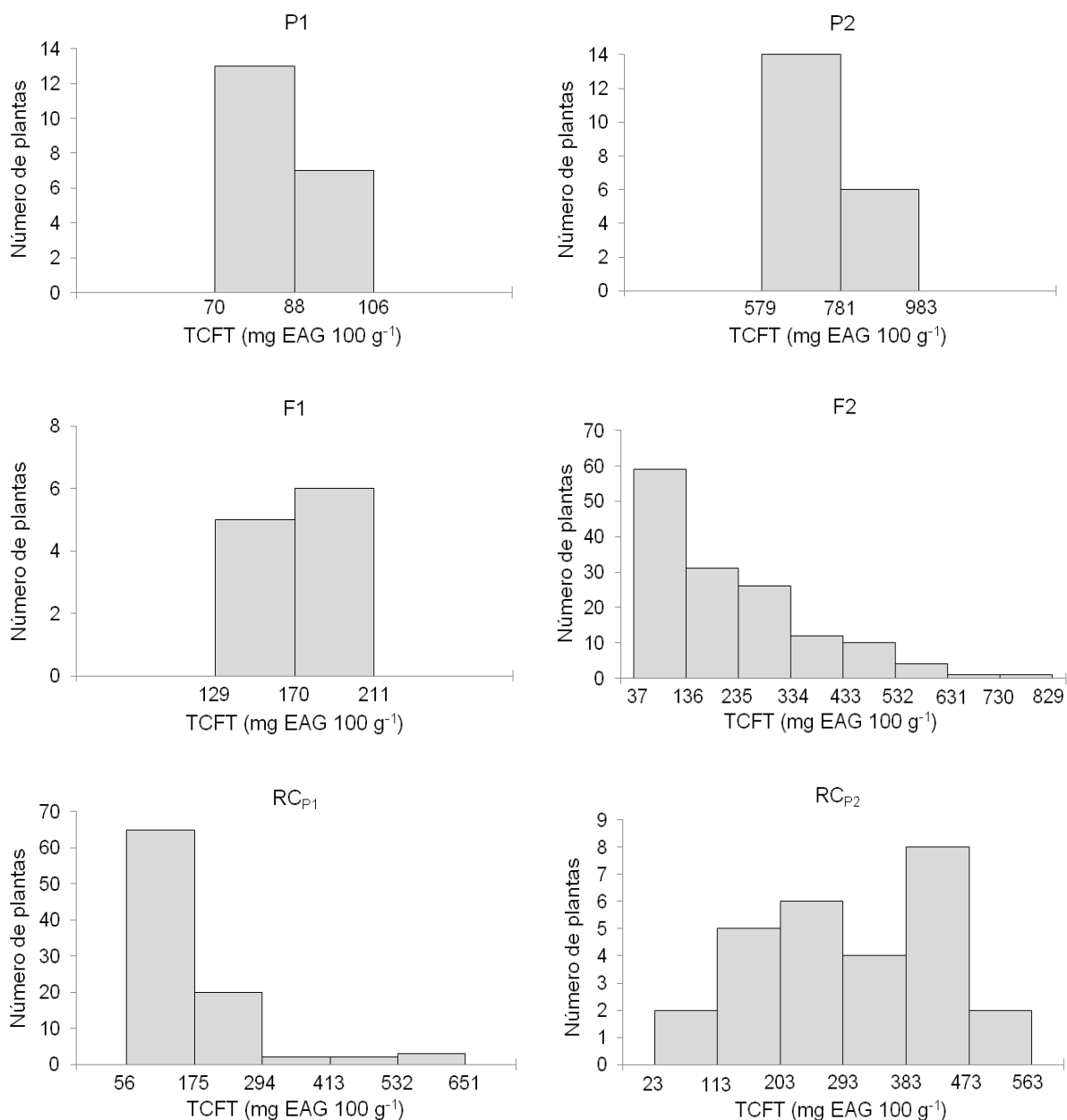


Figura 3.1. Distribuição de frequência do teor de compostos fenólicos totais em arroz, a partir de P1♀ (BRS Pampa), P2♂ (SCS 120 Ônix), F1, RC_{P1} e RC_{P2}, no cruzamento entre BRS Pampa x SCS 120 Ônix.

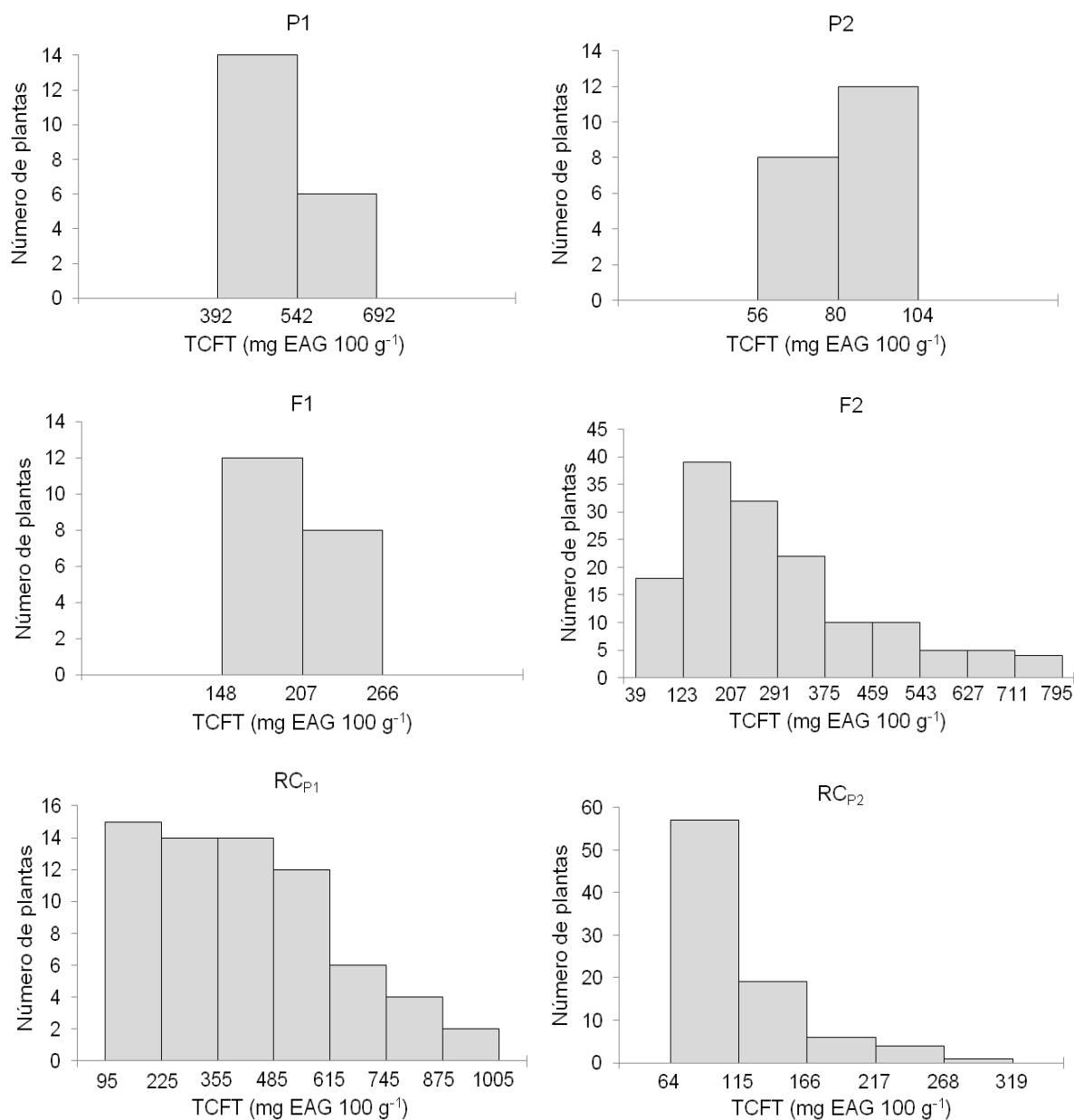


Figura 3.2. Distribuição de frequência do teor de compostos fenólicos totais em arroz, a partir de P1_♀ (SCS 120 Ônix), P2_♂ (BRS Pampa), F1, RC_{P1} e RC_{P2}, no cruzamento entre SCS 120 Ônix x BRS Pampa.

As correlações apresentadas na Tabela 3.12 para os caracteres analisados, em sua maioria foram significativas a 1% de probabilidade. A correlação entre o teor de compostos fenólicos totais (TCFT) e antocianinas totais (AT) foi significativa, positiva e de magnitude muito alta, com um coeficiente de 0,94. Resultado similar aos relatados por Zhang et al. (2015) e por Chen et al. (2017), os quais obtiveram correlações significativas positivas de 0,95 e 0,91, respectivamente.

No entanto, ao correlacionar o TCFT e AT com os caracteres constituintes da cor, tais como: L, b*, °Hue e Croma as correlações foram significativas, negativas e de magnitude moderada para os componentes L e °Hue, e de magnitude alta para b* e Croma. Resultados semelhantes aos obtidos por Shen et al. (2009), Yodmanee et al. (2011), Chen et al. (2017) e Shao et al. (2017).

Tabela 3.12. Estimativas dos coeficientes de correlação linear de Pearson entre os caracteres antocianinas totais (AT), teor de compostos fenólicos totais (TCFT), luminosidade da cor (L), coordenada a* da cor (a*), coordenada b* da cor (b*), tonalidade da cor (°Hue) e saturação da cor (Croma) em arroz.

Caracteres	AT	TCFT	L	a*	b*	°Hue	Croma
AT	1	0,94**	-0,59**	-0,17 ^{ns}	-0,71**	-0,64**	-0,74**
TCFT		1	-0,62**	-0,13 ^{ns}	-0,74**	-0,66**	-0,77**
L			1	-0,52**	0,94**	0,93**	0,93**
a*				1	-0,32*	-0,47**	-0,25 ^{ns}
b*					1	0,95**	0,99**
°Hue						1	0,93**
Croma							1

**e*: Correlação significativo a 1% e 5% de probabilidade pelo teste t. ns: correlação não significativa.

Os resultados obtidos entre as correlações analisadas, possibilitará a seleção indireta nas gerações segregantes para os caracteres teor de compostos fenólicos totais e antocianinas totais em arroz, fundamentada nos parâmetros relacionados a cor do pericarpo. Sendo a seleção executada através das variáveis Croma ou b* da cor, pois apresentam correlações significativas de alta magnitude com os atributos nutricionais.

Dessa forma, o processo de identificação e seleção dos indivíduos ou populações segregantes promissoras será rápido e fácil nos programas de melhoramento genético que tem por objetivo desenvolver cultivares de arroz com

elevados teores de compostos fenólicos totais e antocianinas totais, pois não haverá a necessidade de realizar nessas gerações análises demoradas e dispendiosas de laboratórios.

A partir dos resultados mencionados acima, provavelmente o caráter teor de antocianinas totais também apresente as mesmas particularidades genéticas obtidas para o teor de compostos fenólicos totais em arroz. Assim, o caráter teor de antocianinas totais em arroz apresenta, dominância parcial negativa, possui herança genética quantitativa, não tem efeito materno e o efeito gênico aditivo é o mais importante na determinação do caráter.

3.4. Conclusões

O efeito gênico mais importante na determinação do caráter teor de compostos fenólicos totais em arroz é o efeito gênico aditivo.

A seleção de plantas na população F2 proveniente do cruzamento entre BRS Pampa x SCS 120 Ônix é mais promissora para obtenção de cultivares de arroz com elevado teor de compostos totais, devido à alta herdabilidade no sentido restrito e a mesma tendência os efeitos gênicos aditivos serem predominantes na expressão do caráter.

As estimativas dos componentes e parâmetros genéticos indicam que há variabilidade genética significativa para o teor de compostos fenólicos totais, proporcionando ganhos genéticos em ciclos adicionais de seleção com base no fenótipo para o processo de melhoramento.

O teor de compostos fenólicos totais em arroz comporta-se como um caráter de herança quantitativa, com ocorrência de ação gênica de dominância parcial no sentido do genótipo BRS Pampa de pericarpo branco.

Não ocorre efeito materno na expressão do caráter teor de compostos fenólicos totais em arroz.

Os parâmetros Croma e coordenada b* da cor do pericarpo em arroz podem serem usados como critérios de seleção indireta para o teor de compostos fenólicos totais e também para antocianinas totais.

3.5. Referências

- ABDEL-AAL, E. S. M.; HUCL, P. Composition and stability of anthocyanins in blue-grained wheat. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**. v.51, p.2174–2180, 2003.
- BALDISSERA, J. N. C.; VALENTINI, G.; COAN, M. M. D.; GUIDOLIN, A. F.; COIMBRA, J. L. M. Herança da capacidade de regeneração *in vitro* do feijão. **Revista de Ciências Agrárias**, v.55, n.4, p.306-310, 2012.
- BARNI, E. J.; SILVA, M. C. WICKERT, E.; NOLDIN, J. A. Oportunidades de mercado para tipos especiais de arroz em Santa Catarina. **Agropecuária Catarinense**., Florianópolis, v.28, n.2, p.71-77, 2015.
- BORDALLO, P. N.; PEREIRA, M. G.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; GABRIEL, A. P. C. Análise dialética de genótipos de milho doce e comum para caracteres agronômicos e proteína total. **Horticultura Brasileira**, v.23, p.123-127, 2005.
- BURATTO, J. S.; CIRINO, V. M. Estimativas de parâmetros genéticos para ferro, zinco, magnésio e fósforo em grãos de feijão. **Comunicata Scientiae**, v.8, n.1, p.24-31, 2017.
- CARGNELUTTI FILHO, A.; STORCK, L. Estatísticas de avaliação da precisão experimental em ensaios de cultivares de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.42, p.17-24, 2007.
- CHEN, M. H., MCCLUNG, A. M., BERGMAN, C. J. Phenolic content, anthocyanins and antiradical capacity of diverse purple bran rice genotypes as compared to other bran colors. **Journal of Cereal Science**, v.77, p.110-119, 2017.
- CHEN, X. Q.; NAGAO, N.; ITANI, T.; IRIFUNE, K. Anti-oxidative analysis, and identification and quantification of anthocyanin pigments in different coloured rice. **Food Chemistry**, v.135, p.2783-2788, 2012.
- CRUZ, C. D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. v.35, n.3, p.271-276, 2013
- CRUZ, C. D. Genes Software – extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum**. v.38, n.4, p.547-552, 2016.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. **Métodos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4.ed. - Viçosa, MG: Ed. UFV, 514p., 2012.

ELIAS, M. C.; OLIVEIRA, M. de; VANIER, N. L.; PARAGINSKI, R. T., SCHIAVON, R. de A. Industrialização de arroz por processo convencional e por parboilização, In: ELIAS, M. C. et al. (Eds). **Qualidade de arroz, da pós-colheita ao consumo**. Pelotas: Editora Universitária da UFPel, 2012. 626p. Cap. 4, p. 43-56.

FINOCCHIARO, F.; FERRARI, B.; GIANINETTI, A. A study of biodiversity of flavonoid conten in the rice caryopsis evidencing simultaneous accumulation of anthocyanins and proanthocyanidins in a black-grained genotype. **Journal of Cereal Science.**, v.51, p.28-34, 2010.

FINOCCHIARO, F.; FERRARI, B.; GIANINETTI, A.; DALLÁSTA, C.; GALAVERNA, G.; SCAZZINA, F.; PELLEGRINI, N. Characterization of antioxidant compounds of red and white rice and changes in total antioxidant capacity during processing. **Molecular Nutrition Food Research.** v.51, p.1006-1019, 2007.

GRAVINA, G. de A.; MARTINS FILHO, S.; SEDIYAMA, C. S.; CRUZ, C. D. Parâmetros genéticos da resistência da soja a *Cercospora sojina*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.39, p.653-659, 2004.

HIRAWAN, R.; DIEHL-JONES, W.; BETA, T. Comparative evaluation of the antioxidant potential of infant cereals produced from purple wheat and red rice grains and LC-MS analysis of their anthocyanins. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v.59, p.12330–12341, 2011.

HU, C.; ZAWISTOWSKI, J.; LING, W.; KITTS, D. D. Black rice (*Oryza sativa* L. *indica*) pigmented fraction suppresses both reactive oxygen species and nitric oxide in chemical and biological model systems. **Journal Agricultural and Food Chemistry**, v.51, p.5271-5277, 2003.

IKEDA, A. A.; MORAES, A.; MESQUISTA, G. Considerações sobre tendências e oportunidade dos alimentos funcionais. **Revista P&D Engenharia de Produção**, v.8, n.2, p.40-56, 2010.

KONG, S.; KIM, D.; OH, S.; CHOI, I.; JEONG, H.; LEE, J. Black rice bran as an ingredient in noodles: chemical and functional evaluation. **Journal of Food Science**, v.77, p.303-307, 2011.

MAGALHÃES Jr., A. M. de; FRANCO, D. F.; FAGUNDES, P. R. R.; MORAIS, O. P.; PEREIRA, J. A.; CORDEIRO, A. C. C.; WICKERT, E.; MOURA NETO, F. P.; SEVERO, A. C. M. **Indicação de Tipos Especiais de Arroz para Diversificação de Cultivo**.

Circular Técnica 133. Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento. Pelotas, 2012.

MATHER, K.; JINKS, J. L. **Introdução à genética biométrica**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 242p. 1984.

MINOLTA. Precise Color Communication: **Color Control from Feeling to Instrumentation**. Osaka: MINOLTA Co. Ltda., 49p., 1994.

MIRA, N. V. M.; BARROS, R. M. C.; SCHIOCCCHET, M. A.; NOLDIN, J. A.; LANFER-MARQUEZ, U. M. Extração, análise e distribuição dos ácidos fenólicos em genótipos pigmentados e não pigmentados de arroz (*Oryza sativa*L.). **Ciência e Tecnologia de Alimentos**, Campinas, v.28, n.4, p.994-1002, 2008.

MOREIRA, G. R.; SILVA, D. J. H.; CARNEIRO, P. C. S.; PICANÇO, M. C.; VASCONCELOS, A. A.; PINTO, C. M. F. Herança de caracteres de resistência por antixenose de *Solanum pennellii* à traça-do-tomateiro em cruzamento com 'Santa Clara'. **Horticultura Brasileira** v.31, p.574-581, 2013.

NAM, S. H.; CHOI, S. P.; KANG, M. Y.; KOZUKUE, N.; FRIEDMAN, M. Antioxidative, antimutagenic, and anticarcinogenic activities of rice bran extracts in chemical and cell assays. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v.53, p.816-822, 2005.

NIU, Y.; GAO, B.; SLAVIN, M.; ZHANG, X.; YANG, F.; BAO, J.; SHI, H.; XIE, Z.; YU, L. Phytochemical compositions, and antioxidant and anti-inflammatory properties of twenty-two red rice samples grown in Zhejiang. **LWT - Food Science and Technology**, v.54, p.521-527, 2013.

PANTINDOL, J.; FLOWERS, A.; KUO, M.; WANG, I.; GEALY, D. Comparison of physicochemical properties and starch structure of red rice and cultivated rice. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**. v.54, p.2712- 2718, 2006.

QIU, Y.; LIU, Q.; BETA, T. Antioxidant properties of commercial wild rice and analysis of soluble and insoluble phenolic acids. **Food Chemistry**, v.121, n.1, p.140–147, 2010.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. A. B. P.; SOUZA, E. A.; GONÇALVES, F. M. A.; SOUZA, J. C. **Genética na Agropecuária**. 5.ed. - Lavras, MG: Ed. UFLA, 566p., 2012.

ROCHA, M. M.; CARVALHO, K. J. M.; FREIRE FILHO, F. R.; LOPES, A. C. A.; GOMES, R. L. F.; SOUSA, I. S. Controle genético do comprimento do pedúnculo em feijão-caupi. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.44, n.3, p.270-275, 2009.

SHAO, Y., HU, Z., YU, Y., MOU, R., ZHU, Z., BETA, T. Phenolic acids, anthocyanins, proanthocyanidins, antioxidant activity, minerals and their correlations in non-pigmented, red, and black rice, **Food Chemistry**, 2017. (No prelo)

SHEN, Y.; JIN, L.; XIAO, P.; LU, Y.; BAO, J. S. Total phenolics, flavonoids, antioxidant capacity in rice grain and their relations to grain color, size and weight. **Journal of Cereal Science**, v. 49, p.106–111, 2009.

SINGLETON, V. L., ROSSI, J. A. Jr. Colorimetry of total phenolics with phosphomolybdic-phosphotungstic acid reagents. **American Journal of Enology and Viticulture**, v.16, p.144–158, 1965.

SOMPONG, R.; SIEBENHANDL-EHN S.; LINSBERGER-MARTIN G.; BERGHOFER E. Physicochemical and antioxidative properties of red and black rice varieties from Thailand, China and Sri Lanka. **Food chemistry**, v.124, p.132-140, 2011.

SOSBAI - SOCIEDADE SUL-BRASILEIRA DE ARROZ IRRIGADO. **Arroz irrigado: recomendações técnicas da pesquisa para o Sul do Brasil**. Pelotas - RS: SOSBAI, 200p., 2016.

TI, H.; ZHANG, R.; ZHANG, M.; WEI, Z.; CHI, J.; DENG, Y.; ZHANG, Y. Effect of extrusion on phytochemical profiles in milled fractions of black rice. **Food Chemistry**, v.178, p.186–194, 2015.

XIA, M.; LING, W. H.; MA, J.; KITTS, D. D.; ZAWISTOWSKI, J. Supplementation of diets with the black rice pigment fraction attenuates atherosclerotic plaque formation in apolipoprotein E deficient mice. **Journal of Nutrition**, Guangzhou, v.133, n.3, p.744-751, 2003.

YODMANEE, S.; KARRILA, T. T.; PAKDEECHANUAN, P. Physical, chemical and antioxidant properties of pigmented rice grown in Southern Thailand. **International Food Research Journal**. v.18, n.3, p.901-906, 2011.

ZHANG, H.; SHAO, Y.; BAO, J.; BETA, T. Phenolic compounds and antioxidant properties of breeding lines between the white and black rice. **Food Chemistry**. v.172, p.630–639, 2015.

4. Capítulo II

Controle genético da coloração do pericarpo em arroz

4.1. Introdução

O arroz possui uma grande importância na nutrição humana, fornecendo 20% das calorias e 15% das proteínas consumidas pela população mundial (SAJID et al., 2015), também é uma boa fonte de vários minerais essenciais e vitaminas (PATHAK et al., 2017), sendo o principal alimento para dois terços da população global (KONATÉ et al., 2016).

Esse cereal, é cultivado em uma ampla diversidade de ecossistemas em condições climáticas tropicais e temperadas (DIXIT et al., 2014), onde a maioria das cultivares semeadas e consumidas mundialmente tem o pericarpo branco (ZHANG et al., 2015), mas também há cultivares com o grão pigmentado.

Em algumas regiões da Ásia as cultivares tradicionais de arroz com pericarpo colorido são particularmente valorizadas nos mercados locais (FINOCCHIARO et al., 2007). Esse fato, é similarmente observado em outros locais ao redor do mundo, onde os consumidores estão priorizando alimentos com maior qualidade e valor nutricional.

As características relacionadas a qualidade do grão abrangem a aparência física, as propriedades culinárias e alimentares e, mais recentemente, o valor nutricional (FITZGERALD et al., 2009). Quanto a aparência física dos grãos, destaca-se a coloração, o tamanho, o formato e a quantidade de grãos inteiros, para as propriedades culinárias e alimentares, o teor de amilose, a temperatura de geletinização e o aroma, e para o valor nutricional evidencia-se a importância dos compostos bioativos como os compostos fenólicos e a capacidade antioxidante.

Atualmente, os tipos especiais de arroz com pericarpo pigmentado são categorizados como um alimento funcional, uma vez que contém grandes quantidades de compostos fenólicos (YAWADIO et al., 2007). Os teores de compostos fenólicos

totais no arroz variam muito em função da pigmentação do pericarpo e também entre genótipos com a mesma cor.

A cor vermelha do grão é devido à deposição e polimerização oxidativa de proantocianidinas, enquanto que a cor do grão preto é causada pela deposição de antocianinas (GOUFO; TRINDADE, 2014). A literatura menciona teores de 240 a 1056 mg equivalentes de ácido gálico/100g no arroz preto e variações de 79 a 700 mg equivalentes de ácido gálico/100g no arroz vermelho (SHEN et al., 2009; MIN et al., 2010; SOMPONG et al., 2011; CHEN et al., 2012). Além disso, os genótipos de arroz pigmentados apresentam maior capacidade antioxidante do que os genótipos de pericarpo branco (ZHANG et al., 2010), desempenhando importante papel para a manutenção da saúde humana (CERQUEIRA et al., 2007).

Desse modo, o arroz com pericarpo pigmentado caracteriza-se pelo alto valor nutricional em relação ao de pericarpo branco, onde constata-se que essas propriedades funcionais estão diretamente relacionadas a coloração do grão. Assim, para facilitar a seleção de plantas com elevado potencial genético desses caracteres nutricionais, a compreensão das bases genéticas dos parâmetros relacionados a coloração do pericarpo em arroz, facilita e aumenta a eficácia no trabalho do melhorista em obter esses resultados.

Nessa circunstância, a utilização de análises em gerações segregantes tem possibilitado estimar os parâmetros genéticos, permitindo a elucidação da natureza e da magnitude das ações genéticas envolvidas no caráter. Neste sentido, esse trabalho teve como objetivo determinar os parâmetros genéticos e o modo de ação gênica predominante para os caracteres da cor (luminosidade, coordenada a^* , coordenada b^* , tonalidade e saturação) do pericarpo em arroz.

4.2. Material e Métodos

Para analisar os parâmetros preponderantes no controle genético associados aos caracteres da cor do pericarpo em arroz, efetuou-se análises desses, a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 (F1 x P1) e RC2 (F1 x P2) nos cruzamentos entre BRS Pampa x SCS 120 Ônix e SCS 120 Ônix x BRS Pampa. Sendo BRS Pampa de pericarpo branco e SCS 120 Ônix de pericarpo preto.

A execução desses cruzamentos e a condução dessas gerações em um mesmo ambiente de cultivo foram realizadas nos anos agrícola de 2014/2015 ao 2016/2017 na Estação Experimental Terras Baixas, pertencente a Embrapa Clima Temperado, localizada nas coordenadas geográficas, 31°48'49" de latitude Sul e 52°28'20" de longitude Oeste, no município do Capão do Leão, no estado do Rio Grande do Sul. Esses procedimentos foram conduzidos conforme a descrição do material e métodos do experimento I, assim como, realizado na colheita e na pós-colheita dessas gerações. O delineamento experimental utilizado foi o inteiramente casualizado, sendo as repetições constituídas conforme o número de plantas avaliadas em cada geração.

A determinação dos parâmetros quantitativos relacionados a cor do pericarpo do arroz foi realizada no Laboratório de Agronomia (LabAgro), no Departamento de Fitotecnia da Faculdade de Agronomia "Eliseu Maciel" (FAEM) da Universidade Federal de Pelotas (UFPel), através do equipamento denominado colorímetro Konica Minolta Chroma Meter CR400 (Figura 4.1). Esse é um instrumento de medição portátil, projetado para avaliar a cor de objetos, especialmente com superfícies em condições mais suaves ou com variação de cor mínima. Sendo amplamente utilizado pois correlaciona consistentemente os valores de cor com a percepção visual, apresentando alta confiabilidade e precisão nas avaliações de cor.



Figura 4.1. Colorímetro Konica Minolta Chroma Meter CR400.

Fonte: Konica Minolta.

Obtendo assim os seguintes parâmetros relacionados a cor: a luminosidade (L) onde os valores encontram-se em uma amplitude de 0 a 100, correspondendo as cores preta e branca, coordenada a^* (a^*) que varia de vermelho a verde onde os valores oscilam de +60 a -60, respectivamente, e a coordenada b^* (b^*) que varia de amarelo a azul apresentando valores de +60 a -60, respectivamente. Com base nos valores das coordenadas a^* e b^* , foi calculado a tonalidade da cor ($^\circ\text{Hue}$) através da fórmula $[\arctan(b^*/a^*)]$, e a saturação da cor (Croma) por meio da fórmula $[(a^{*2} + b^{*2})^{1/2}]$, conforme Minolta (1994). Conforme ilustrado na Figura 4.2.

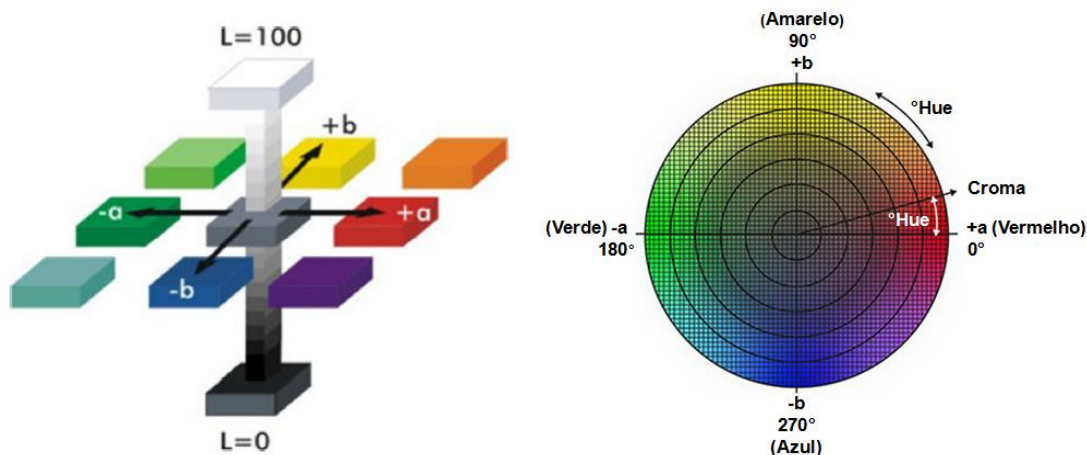


Figura 4.2. Diagrama de cores sistema CIE Lab.

Fonte: Hunter Lab, 1996.

A partir da análise das variâncias a partir de P1, P2, F1, F2, RC_{P1} e RC_{P2} foram obtidas as seguintes estimativas para os caracteres L, a, b, °Hue e Croma da cor em arroz: variância fenotípica: $\hat{\sigma}_F^2 = \hat{\sigma}_{F2}^2$; variância de ambiente: $\hat{\sigma}_E^2 = [(\hat{\sigma}_{P1}^2 + 2\hat{\sigma}_{F1}^2 + \hat{\sigma}_{P2}^2)/4]$; variância genotípica: $\hat{\sigma}_G^2 = \hat{\sigma}_F^2 - \hat{\sigma}_E^2$; variância aditiva: $\hat{\sigma}_A^2 = 2\hat{\sigma}_{F2}^2 - (\hat{\sigma}_{RCP1}^2 + \hat{\sigma}_{RCP2}^2)$; variância de dominância: $\hat{\sigma}_D^2 = \hat{\sigma}_G^2 - \hat{\sigma}_A^2$; herdabilidade no sentido amplo: $\hat{h}_A^2 = \hat{\sigma}_G^2/\hat{\sigma}_F^2$ e herdabilidade no sentido restrito: $\hat{h}_R^2 = \hat{\sigma}_A^2/\hat{\sigma}_F^2$.

As estimativas das herdabilidades no sentido amplo e restrito foram classificadas de acordo com Cargnelutti Filho; Storck (2007), conforme a Tabela 4.1.

Tabela 4.1. Classificação da herdabilidade segundo Cargnelutti Filho; Storck (2007).

Classificação	Herdabilidade (%)
Muito alta	$\geq 81,0$
Alta	$\geq 49,0$ a $< 81,0$
Moderada	$\geq 25,0$ a $< 49,0$
Baixa	$< 25,0$

O cálculo da estimativa do grau médio de dominância (GMD), o qual torna possível analisar a magnitude e a direção dos desvios, foi estimado por meio de:

$$GMD = k = \frac{2\overline{F1} - (\overline{P1} + \overline{P2})}{\overline{P1} - \overline{P2}}$$

onde: $\overline{P1}$ e $\overline{P2}$, são as medidas dos genitores P1 e P2 e $\overline{F1}$ é a media da geração F1.

Sendo a classificação do grau médio de dominância (GMD) conforme a Tabela 4.2 abaixo, para determinar o tipo de interação intra-alélica (CRUZ et al., 2012).

Tabela 4.2. Classificação do tipo de interação intra-alélica sobre o caráter quanto grau médio da dominância (GMD).

Grau médio da dominância (GMD)	Tipo de interação intra-alélica
1 (d = a)	Dominância completa
0 (d = a)	Ausência de dominância
> 1 (d > a)	Sobredominância
< 1 (d < a)	Dominância parcial

a: efeito gênico aditivo. d: desvios de dominância.

A estimativa do número de genes (η) para os caracteres em análise foram feitos utilizando a fórmula abaixo:

$$\eta = \frac{A^2(1 + 0,5k^2)}{8\hat{\sigma}_g^2}$$

sendo: A é a amplitude total na população F2, k é o grau médio de dominância e $\hat{\sigma}_g^2$ é a variância genética.

As análises dos parâmetros genéticos das gerações foram avaliadas levando-se em conta tanto o modelo completo (m, a, d, aa, ad, dd) calculado por meio do método de mínimos quadrados ponderados, quanto ao modelo aditivo-dominante (m, a, d) como descrito por Mather; Jinks (1984) e Cruz et al. (2012). Para testar a hipótese de efeito materno, efetuou-se a comparação entre as médias pelo teste t a 5% de significância para os contrastes P1 x P2, P2 x P1, P1 x F1, P2 x F1 recíproco, F1 x F1 recíproco e F2 x F2 recíproco. Todas as análises foram realizadas através do aplicativo computacional em genética e estatística, GENES (CRUZ, 2013; CRUZ, 2016).

4.3. Resultados e discussões

Na análise de variância, observou-se efeito significativo para a luminosidade da cor (L), coordenada a* da cor (a*), coordenada b* da cor (b*), tonalidade da cor (°Hue) e saturação da cor (Croma), a partir dos cruzamentos entre BRS Pampa x SCS 120 Ônix e SCS 120 Ônix x BRS Pampa (Tabela 4.3). Demonstrando assim, a presença de variabilidade genética para esses parâmetros relacionados a coloração do pericarpo em arroz e a diferença genética entre os genitores utilizados nos cruzamentos.

Uma estimativa utilizada para quantificar a variabilidade genética disponível em uma população, quando se deseja determinar o seu potencial para fins de melhoramento genético, é a relação CVg/CVe (RIGON et al., 2012). Quando esta razão resulta em um valor igual ou maior do que 1,0, a situação é favorável à seleção (MISTRO et al., 2007). Dessa forma, dispõe-se de condições favoráveis à seleção para os caracteres relacionados a cor do pericarpo em arroz, pois a maioria dos valores são maiores ou próximos da unidade. Sendo o cruzamento entre BRS Pampa x SCS 120 Ônix o mais promissor, para obter maior ganho genético por seleção, pois

apresenta os valores da relação CVg/CVe superior em todos os parâmetros da cor, em relação ao cruzamento SCS 120 Ônix X BRS Pampa.

Tabela 4.3. Análise de variância para os parâmetros (L, a*, b*, °Hue e Croma) relacionados a coloração do pericarpo em arroz, considerando os genitores (P1 e P2) e as gerações F1 e F2, obtidas nos cruzamentos entre BRS Pampa x SCS 120 Ônix e SCS 120 Ônix x BRS Pampa.

Fonte de Variação	GL	BRS Pampa X SCS 120 Ônix				
		Quadrado Médio				
		L	a*	b*	°Hue	Croma
Tratamentos	3	7981,10**	62,16**	1096,58**	4869,72**	984,83**
Resíduo	191	199,48	3,76	34,89	218,38	29,63
Total	194					
Média		33,32	3,60	10,42	61,80	11,53
CVe (%)		42,38	53,91	56,69	23,91	47,21
CVg (%)		50,04	40,18	59,12	20,86	50,67
CVg/CVe		1,18	0,74	1,04	0,87	1,07

Fonte de Variação	GL	SCS 120 Ônix X BRS Pampa				
		Quadrado Médio				
		L	a*	b*	°Hue	Croma
Tratamentos	3	7226,55**	64,08**	1106,09**	5587,69**	960,70**
Resíduo	201	197,12	4,19	32,48	223,47	28,12
Total	204					
Média		31,79	3,59	10,17	61,28	11,3
CVe (%)		44,16	57,0	56,05	24,39	46,93
CVg (%)		46,48	37,97	56,80	21,06	47,63
CVg/CVe		1,05	0,66	1,01	0,86	1,01

L = Luminosidade da cor; a* = coordenada a* da cor; b* = coordenada b* da cor; °Hue = tonalidade da cor; Croma = saturação da cor. GL = graus de liberdade. CVe = coeficiente de variação ambiental. CVg = coeficiente de variação genético. **: Significativo pelo teste F a 1% de probabilidade de erro.

Para estudos de herança genética em plantas autógamas, como por exemplo o arroz, é necessário a realização de cruzamentos entre genitores homozigotos contrastantes para uma característica (BALDISSERA et al., 2014). Conforme as estimativas das médias e das variâncias para os parâmetros relacionados a coloração do pericarpo em arroz (Tabela 4.4), e os resultados mencionados anteriormente, pode-se constatar que os genitores são contrastantes.

Os parâmetros da cor diferem entre os grupos de arroz branco, vermelho e preto (PANG et al., 2017). O genitor de pericarpo branco apresentou valores maiores para os parâmetros L, b*, °Hue e Croma, e menor para o parâmetro a*, quando comparado com o genitor de pericarpo preto. Assim, o genitor BRS Pampa

caracteriza-se por valores médios entre 59,99 a 62,73 para L, de 20,49 a 20,56 para b*, de 86,36 a 86,82 para o °Hue, de 20,52 a 20,60 para o Croma e de 1,32 a 2,62 para a*, enquanto que o genitor SCS 120 Ônix, possui valores médios entre 16,53 a 16,59 para L, de 2,91 a 3,04 para b*, de 49,53 a 52,60 para o °Hue, de 3,67 a 4,02 para o Croma e de 2,24 a 2,62 para a*.

Esses resultados corroboram com Yafang et al. (2011), que em um estudo com 18 acessos de arroz com pericarpo branco apresentaram valores médios para os parâmetros da cor de 61,65 para o L, 18,81 para o b*, 19,04 para o Croma, 81,31 para °Hue e 2,87 para a*. Assim como, Zhang et al. (2015), avaliaram 6 acessos de arroz com pericarpo preto que expressaram valores médios de 22,66, 3,66 e 3,27 para os parâmetros L, a* e b* da cor, respectivamente, o que corresponde a um °Hue de 41,78 e Croma de 4,91.

Tabela 4.4. Número de plantas avaliadas (N), médias (X) e variâncias ($\hat{\sigma}^2$) a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 para os parâmetros (L, a*, b*, °Hue e Croma) relacionados a coloração do pericarpo em arroz, dos cruzamentos entre BRS Pampa X SCS 120 Ônix e SCS 120 Ônix X BRS Pampa.

Geração	BRS Pampa X SCS 120 Ônix										
	L			a*		b*		°Hue		Croma	
	N	x	$\hat{\sigma}^2$	x	$\hat{\sigma}^2$	x	$\hat{\sigma}^2$	x	$\hat{\sigma}^2$	x	$\hat{\sigma}^2$
P1♀ (BRS Pampa)	20	62,73	4,41	1,32	0,16	20,56	1,26	86,36	0,99	20,60	1,29
P2♂ (SCS 120 Ônix)	20	16,59	1,20	2,24	0,15	2,91	0,12	52,60	11,03	3,67	0,23
F1	11	24,37	3,82	5,06	1,05	7,35	2,90	55,29	11,29	8,93	3,70
F2	144	32,25	265,43	3,99	4,90	10,29	46,22	60,16	289,30	11,56	39,11
RC1 (F1 X P1)	92	38,57	295,66	3,64	6,38	14,36	41,97	69,82	271,35	15,29	33,79
RC2 (F1 X P2)	27	23,80	67,78	3,52	2,74	5,84	16,89	55,99	67,31	6,94	17,77
Geração	SCS 120 Ônix X BRS Pampa										
	L			a*		b*		°Hue		Croma	
	N	x	$\hat{\sigma}^2$	x	$\hat{\sigma}^2$	x	$\hat{\sigma}^2$	x	$\hat{\sigma}^2$	x	$\hat{\sigma}^2$
P1♀ (SCS 120 Ônix)	20	16,53	3,05	2,62	0,48	3,04	0,36	49,53	18,25	4,02	0,75
P2♂ (BRS Pampa)	20	59,99	5,98	1,14	0,08	20,49	0,43	86,82	0,68	20,52	0,43
F1	20	24,64	6,52	5,04	0,52	7,23	1,57	54,94	13,18	8,82	1,79
F2	145	31,34	268,99	3,87	5,65	10,26	44,78	60,85	286,78	11,50	38,30
RC1 (F1 X P1)	67	26,67	257,79	3,42	3,42	8,00	38,41	57,86	260,64	9,17	33,22
RC2 (F1 X P2)	88	39,89	202,31	4,24	7,74	15,52	23,78	71,56	198,78	16,49	17,89

L = Luminosidade da cor; a* = coordenada a* da cor; b* = coordenada b* da cor; °Hue = tonalidade da cor; Croma = saturação da cor. RC1 (F1♀ X P1♂), RC2 (F1♀ X P2♂).

Em todas as gerações nos dois cruzamentos analisados, as estimativas de variâncias para os parâmetros relacionados a coloração do pericarpo em arroz, foram maiores em F2 e nos retrocruzamentos. A maior variância em F2, como verificado para os parâmetros b^* , $^{\circ}\text{Hue}$ e Croma nos dois cruzamentos e L no cruzamento entre SCS 120 Ônix X BRS Pampa, era previsto por ser está a geração com maior parte dos *loci* segregantes, consequentemente maior variabilidade. Para os parâmetros a^* da cor nos dois cruzamentos e L no cruzamento entre BRS Pampa X SCS 120 Ônix, o retrocruzamento apresentou maior estimativa da variância. Sendo observado, que essa condição aconteceu sempre quando utilizado o genitor BRS Pampa no retrocruzamento. Esse fato, pode ser explicado devido a ocorrência da expressão dos alelos recessivos (MARTINS FILHO et al., 2002) do caráter.

As estimativas das médias das gerações F1 e F2, em todos os parâmetros relacionados a cor do pericarpo de arroz nos dois cruzamentos estudados, foram similares ou intermediárias às médias dos genitores. Segundo Rocha et al. (2009), isso indica que o tipo de interação alélica predominante entre os genes que condicionam a variabilidade para os parâmetros L, a^* , b^* , $^{\circ}\text{Hue}$ e Croma da cor do pericarpo em arroz, é aditiva.

Na Tabela 4.5, são apresentadas as estimativas, as variâncias das estimativas e as significâncias da hipótese de nulidade de cada parâmetro do modelo completo para os caracteres L, a^* , b^* , $^{\circ}\text{Hue}$ e Croma da cor do pericarpo em arroz. O parâmetro média (m), só não foi significativa para o caráter coordenada a^* da cor (a^*) no cruzamento entre SCS 120 Ônix x BRS Pampa, enquanto que, o efeito de dominância (d) somente foi significativo para coordenada b^* da cor (b^*) e saturação da cor (Croma) nesse mesmo cruzamento. Já a estimativa do efeito gênico aditivo (a), que é fixado na população com o avanço das gerações em decorrência das autofecundações (BALDISSERA et al., 2014) e apresenta extrema relevância no melhoramento genético de plantas autógamas, foi significativo para todos os caracteres analisados relacionados a cor do pericarpo em arroz.

As interações gênicas que apresentaram significância para os caracteres relacionados a coloração do pericarpo em arroz foram, a aditiva x dominante (ad) para a luminosidade da cor (L) nos dois cruzamentos analisados e para coordenada a^* da cor (a^*) e tonalidade da cor ($^{\circ}\text{Hue}$) no cruzamento entre SCS 120 Ônix X BRS Pampa. Assim como, as interações gênicas aditiva x aditiva (aa) e dominante x dominante (dd)

que foram significativas apenas para coordenada b^* da cor (b^*), tonalidade da cor ($^{\circ}\text{Hue}$) e da saturação da cor (Croma) nesse mesmo cruzamento.

Tabela 4.5. Teste de significância da hipótese de nulidade dos parâmetros genéticos estimados a partir do modelo completo, com base nas médias dos caracteres luminosidade da cor (L), coordenada a^* da cor (a^*), coordenada b^* da cor (b^*), tonalidade da cor ($^{\circ}\text{Hue}$) e da saturação da cor (Croma) em arroz, obtidas a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 dos cruzamentos entre BRS Pampa X SCS 120 Ônix e SCS 120 Ônix X BRS Pampa.

BRS Pampa X SCS 120 Ônix											
Parâmetros	L			a^*		b^*		$^{\circ}\text{Hue}$		Croma	
	GL	Est.	Var.	Est.	Var.	Est.	Var.	Est.	Var.	Est.	Var.
m	298	43,92**	52,46	3,42**	1,23	12,49**	9,48	58,49**	54,06	13,91**	8,47
a	38	23,07**	0,07	-0,46**	0,004	8,82**	0,02	16,88**	0,15	8,46**	0,02
d	308	-27,14 ^{ns}	325,02	0,64 ^{ns}	8,47	-3,67 ^{ns}	59,90	9,89 ^{ns}	326,88	-4,43 ^{ns}	54,80
aa	260	-4,26 ^{ns}	52,39	-1,64 ^{ns}	1,23	-0,76 ^{ns}	9,46	10,99 ^{ns}	53,91	-1,78 ^{ns}	8,45
ad	155	-16,6**	23,18	1,17 ^{ns}	0,70	-0,60 ^{ns}	4,40	-6,13 ^{ns}	22,37	-0,23 ^{ns}	4,18
dd	308	7,59 ^{ns}	122,75	1,00 ^{ns}	3,68	-1,48 ^{ns}	23,56	-13,08 ^{ns}	123,93	-0,56 ^{ns}	22,17
SCS 120 Ônix X BRS Pampa											
Parâmetros	L			a^*		b^*		$^{\circ}\text{Hue}$		Croma	
	GL	Est.	Var.	Est.	Var.	Est.	Var.	Est.	Var.	Est.	Var.
m	335	30,50**	54,38	2,06 ^{ns}	1,187	5,78*	8,33	52,75**	56,48	6,94**	7,04
a	38	-21,73**	0,11	0,74**	0,007	-8,72**	0,01	-18,64**	0,24	-8,25**	0,01
d	354	9,21 ^{ns}	341,34	4,27 ^{ns}	7,590	16,48*	50,30	30,22 ^{ns}	350,74	16,35*	42,30
aa	297	7,76 ^{ns}	54,27	-0,18 ^{ns}	1,180	5,98*	8,32	15,42*	56,24	5,32*	7,02
ad	191	17,04**	25,04	-3,12**	0,584	2,41 ^{ns}	3,41	9,88*	25,54	1,85 ^{ns}	2,86
dd	354	-15,07 ^{ns}	129,78	-1,29 ^{ns}	2,980	-15,04**	18,79	-28,04*	133,61	-14,47**	15,83

Est.: estimativa. Var.: variância. m, média das linhagens homozigóticas derivadas de F2; a, medida do efeito gênico aditivo; d, medida dos desvios de dominância; aa, medida das interações gênicas aditiva x aditiva; ad, medida das interações gênicas aditiva x dominante; dd, medida das interações gênicas dominante x dominante. GL: Grau de liberdade. * e **: Significativo a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste t. ns: não significativo.

A decomposição não ortogonal da soma de quadrados dos parâmetros (m, a, d, aa, ad, dd) para os caracteres L, a^* , b^* , $^{\circ}\text{Hue}$ e Croma relacionados a coloração do pericarpo em arroz, através do coeficiente de determinação (R^2) pode ser utilizada para prover informação da importância de um particular efeito genético sobre a variabilidade disponível desses caracteres estudados (Tabela 4.6).

Tabela 4.6. Decomposição não ortogonal da soma de quadrados (SQ) de parâmetros (m, a, d, aa, ad, dd), pelo método de eliminação de Gauss, para os caracteres luminosidade da cor (L), coordenada a* da cor (a*), coordenada b* da cor (b*), tonalidade da cor (°Hue) e da saturação da cor (Croma) obtidos a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 dos cruzamentos entre BRS Pampa X SCS 120 Ônix e SCS 120 Ônix X BRS Pampa.

Fonte de Variação	BRS Pampa X SCS 120 Ônix									
	L		a*		b*		°Hue		Croma	
	SQ	R ² (%)	SQ	R ² (%)	SQ	R ² (%)	SQ	R ² (%)	SQ	R ² (%)
m/a, d, aa, ad, dd	36,77	0,48	9,49	13,66	16,46	0,365	63,27	3,22	22,87	0,601
a/m, d, aa, ad, dd	7589,58	99,32	55,52	79,90	4494,56	99,62	1894,12	96,49	3769,77	99,38
d/m, a, aa, ad, dd	2,27	0,03	0,05	0,07	0,224	0,005	0,30	0,02	0,36	0,009
aa/m, a, d, ad, dd	0,35	0,005	2,20	3,16	0,061	0,001	2,24	0,11	0,37	0,009
ad/m, a, d, aa, dd	11,88	0,16	1,96	2,82	0,082	0,002	1,68	0,09	0,01	0,0004
dd/m, a, d, aa, ad	0,47	0,006	0,27	0,39	0,093	0,002	1,38	0,07	0,01	0,0004
Total	7641,31		69,49		4511,48		1962,98		3793,39	

Fonte de Variação	SCS 120 Ônix X BRS Pampa									
	L		a*		b*		°Hue		Croma	
	SQ	R ² (%)	SQ	R ² (%)	SQ	R ² (%)	SQ	R ² (%)	SQ	R ² (%)
m/a, d, aa, ad, dd	17,11	0,41	3,58	3,51	4,01	0,05	49,27	3,21	6,85	0,15
a/m, d, aa, ad, dd	4184,96	99,25	78,60	77,17	7653,47	99,64	1468,57	95,71	4632,48	99,32
d/m, a, aa, ad, dd	0,25	0,01	2,40	2,36	5,40	0,07	2,60	0,17	6,32	0,14
aa/m, a, d, ad, dd	1,11	0,03	0,03	0,03	4,31	0,06	4,23	0,28	4,04	0,09
ad/m, a, d, aa, dd	11,59	0,27	16,69	16,38	1,70	0,02	3,82	0,25	1,19	0,03
dd/m, a, d, aa, ad	1,75	0,04	0,56	0,55	12,03	0,16	5,88	0,38	13,23	0,28
Total	4216,76		101,86		7680,91		1534,38		4664,11	

m: média das linhagens homozigóticas derivadas de F2; a: medida do efeito gênico aditivo; d: medida dos desvios da dominância; aa: medida das interações aditiva x aditiva; ad: medida das interações aditiva x dominante; dd: medida das interações dominante x dominante.

Assim, os valores de R² demonstram que os efeitos genéticos mais importantes para todos os caracteres analisados relacionados a coloração do pericarpo em arroz foram os aditivos (a). Dentre os efeitos simples (m, a, d), de modo geral, a média (m) foi o segundo parâmetro mais importante na determinação dos caracteres, com exceção apenas no caráter coordenada b* da cor (b*) no cruzamento entre SCS 120 Ônix X BRS Pampa, sendo o efeito causado pela dominância (d) o de menor importância. As interações epistáticas aditiva x aditiva (aa), aditiva x dominante (ad) e dominante x dominante (dd) apresentaram pouca influência genética nas médias para a determinação dos caracteres da cor do pericarpo em arroz. Exceto no caráter

coordenada a^* da cor (a^*) no cruzamento entre SCS 120 Ônix X BRS Pampa, onde foi observado uma contribuição de 16,38% do efeito da interação ad.

Diante desses resultados, se evidencia a possibilidade de desenvolvimento e obtenção de novas linhagens superiores geneticamente para todos os caracteres analisados relacionados a coloração do pericarpo em arroz. Devido ao fato, do componente genético de natureza aditiva ser de elevada magnitude, assim os ganhos nos ciclos de seleção serão satisfatórios a partir da seleção nas populações segregantes derivadas de F2.

Apesar do uso do modelo genético completo seja de grande importância para o conhecimento mais abrangente das causas e magnitudes dos componentes genéticos que controlam o caráter (CRUZ et al., 2012), é fundamental analisar o modelo aditivo-dominante, por ser mais simples e fornecer fatores relevantes para o sucesso na condução do programa de melhoramento genético. Conforme as informações apresentadas na Tabela 4.7.

Tabela 4.7. Teste de significância da hipótese de nulidade dos parâmetros genéticos estimados a partir do modelo aditivo-dominante, com base nas médias dos caracteres luminosidade da cor (L), coordenada a^* da cor (a^*), coordenada b^* da cor (b^*), tonalidade da cor ($^{\circ}$ Hue) e da saturação da cor (Croma) obtidas a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 dos cruzamentos entre BRS Pampa X SCS 120 Ônix e SCS 120 Ônix X BRS Pampa.

BRS Pampa X SCS 120 Ônix											
Parâmetros	L			a^*		b^*		$^{\circ}$ Hue		Croma	
	GL	Est.	Var.	Est.	Var.	Est.	Var.	Est.	Var.	Est.	Var.
m	308	39,60**	0,07	1,80**	0,004	11,76**	0,02	69,51**	0,14	12,17**	0,02
a	308	22,97**	0,07	-0,50**	0,004	8,84**	0,02	16,82**	0,14	8,49**	0,02
d	308	-15,24**	0,40	3,71**	0,051	-4,02**	0,21	-14,47**	1,01	-2,63**	0,24
SCS 120 Ônix X BRS Pampa											
Parâmetros	L			a^*		b^*		$^{\circ}$ Hue		Croma	
	GL	Est.	Var.	Est.	Var.	Est.	Var.	Est.	Var.	Est.	Var.
m	354	38,24**	0,11	1,87**	0,006	11,82**	0,01	68,42**	0,21	12,37**	0,01
a	354	-21,59**	0,11	0,70**	0,006	-8,73**	0,01	-18,40**	0,22	-8,24**	0,01
d	354	-13,53**	0,43	3,33**	0,029	-4,15**	0,08	-13,14**	0,84	-2,91**	0,09

GL: Grau de liberdade. Est.: estimativa. Var.: variância. m: média das linhagens homozigóticas derivadas de F2; a: medida do efeito gênico aditivo; d: medida dos desvios da dominância. **Significativo a 1% de probabilidade pelo teste t.

A partir da análise do modelo aditivo-dominante, verifica-se que o mesmo foi satisfatório na determinação dos parâmetros genéticos das gerações, para todos os caracteres da cor do pericarpo em arroz avaliados. A média foi o parâmetro que obteve a maior estimativa (Est.), para a luminosidade da cor (L), coordenada b^* da cor (b^*), tonalidade da cor ($^\circ\text{Hue}$) e da saturação da cor (Croma), enquanto o efeito gênico decorrente da dominância, apresentou a maior estimativa para a coordenada a^* da cor (a^*) e maior variância em todos os caracteres analisados. Todos os parâmetros estimados no modelo diferiram significativamente de zero, a 1% de probabilidade, pelo teste t.

A avaliação da adequação do modelo pode ser executada pela correlação entre as médias observadas ($\bar{Y}$) e os valores médios estimados ($\hat{Y}$), conforme apresentado na Tabela 4.8. Verifica-se que, o modelo aditivo-dominante permite a obtenção de médias estimadas as quais apresentam correlação com as médias observadas em magnitude extremamente elevada, para todos os caracteres analisados da cor do pericarpo em arroz.

As correlações variaram, de 0,9853 a 0,9889 para a luminosidade da cor (L) correspondendo a uma determinação (R^2) de 97,09 e 97,80, respectivamente. Para a coordenada a^* da cor (a^*), as correlações foram de 0,9260 a 0,9778 equivalendo a um R^2 de 85,75 e 95,62, respectivamente. Na coordenada b^* da cor (b^*), as estimativas das correlações estiveram entre 0,9835 a 0,9985, representando um R^2 de 96,72 e 99,69, respectivamente. Os valores das correlações no caráter tonalidade da cor ($^\circ\text{Hue}$), oscilaram entre 0,9865 a 0,9944, proporcionando uma R^2 de 97,32 e 98,89, respectivamente. Já a saturação da cor (Croma), as correlações foram de 0,9817 a 0,9974, gerando um R^2 de 96,38 e 99,48, respectivamente.

Assim, segundo Rocha et al. (2009), em razão dos coeficientes de correlações apresentarem-se próximos da unidade demonstra uma alta precisão do modelo aditivo-dominante. Consequentemente, uma elevada fidedignidade na estimativa dos parâmetros genéticos dos caracteres luminosidade da cor (L), coordenada a^* da cor (a^*), coordenada b^* da cor (b^*), tonalidade da cor ($^\circ\text{Hue}$) e da saturação da cor (Croma) do pericarpo em arroz.

Tabela 4.8. Médias observadas (Y) e estimadas ($\hat{Y}$) para os caracteres luminosidade da cor (L), coordenada a^* da cor (a^*), coordenada b^* da cor (b^*), tonalidade da cor ($^\circ\text{Hue}$) e da saturação da cor (Croma), obtidas a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2, dos cruzamentos entre BRS Pampa X SCS 120 Ônix e SCS 120 Ônix X BRS Pampa.

Geração	BRS Pampa X SCS 120 Ônix									
	L		a^*		b^*		$^\circ\text{Hue}$		Croma	
	Y	$\hat{Y}$	Y	$\hat{Y}$	Y	$\hat{Y}$	Y	$\hat{Y}$	Y	$\hat{Y}$
P ₁ ♀ (BRS Pampa)	62,73	62,57	1,32	1,35	20,56	20,60	86,36	86,34	20,60	20,66
P ₂ ♂ (SCS 120 Ônix)	16,59	16,63	2,23	2,24	2,90	2,91	52,60	52,69	3,67	3,68
F1	24,37	24,36	5,06	5,51	7,35	7,74	55,29	55,04	8,93	9,54
F2	32,25	31,98	3,99	3,65	10,29	9,75	60,16	62,28	11,56	10,85
RC ₁ (F1 X P1)	38,57	43,47	3,64	3,43	14,36	14,17	69,82	70,69	15,29	15,10
RC ₂ (F1 X P2)	23,80	20,49	3,52	3,88	5,84	5,32	56,00	53,86	6,94	6,61
r (Y, $\hat{Y}$)	0,9889		0,9778		0,9985		0,9944		0,9974	
R ² (%)	97,80		95,62		99,69		98,89		99,48	

Geração	SCS 120 Ônix X BRS Pampa									
	L		a^*		b^*		$^\circ\text{Hue}$		Croma	
	Y	$\hat{Y}$	Y	$\hat{Y}$	Y	$\hat{Y}$	Y	$\hat{Y}$	Y	$\hat{Y}$
P ₁ ♀ (SCS 120 Ônix)	16,53	16,65	2,62	2,56	3,04	3,09	49,53	50,03	4,02	4,13
P ₂ ♂ (BRS Pampa)	59,99	59,83	1,14	1,17	20,49	20,55	86,83	86,82	20,52	20,60
F1	24,64	24,71	5,04	5,19	7,23	7,67	54,94	55,29	8,82	9,46
F2	31,34	31,47	3,87	3,53	10,26	9,75	60,85	61,86	11,50	10,91
RC ₁ (F1 X P1)	26,67	20,68	3,42	3,88	8,00	5,38	57,86	52,66	9,17	6,79
RC ₂ (F1 X P2)	39,89	42,27	4,24	3,18	15,52	14,11	71,56	71,05	16,49	15,03
r (Y, $\hat{Y}$)	0,9853		0,9260		0,9835		0,9865		0,9817	
R ² (%)	97,09		85,75		96,72		97,32		96,38	

RC1 (F1♀ X P1♂), RC2 (F1♀ X P2♂).

Desse modo, o uso do modelo genético aditivo-dominante é adequado para descrever e explicar o comportamento das médias das gerações, em todos os caracteres analisados da cor do pericarpo do arroz. Sendo constatado, para a luminosidade da cor (L), coordenada b^* da cor (b^*), tonalidade da cor ($^\circ\text{Hue}$) e saturação da cor (Croma), que a variabilidade aditiva presente em F2 é relativamente superior à atribuída aos desvios da dominância, portanto esse efeito genético é o mais importante na determinação desses caracteres. No entanto, o oposto ocorre para o caráter coordenada a^* da cor (a^*), ou seja, prevalece o desvio da dominância (Tabela 4.9), na definição do efeito genético do mesmo.

Tabela 4.9. Decomposição não ortogonal da soma de quadrados de parâmetros (m, a, d) pelo método de eliminação de Gauss, com base nas médias dos caracteres luminosidade da cor (L), coordenada a* da cor (a*), coordenada b* da cor (b*), tonalidade da cor (°Hue) e saturação da cor (Croma), a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 dos cruzamentos entre BRS Pampa X SCS 120 Ônix e SCS 120 Ônix X BRS Pampa.

BRS Pampa X SCS 120 Ônix										
Fonte de Variação	L		a*		b*		°Hue		Croma	
	SQ	R ² (%)	SQ	R ² (%)	SQ	R ² (%)	SQ	R ² (%)	SQ	R ² (%)
m/a, d	22856,90	73,50	864,64	72,78	8252,13	63,52	33971,17	93,93	8082,58	67,15
a/m, d	7653,38	24,61	53,62	4,51	4662,23	35,89	1985,19	5,49	3925,95	32,61
d/m, a	587,50	1,89	269,83	22,71	76,65	0,59	209,24	0,58	28,84	0,24
Total	31097,78		1188,09		12991,01		36165,60		12037,4	

SCS 120 Ônix X BRS Pampa										
Fonte de Variação	L		a*		b*		°Hue		Croma	
	SQ	R ² (%)	SQ	R ² (%)	SQ	R ² (%)	SQ	R ² (%)	SQ	R ² (%)
m/a, d	13431,19	74,21	555,78	55,10	14324,14	64,19	21318,17	92,44	10716,88	68,99
a/m, d	4237,73	23,42	76,74	7,61	7777,26	34,85	1537,18	6,67	4724,90	30,42
d/m, a	428,87	2,37	376,13	37,29	215,04	0,96	206,39	0,89	92,03	0,59
Total	18097,79		1008,64		22316,44		23061,74		15533,8	

m: média das linhagens homozigóticas derivadas de F2; a: medida do efeito gênico aditivo; d: medida dos desvios da dominância.

As estimativas dos efeitos gênicos preponderantes no controle genético dos caracteres luminosidade da cor (L), coordenada b* da cor (b*), tonalidade da cor (°Hue) e saturação da cor (Croma) foram similares nos dois modelos, sendo o efeito aditivo o principal para esses caracteres. No entanto, para o caráter coordenada a* da cor (a*) as estimativas dos modelos divergiram, onde no modelo completo houve a indicação do efeito gênico aditivo, diferente do modelo aditivo-dominante que indicou o efeito da dominância como principal fator genético na determinação do caráter. Esse fato pode ser explicado devido o modelo aditivo-dominante não considerar os efeitos epistáticos, sendo esses efeitos atribuídos ao desvio da dominância. Portanto, deve-se optar pelo modelo completo, pois esse considera todas as interações genéticas envolvidas no controle gênico do caráter.

As estimativas dos parâmetros genéticos (Tabela 4.10) são essenciais para uma eficiente condução do programa de melhoramento, conforme Baldissera et al. (2014), a sua determinação e compreensão são importantes para se conhecer a estrutura genética da população segregante e fazer a inferência da variância genética da mesma. Além de, prever ganhos genéticos com a seleção e a recomendação de constituições genotípicas superiores (PEREIRA et al., 2016).

Em todos os caracteres analisados relacionados a coloração do pericarpo em arroz, foi demonstrado elevada variabilidade genética e que a maior parte da variância fenotípica é explicada pela variância de ordem genética, com uma pequena variação dos efeitos de ambiente sobre os mesmos. Sendo que, os caracteres luminosidade da cor (L), coordenada b^* da cor (b^*), tonalidade da cor ($^\circ\text{Hue}$) e saturação da cor (Croma), apresentaram variância genética aditiva maior que a variância de dominância, no cruzamento BRS Pampa X SCS 120 Ônix. Indicando que há grande possibilidade de ganhos genéticos por meio da seleção fenotípica (MATOS FILHO et al., 2014) nesse cruzamento.

Em relação ao caráter coordenada a^* da cor (a^*) do pericarpo em arroz, ocorreu o predomínio da variância de dominância em relação a variância aditiva para a variabilidade genética em F2. O predomínio da ação gênica aditiva para determinado caráter favorece o melhoramento genético em autógamias por meio de seleção, pois um indivíduo ou grupo de indivíduos superiores quando selecionados produzirão uma descendência também superior enquanto que a interação de dominância dificulta a seleção de indivíduos superiores, uma vez que a descendência deste indivíduo provavelmente apresentarão comportamento inferior ao dele próprio (SOUZA et al., 2013) atribuída a interação entre alelos nas gerações iniciais. Isso é indicativo de que, a seleção em gerações avançadas, como por exemplo em F6, é apropriada, uma vez que o efeito de dominância é praticamente inexistente (CARVALHO et al., 2017).

Tabela 4.10. Estimativas das variâncias fenotípica, genotípica, aditiva, de dominância e de ambiente, das herdabilidades no sentido amplo e restrito, do grau médio de dominância e do número de genes que controlam os caracteres luminosidade da cor (L), coordenada a* da cor (a*), coordenada b* da cor (b*), tonalidade da cor (°Hue) e saturação da cor (Croma), obtidas a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 dos cruzamentos entre BRS Pampa X SCS 120 Ônix e SCS 120 Ônix X BRS Pampa.

Parâmetros	BRS Pampa X SCS 120 Ônix					SCS 120 Ônix X BRS Pampa				
	L	a*	b*	°Hue	Croma	L	a*	b*	°Hue	Croma
σ_F^2	265,43	4,90	46,22	289,30	39,11	268,99	5,65	44,78	286,78	38,30
σ_G^2	262,12	4,30	44,43	280,65	36,88	263,48	5,25	43,80	275,46	37,11
σ_E^2	3,31	0,60	1,79	8,65	2,23	5,51	0,40	0,98	11,32	1,19
σ_A^2	167,42	0,68	33,58	239,94	26,66	77,88	0,14	27,37	114,14	25,49
σ_D^2	94,70	3,62	10,85	40,71	10,22	185,60	5,11	16,43	161,32	11,62
$\hat{h}_A^2$ (%)	98,75	87,75	96,12	97,01	94,29	97,95	92,92	97,81	96,05	96,89
$\hat{h}_R^2$ (%)	63,07	13,87	72,65	82,94	68,17	28,95	2,48	61,12	39,80	66,55
GMD	-0,66	-7,13	-0,50	-0,84	-0,37	0,63	4,26	0,52	0,71	0,42
NG	2	6	2	2	2	5	4	3	5	3

σ_F^2 : variância fenotípica; σ_G^2 : variância genotípica; σ_E^2 : variância de ambiente; σ_A^2 : variância aditiva; σ_D^2 : variância de dominância; $\hat{h}_A^2$: herdabilidade no sentido amplo; $\hat{h}_R^2$: herdabilidade no sentido restrito; GMD: grau médio de dominância; NG: número de genes que controlam o caráter.

A herdabilidade expressa a confiabilidade do valor fenotípico como estimador do valor genotípico, de modo que quanto maior a herdabilidade, maior deve ser o ganho genético com a seleção (FALCONER, 1987; CARVALHO et al., 2015), especialmente a herdabilidade no sentido restrito. As estimativas dos coeficientes de herdabilidade no sentido amplo, para todos os caracteres da cor do pericarpo em arroz estudados, mostraram magnitudes muito alta, variando de 87,75% para a coordenada a* da cor (a*) a 98,75% para a luminosidade da cor (L).

Quanto a herdabilidade no sentido restrito, o cruzamento entre BRS Pampa x SCS 120 Ônix proporcionou estimativas superiores ao cruzamento entre SCS 120 Ônix x BRS Pampa para todos os caracteres da cor avaliados. Por esse motivo, essa combinação entre os genitores é a mais promissora pois apresenta melhor expectativa de obter maiores ganhos genéticos. Para os caracteres luminosidade da cor (L), coordenada b* da cor (b*), tonalidade da cor (°Hue) e saturação da cor (Croma), os coeficientes de herdabilidade no sentido restrito foram de alta magnitude, sendo de 63,07%, 72,65%, 82,94% e 68,17%, respectivamente. Entretanto, a coordenada a* da cor (a*) apresentou baixa herdabilidade, devido a grande influência do efeito da

variância de dominância sobre o mesmo. Proporcionando dificuldade em atingir ganho genético e baixa resposta à seleção em populações segregantes (MOREIRA et al., 2013) para esse caráter.

O grau médio de dominância (GMD), expressa a posição relativa entre o valor genotípico do heterozigoto e o valor médio genotípico dos homozigotos (CRUZ et al., 2012). As magnitudes encontradas com base nas médias para o GMD nos caracteres luminosidade da cor (L), coordenada b^* da cor (b^*), tonalidade da cor ($^{\circ}$ Hue) e saturação da cor (Croma), correspondem a existência de dominância parcial para o controle genético desses caracteres. Constatando que a dominância parcial ocorre em direção à expressão fenotípica de menor grandeza (valor) do caráter, nesse caso, na direção do genótipo SCS 120 Ônix, sendo comprovado também conforme os valores demonstrado na Tabela 4.2. Quanto ao GMD para a coordenada a^* da cor (a^*), foram estimados valores superiores à unidade, sendo um indicativo de sobredominância no controle genético desse caráter.

Segundo Lobo et al. (2005), os valores estimados do número de genes demonstram que cada cruzamento tem sua particularidade, variando de acordo com os genótipos utilizados, mas também quanto ao nível de influência do ambiente na manifestação do caráter e quando estão envolvidos muitos genes de pequeno efeito (BALDISSERA et al., 2014). No entanto, é um indicativo do tipo de herança que controla o caráter em estudo, se é de natureza monogênica ou poligênica (LOBO et al. 2005).

As estimativas do número de genes que controlam os caracteres em análise mostram uma boa precisão. Sendo constatado pequenas variações no número de genes para todos os caracteres: luminosidade da cor (L) de 2 a 5 genes, coordenada a^* da cor (a^*) de 4 a 6 genes, coordenada b^* da cor (b^*) de 2 a 3, tonalidade da cor ($^{\circ}$ Hue) de 2 a 5 genes e para saturação da cor (Croma) de 2 a 3 genes. Desse modo, pode-se deduzir que os caracteres relacionados a coloração do pericarpo em arroz apresentam herança poligênica ou quantitativa.

Esses resultados são semelhantes aos obtidos por Yoshimura et al. (2012), onde determinaram que a coloração preta do pericarpo do arroz é controlada pelo efeito complementar de dois genes, que estão localizados nos cromossomos 4 e 1, assim como, Shao et al. 2011 que identificaram 3 genes associados aos parâmetros da cor do pericarpo em arroz.

O teste de significância entre os contrastes das gerações para verificar a possibilidade de existência de efeito materno, estão demonstrados na Tabela 4.11.

Tabela 4.11. Teste de significância entre as médias dos contrastes P1 x P2, P2 x P1, P1 x F1, P2 x F1 recíproco, F1 x F1 recíproco e F2 x F2 recíproco, para os caracteres luminosidade da cor (L), coordenada a da cor (a*), coordenada b da cor (b*), tonalidade da cor (°Hue) e saturação da cor (Croma) de arroz, dos cruzamentos entre BRS Pampa X SCS 120 Ônix e SCS 120 Ônix X BRS Pampa.

Contrastes	Diferenças entre as médias				
	L	a*	b*	°Hue	Croma
BRS Pampa (P1) X SCS 120 Ônix (P2)	46,14**	0,92**	17,65**	33,76**	16,93**
SCS 120 Ônix (P2) X BRS Pampa (P1)	43,46**	1,48**	17,45**	37,29**	16,50**
BRS Pampa (P1♀) X F1	38,36**	3,74**	13,21**	31,07**	11,67**
SCS 120 Ônix (P2♀) X F1 recíproco	8,11**	2,42**	4,19**	5,41**	4,80**
F1 X F1 recíproco	0,27 ^{ns}	0,02 ^{ns}	0,12 ^{ns}	0,35 ^{ns}	0,11 ^{ns}
F2 X F2 recíproco	0,91 ^{ns}	0,12 ^{ns}	0,03 ^{ns}	0,69 ^{ns}	0,06 ^{ns}

** : Significativo a 1% de probabilidade pelo teste t. ns: não significativo.

Em todos os caracteres analisados da cor do pericarpo em arroz, os contrastes entre os cruzamentos de BRS Pampa X SCS 120 Ônix e de SCS 120 Ônix X BRS Pampa foram significativos, demonstrando diferenças entre as médias dos genitores, o que contribui para uma boa precisão na execução de estudos (ROCHA et al., 2009) de parâmetros genéticos. Assim como observado nas comparações entre BRS Pampa X F1 e SCS 120 Ônix X F1 recíproco, no entanto, os contrastes de F1 X F1 recíproco e F2 X F2 recíproco não foram significativos, demonstrando que não ocorre efeito materno significativo na expressão dos caracteres (LONDERO et al., 2009).

Segundo Bordallo et al. (2005), se a herança de um determinado caráter é controlada por genes nucleares, os resultados de um cruzamento e seu recíproco serão similares. Se houver efeitos citoplasmáticos, os resultados dos cruzamentos recíprocos serão diferentes, em que o fenótipo dos descendentes será influenciado pelo genitor feminino que contribuiu com o citoplasma (BALDISSERA et al., 2012). Diante disso, pode-se inferir inexistência de efeito materno para os caracteres luminosidade da cor (L), coordenada a* da cor (a*), coordenada b* da cor (b*), tonalidade da cor (°Hue) e saturação da cor (Croma) do pericarpo em arroz.

4.4. Conclusões

A determinação do efeito gênico mais importante para os caracteres luminosidade da cor (L), coordenada a da cor (a^*), coordenada b da cor (b^*), tonalidade da cor ($^{\circ}$ Hue) e saturação da cor (Croma) do pericarpo arroz é o efeito gênico aditivo.

Existe um alto componente genético na expressão fenotípica de todos os caracteres da cor do pericarpo em arroz estudados, com grande probabilidade de ganhos genéticos em ciclos adicionais de seleção.

A combinação BRS Pampa x SCS 120 Ônix é mais promissora para obtenção de maiores ganhos genéticos para os caracteres da cor do pericarpo em arroz, pois apresenta maior herdabilidade no sentido restrito.

Os caracteres luminosidade da cor (L), coordenada a da cor (a^*), coordenada b da cor (b^*), tonalidade da cor ($^{\circ}$ Hue) e saturação da cor (Croma) do pericarpo arroz apresentam herança quantitativa, com ocorrência de ação gênica de dominância parcial para os caracteres L, b^* , $^{\circ}$ Hue e Croma, e sobredominância para a coordenada a da cor (a^*).

Quanto ao efeito materno não foi detectada a sua existência nos caracteres luminosidade da cor (L), coordenada a da cor (a^*), coordenada b da cor (b^*), tonalidade da cor ($^{\circ}$ Hue) e saturação da cor (Croma) do pericarpo arroz.

4.5. Referências

- 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**. Lages, v.13, n.2, p.181-189, 2014.
- BALDISSERA, J. N. C.; VALENTINI, G.; COAN, M. M. D.; GUIDOLIN, A. F.; COIMBRA, J. L. M. Herança da capacidade de regeneração *in vitro* do feijão. **Revista de Ciências Agrárias**, v.55, n.4, p.306-310, 2012.
- BORDALLO, P. N.; PEREIRA, M. G.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; GABRIEL, A. P. C. Análise dialéctica de genótipos de milho doce e comum para caracteres agronômicos e proteína total. **Horticultura Brasileira**, v.23, p.123-127, 2005.
- CARGNELUTTI FILHO, A.; STORCK, L. Estatísticas de avaliação da precisão experimental em ensaios de cultivares de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.42, p.17-24, 2007.
- CARVALHO, L. P.; FARIAS, F. J. C.; RODRIGUES, J. I. S. Selection for increased fiber length in cotton progenies from Acala and non-Acala types. **Crop Science**, v.55, p.985-991, 2015.
- CARVALHO, L. P.; RODRIGUES, J. I. S.; FARIAS, F. J. C. Seleção de linhagens de algodão para alto teor de óleo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.52, n.7, p.530-538, 2017.
- CERQUEIRA, F. M.; MEDEIROS, M. H. G. de; AUGUSTO, O. Antioxidantes dietéticos: controvérsias e perspectivas. **Química Nova**, v.30, p.441-449, 2007.
- CHEN, X. Q.; NAGAO, N.; ITANI, T.; IRIFUNE, K. Anti-oxidative analysis, and identification and quantification of anthocyanin pigments in different coloured rice. **Food Chemistry**, v.135, p.2783-2788, 2012.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. **Métodos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4.ed. - Viçosa, MG: Ed. UFV, 514p., 2012.
- CRUZ, C. D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. v.35, n.3, p.271-276, 2013
- CRUZ, C. D. Genes Software – extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum**. v.38, n.4, p.547-552, 2016.

DIXIT, S.; HUANG, B. E.; CRUZ, M. T. S.; MATURAN, P. T.; ONTOY, J. C. E.; KUMAR, A. QTLs for tolerance of drought and breeding for tolerance of abiotic and biotic stress: an integrated approach. **PLoS ONE**, v.9, n.10, e109574. 2014

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. UFV, Viçosa, MG, Brasil. 219p. 1987.

FINOCCHIARO, F.; FERRARI, B.; GIANINETTI, A.; DALL'ASTA, C.; GALAVERNA, G.; SCAZZINA, F.; PELLEGRINI, N. Characterization of antioxidant compounds of red and white rice and changes in total antioxidant capacity during processing. **Molecular Nutrition & Food Research**, v.51, p.1006–1019, 2007.

FITZGERALD, M. A.; MCCOUCH, S. R.; HALL, R. D. Not just a grain of rice: the quest for quality. **Trends in Plant Science**, v.14, p.133–139, 2009.

GOUFO, P.; TRINDADE, H. Rice antioxidants: phenolic acids, flavonoids, anthocyanins, proanthocyanidins, tocopherols, tocotrienols, γ -oryzanol, and phytic acid. **Food Science & Nutrition**. v.2, p.75–104, 2014.

HUNTER Lab. CIELab Color Scale. **Applications note**, Reston, v.8, n.7, p.1-4, 1996.

KONATÉ, A. K.; ZONGO, A.; SANGARÉ, J. R.; KAM, H.; HEMA, D.; SANNI, A.; AUDEBERT, A. Genetic analysis and QTL mapping of agro-morphological traits in lowland rice (*Oryza sativa* L.) under drought conditions. **International Journal of Current Advanced Research**, v.5, n.9, p.1260-1267, 2016.

LOBO, V. L. S.; GIORDANO, L. B.; LOPES, C. A. Herança da resistência à mancha bacteriana em tomateiro. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v.30 p.343-349, 2005.

LONDERO, P. M. G.; RIBEIRO, N. D.; JOST, E.; MAZIERO, S. M.; CERUTTI, T.; POERSCH, N. L. Genética dos teores de fibras insolúvel e solúvel em grãos de feijão. **Revista Ceres**. v.56, n.2, p.150-155, 2009.

MARTINS FILHO, S.; GRAVINA, G. A.; SEDIYAMA, C. S. Controle genético da resistência da soja à raça 4 de *Cercospora sojina*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.37, n.12, p.1727-1733, 2002.

MATHER, K.; JINKS, J. L. **Introdução à genética biométrica**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 242p. 1984.

MATOS FILHO, C. H. A.; GOMES, R. L. F.; FREIRE FILHO, F. R.; ROCHA, M. M.; LOPES, A. C. A.; NUNES, J. A. R. Herança de caracteres relacionados à arquitetura da planta em feijão-caupi. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.44, n.4, p.599-604, 2014.

MINOLTA. Precise Color Communication: **Color Control from Feeling to Instrumentation**. Osaka: MINOLTA Co. Ltda., 49p., 1994.

MIN, S.; RYU, S.; KIM, D. Anti-inflammatory effects of black rice, cyaniding-3-O-D-glycoside, and its metabolites, cyaniding and protocatechuic acid. **International Immunopharmacology**, v.10, p.959-966, 2010.

MISTRO, J. C.; FAZUOLI, L. C.; GALLO, P. B.; OLIVEIRA, A. C. B.; BRAGHINI, M. T.; SILVAROLLA, M. B. Estimates of genetic parameters in Arabic coffee derived from the Timor hybrid. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.7, p.141-147, 2007.

MOREIRA, G. R.; SILVA, D. J. H.; CARNEIRO, P. C. S.; PICANÇO, M. C.; VASCONCELOS, A. A.; PINTO, C. M. F. Herança de caracteres de resistência por antixenose de *Solanum pennellii* à traça-do-tomateiro em cruzamento com 'Santa Clara'. **Horticultura Brasileira**. v.31, p.574-581, 2013.

PANG, Y.; AHMED, S.; XU, Y.; BETA, T.; ZHU, Z.; SHAO, Y.; BAO, J. Bound phenolic compounds and antioxidant properties of whole grain and bran of white, red and black rice. **Food Chemistry**. 2017. (No prelo)

PATHAK, K.; RAHMAN, S. W.; BHAGAWATI, S.; GOGOI, B. Assessment of nutritive and antioxidant properties of some indigenous pigmented hill rice (*Oryza sativa* L.) cultivars of Assam. **Indian Journal Of Agricultural Research**, v.51, n.3, p.214-220, 2017.

PEREIRA, T. C. V.; SCHMIT, R.; HAVEROTH, E. J.; MELO, R. C.; COIMBRA, J. L. M.; GUIDOLIN, A. F.; BACKES, R. L. Reflexo da interação genótipo x ambiente sobre o melhoramento genético de feijão. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.46, n.3, p.411-417, 2016.

RIGON, J. P. G.; CAPUANI, S.; CHERUBIN, M. R.; ROSA, G. M.; WASTOWSKI A. D. Dissimilaridade genética de girassol por meio de caracteres quantitativos. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.42, n.11, p.1954-1959, 2012.

ROCHA, M. M.; CARVALHO, K. J. M.; FREIRE FILHO, F. R.; LOPES, A. C. A.; GOMES, R. L. F.; SOUSA, I. S. Controle genético do comprimento do pedúnculo em feijão-caupi. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.44, n.3, p.270-275, 2009.

SAJID, M.; KHAN, S. A.; KHURSHID, H.; IQBAL, J.; MUHAMMAD, A.; SALEEM, N.; SHAH, S. M. A. Characterization of rice (*Oryza Sativa* L.) germplasm through various agro-morphological traits. **Scientia Agriculturae**, v.9, n.2, p.83-88, 2015.

SHAO, Y.; JIN, L.; ZHANG, G.; LU, Y.; SHEN, Y.; BAO, J. Association mapping of grain color, phenolic content, flavonoid content and antioxidant capacity in dehulled rice. **Theoretical and Applied Genetics**. v.122, p.1005-1016, 2011.

SHEN, Y.; JIN, L.; XIAO, P.; LU, Y.; BAO, J. Total phenolics, flavonoids, antioxidant capacity in rice grain and their relations to grain color, size and weight. **Journal of Cereal Science**, v.49, p.106-111, 2009.

SOMPONG, R.; SIEBENHANDL-EHN, S.; LINSBERGER-MARTIN, G.; BERGHOFER, E. Physicochemical and antioxidative properties of red and black rice varieties from Thailand, China and Sri Lanka. **Food Chemistry**, v.124, n.1, p.132-140, 2011.

SOUZA, F. F.; DIAS, R. C. S.; QUEIRÓZ, M. A. Capacidade de combinação de linhagens avançadas e cultivares comerciais de melancia. **Horticultura Brasileira** v.31, p.595-601, 2013.

YAFANG, S.; GAN, Z.; JINSONG, B. Total phenolic content and antioxidant capacity of rice grains with extremely small size. **African Journal of Agricultural Research**. v.6, n.10, p.2289-2293, 2011.

YAWADIO, R.; TANIMORI, S.; MORITA, N. Identification of phenolic compounds isolated from pigmented rice and their aldose reductase inhibitory activities. **Food Chemistry**. v.101, p.1616–1625, 2007.

YOSHIMURA, Y.; ZAIMA, N.; MORIYAMA, T.; KAWAMURA, Y. Different localization patterns of anthocyanin species in the pericarp of black rice revealed by imaging mass spectrometry. **Plos One** v.7, n.2, e31285, 2012.

ZHANG, M. W.; ZHANG, R. F.; ZHANG, F. X.; LIU, R. H. Phenolic Profiles and Antioxidant Activity of Black Rice Bran of Different Commercially Available Varieties. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**. v.58, n.13, p. 7580-7587, 2010.

ZHANG, H.; SHAO, Y.; BAO, J.; BETA, T. Phenolic compounds and antioxidant properties of breeding lines between the white and black rice. **Food Chemistry**. v.172, p.630–639, 2015.

5. Capítulo III

Ação gênica e parâmetros genéticos de caracteres relacionados a produtividade em arroz

5.1. Introdução

A ampla adaptabilidade e a alta plasticidade fenotípica do arroz, aliada à sua habilidade de produzir bem nas mais variadas regiões e ao continuado esforço da pesquisa no mundo, assegura que o seu grão permanecerá sendo um importante produto de consumo pelo homem (MAGALHÃES JR.; AGUIAR, 2012). Esse cereal, é considerado um produto de grande importância econômica e social em muitos países em fase de desenvolvimento na Ásia e Oceania, mas também no Brasil.

O cultivo do arroz está presente em todas as regiões brasileiras, sendo produzido no país no último ano agrícola de 2016/2017, aproximadamente 12,33 milhões de toneladas de arroz. A principal região produtora é a Região Sul, proeminentemente no estado do Rio Grande do Sul com 70,7% da produção nacional, correspondendo a 8,72 milhões toneladas de arroz. Sendo obtido nessa safra uma produtividade média de 6.224 kg ha⁻¹ no país e de 7.930 kg ha⁻¹ do Rio Grande do Sul (CONAB, 2017).

O aumento da produtividade de grãos na cultura do arroz ao longo dos últimos anos está associado basicamente ao aperfeiçoamento no sistema de cultivo, através de um manejo agrônomo altamente técnico e eficiente. Mas também, com a mesma relevância para esse setor produtivo, destaca-se o desenvolvimento de cultivares de arroz extremamente adaptadas as diferentes condições edafoclimáticas de cultivo e com elevado potencial genético para produtividade.

Diversos trabalhos têm demonstrado a contribuição do melhoramento de plantas no ganho genético para produção de grãos, conforme o transcorrer dos lançamentos das cultivares de arroz. Como por exemplo, Soares et al. (1999), Souza et al. (2007), e Breseghello et al. (2011) no cultivo de sequeiro e Breseghello et al. (1999), Peng et al. (2000), Rangel et al. (2000), Tabien et al. (2008) e Streck et al. (2018) no sistema irrigado.

A produtividade de grãos na cultura do arroz é definida através dos seus componentes do rendimento, número de panículas por metro quadrado, número de espiguetas por panícula e peso de mil grãos (MARCHEZAN et al., 2005), sendo o resultado da interação multiplicativa desses componentes (KACHARABHAI, 2015). Esses caracteres são positivamente correlacionados com peso de panícula (AKINWALE et al., 2011), comprimento de panícula (KONATÉ et al., 2016) e número de panículas por planta (SANGARÉ et al., 2017), os quais foram analisados nesse trabalho.

A fim de continuar esse progresso genético e consequentemente desenvolver novas cultivares de arroz com elevado potencial para produtividade de grãos, é de fundamental importância que o melhorista conheça a natureza e a magnitude da variação genética que controlam o modo de ação e a herança genética desses caracteres relacionados a produtividade de grão em arroz.

Além desses fatores, para o desenvolvimento de genótipos de arroz com alto potencial de rendimento de grãos, é essencial a determinação da magnitude dos componentes de variância e da herdabilidade, principalmente no sentido restrito, a qual oferece a informação sobre a transmissibilidade do caráter de forma consecutiva de geração em geração (BELLO et al., 2012). Assim como, a determinação dos genitores adequados é de suma importância no melhoramento genético, pois a performance *per se* dos genitores nem sempre é um verdadeiro indicador de sua capacidade de combinação (SHARMA; MANI, 2008), pois muitas vezes o genótipo de alto potencial genético pode não transmitir sua superioridade à progênie.

Nesse contexto, a utilização de análise em gerações segregantes tem possibilitado estimar os parâmetros genéticos, permitindo a elucidação da natureza e da magnitude das ações genéticas envolvidas no caráter. Desse modo, o trabalho teve como finalidade estimar os parâmetros genéticos para os caracteres relacionados a produtividade de grãos em arroz como, o número de panículas por planta, peso e comprimento de panícula, proporcionando o entendimento da base genética desses caracteres, favorecendo a seleção e a condução das populações segregantes.

5.2. Material e Métodos

O experimento foi realizado nos anos agrícolas de 2014/2015, 2015/2016 e 2016/2017 para obtenção e avaliação em um mesmo ambiente de cultivos, avaliando-se P1, P2, F1, F2, RC1 (F1 x P1) e RC2 (F1 x P2) dos cruzamentos entre BRS AG x Arbório e Arbório x BRS AG. Onde a cultivar BRS AG possui baixa capacidade de emitir afilhos, peso de panícula elevado e comprimento de panícula médio. Já a cultivar Arbório caracteriza-se por apresentar capacidade intermediária de emissão de afilhos, peso de panícula intermediário e comprimento de panícula curto.

A execução desses cruzamentos e a condução dessas gerações em um mesmo ambiente de cultivo foram realizadas nos agrícola de 2014/2015 ao 2016/2017 na Estação Experimental Terras Baixas, pertencente a Embrapa Clima Temperado, localizada nas coordenadas geográficas, 31°48'49" de latitude Sul e 52°28'20" de longitude Oeste, no município do Capão do Leão, no estado do Rio Grande do Sul. Esses procedimentos foram conduzidos conforme a descrição do material e métodos do experimento I.

O delineamento experimental utilizado foi o inteiramente casualizado, sendo as repetições constituídas conforme o número de plantas avaliadas em cada geração. As sementes de cada geração (P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2) foram colhidas de forma manual e individual, em seguida foram acondicionados em um secador de grãos para redução da umidade. Posteriormente foram realizados os processos de trilha manual e as avaliações, as quais foram executadas em cada uma das plantas colhida em cada geração.

Os caracteres avaliados foram: número de panícula por planta (NPP), peso de panícula (PP) e comprimento de panícula (CP). Os procedimentos de avaliação para cada caráter foram: NPP: foi realizado antes da trilha manual uma contagem de todas as panículas da planta; PP: foi determinado através da pesagem aleatória de cinco panículas da planta, em uma balança analítica, sendo essa variável expressa em gramas (g) e CP: foi definido por meio da mensuração com um régua da distância entre o ponto de inserção da primeira ramificação até a extremidade superior da panícula, sendo realizado aleatoriamente em cinco panículas por planta. Essa variável foi expressa em centímetros (cm).

A partir da análise das variâncias das gerações P1, P2, F1, F2, RC_{P1} e RC_{P2} foram obtidas as seguintes estimativas para os caracteres número de panículas por plantas (NPP), peso de panícula (PP) e comprimento de panícula (CP) em arroz: variância fenotípica: $\hat{\sigma}_F^2 = \hat{\sigma}_{F2}^2$; variância de ambiente: $\hat{\sigma}_E^2 = [(\hat{\sigma}_{P1}^2 + 2\hat{\sigma}_{F1}^2 + \hat{\sigma}_{P2}^2)/4]$; variância genotípica: $\hat{\sigma}_G^2 = \hat{\sigma}_F^2 - \hat{\sigma}_E^2$; variância aditiva: $\hat{\sigma}_A^2 = 2\hat{\sigma}_{F2}^2 - (\hat{\sigma}_{RCP1}^2 + \hat{\sigma}_{RCP2}^2)$; variância de dominância: $\hat{\sigma}_D^2 = \hat{\sigma}_G^2 - \hat{\sigma}_A^2$; herdabilidade no sentido amplo: $\hat{h}_A^2 = \hat{\sigma}_G^2 / \hat{\sigma}_F^2$ e herdabilidade no sentido restrito: $\hat{h}_R^2 = \hat{\sigma}_A^2 / \hat{\sigma}_F^2$.

As estimativas das herdabilidades no sentido amplo e restrito foram classificadas de acordo com Cargnelutti Filho; Storck (2007), conforme a Tabela 5.1.

Tabela 5.1. Classificação da herdabilidade segundo Cargnelutti Filho; Storck (2007).

Classificação	Herdabilidade (%)
Muito alta	$\geq 81,0$
Alta	$\geq 49,0$ a $< 81,0$
Moderada	$\geq 25,0$ a $< 49,0$
Baixa	$< 25,0$

Para a predição de ganhos por seleção, obtida pela análise das variâncias das gerações, foi considerada a seleção de 10% das melhores plantas da população F2. O ganho esperado, considerando-se a seleção e a recombinação dos indivíduos superiores na população F2, foi estimado pela expressão: $\Delta G = DS \times \hat{h}_R^2$; onde: DS = Diferencial de seleção, que é igual a $\bar{X}_s - \bar{X}_0$, sendo $\bar{X}_s$ = corresponde à média das plantas F2 selecionadas, $\bar{X}_0$ = corresponde à média da população original das plantas F2 e $\hat{h}_R^2$ = herdabilidade no sentido restrito.

O cálculo da estimativa do grau médio de dominância (GMD), o qual torna possível analisar a magnitude e a direção dos desvios, foi estimado por meio de:

$$GMD = k = \frac{2\bar{F1} - (\bar{P1} + \bar{P2})}{\bar{P1} - \bar{P2}}$$

onde: $\bar{P1}$ e $\bar{P2}$, são as medidas dos genitores P1 e P2 e $\bar{F1}$ é a media da geração F1.

Sendo a classificação do grau médio de dominância (GMD) conforme a Tabela 5.2 abaixo, para determinar o tipo de interação intra-alélica (CRUZ et al., 2012).

Tabela 5.2. Classificação do tipo de interação intra-alélica sobre o caráter quanto grau médio da dominância (GMD).

Grau médio da dominância (GMD)	Tipo de interação intra-alélica
1 (d = a)	Dominância completa
0 (d = a)	Ausência de dominância
> 1 (d > a)	Sobredominância
< 1 (d < a)	Dominância parcial

a: efeito gênico aditivo. d: desvios de dominância.

A estimativa do número de genes (η) para os caracteres em análise foram feitos utilizando a fórmula abaixo:

$$\eta = \frac{A^2(1 + 0,5k^2)}{8\hat{\sigma}_g^2}$$

sendo: A é a amplitude total na população F2, k é o grau médio de dominância e $\hat{\sigma}_g^2$ é variância genética.

As análises dos parâmetros genéticos das gerações foram avaliadas levando-se em conta tanto o modelo completo (m, a, d, aa, ad, dd) calculado por meio do método de mínimos quadrados ponderados, quanto ao modelo aditivo-dominante (m, a, d) como descrito por Mather; Jinks (1984) e Cruz et al. (2012). Para testar a hipótese de efeito materno, efetuou-se a comparação entre as médias pelo teste t a 5% de significância para os contrastes P1 x P2, P2 x P1, P1 x F1, P2 x F1 recíproco, F1 x F1 recíproco e F2 x F2 recíproco. Todas as análises foram realizadas com o auxílio do aplicativo computacional em genética e estatística, GENES (CRUZ, 2013; CRUZ, 2016).

5.3. Resultados e discussões

Foram detectadas diferenças significativas mediante a análise de variância, para os parâmetros número de panículas por plantas, peso de panícula e comprimento de panícula em arroz, a partir dos cruzamentos entre BRS AG X Arbório e Arbório X BRS AG (Tabela 5.3). Assim, há evidências de variabilidade genética para esses caracteres entre os genitores BRS AG e Arbório utilizados nesse estudo e as gerações F1, F1 recíproco, F2 e F2 recíproco, em cada combinação híbrida.

Tabela 5.3. Análise de variância para os parâmetros número de panículas por plantas (NPP), peso de panícula (PP) e comprimento de panícula (CP) em arroz, considerando os genitores (P1 e P2) e as gerações F1 e F2, obtidas nos cruzamentos entre BRS AG X Arbório e Arbório X BRS AG.

Fonte de Variação	BRS AG X Arbório				Arbório X BRS AG			
	Quadrado Médio				Quadrado Médio			
	GL	NPP	PP	CP	GL	NPP	PP	CP
Tratamentos	3	125,03**	18,28**	178,33**	3	110,83**	8,71**	116,99**
Resíduo	199	7,56	0,53	1,90	179	7,10	0,40	2,32
Total	202				182			
Média		7,79	4,48	21,40		8,95	4,10	20,75
CVe (%)		35,28	16,18	6,44		29,79	15,38	7,34
CVg (%)		24,54	16,60	10,95		21,19	13,08	9,61
CVg/CVe		0,69	1,03	1,70		0,71	0,85	1,31

GL = graus de liberdade. CVe = coeficiente de variação ambiental. CVg = coeficiente de variação genético. **: Significativo pelo teste F a 1% de probabilidade de erro.

Em ambos cruzamentos entre os parâmetros analisados, o caráter número de panículas por plantas (NPP) apresentou maior coeficiente de variação genético, seguido por peso de panícula (PP) e por fim, comprimento de panícula (CP).

A razão entre o coeficiente de variação genético e o ambiental (CVg/CVe) pode ser empregada como um índice indicativo do grau da facilidade de seleção dos genótipos para cada caráter, indicando que se pode obter, na seleção de genótipos superiores, ganhos genéticos mais expressivos (LEITE et al., 2016). Assim, quando essa razão resulta em um valor igual ou maior do que 1,0, a situação é mais favorável à seleção (MISTRO et al., 2007), devido a maior expressão da variabilidade genética.

Dessa maneira, evidencia-se a possibilidade de obtenção de satisfatório ganho genético de seleção para esses caracteres, consequentemente o desenvolvimento de

linhagens de arroz que apresentam potencial genético superior para os caracteres de peso e comprimento de panícula e número de panículas por planta.

As médias e as variâncias obtidas nas avaliações de número de panículas por plantas (NPP), peso de panícula (PP) e comprimento de panícula (CP) para os cruzamentos entre BRS AG x Arbório e Arbório x BRS AG e suas respectivas gerações, estão apresentadas na Tabela 5.4. Sendo demonstrado que esses genitores adotados nesse estudo são divergentes com relação aos parâmetros avaliados.

Tabela 5.4. Número de plantas avaliadas (N), médias (X) e variâncias ($\hat{\sigma}^2$) a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 para os parâmetros número de panículas por plantas (NPP), peso de panícula (PP) e comprimento de panícula (CP) em arroz, dos cruzamentos entre BRS AG X Arbório e Arbório X BRS AG.

Geração	BRS AG X Arbório						
	N	NPP		PP		CP	
		x	$\hat{\sigma}^2$	x	$\hat{\sigma}^2$	x	$\hat{\sigma}^2$
P ₁ ♀(BRS AG)	20	6,00	2,00	5,61	0,17	24,90	0,17
P ₂ ♂(Arbório)	20	10,45	3,63	3,32	0,08	17,72	0,26
F ₁	20	10,40	3,83	4,82	0,13	22,35	0,64
F ₂	143	7,31	9,33	4,43	0,68	21,29	2,52
RC ₁ (F ₁ ♀ X P ₁ ♂)	29	7,52	8,26	5,09	0,70	22,91	1,89
RC ₂ (F ₁ ♀ X P ₂ ♂)	24	10,75	9,59	3,68	0,24	21,08	2,43

Geração	Arbório X BRS AG						
	N	NPP		PP		CP	
		x	$\hat{\sigma}^2$	x	$\hat{\sigma}^2$	x	$\hat{\sigma}^2$
P ₁ ♀(Arbório)	20	11,65	4,13	3,13	0,13	17,50	0,30
P ₂ ♂(BRS AG)	20	6,10	1,04	4,56	0,15	23,15	0,70
F ₁	14	10,21	3,26	4,54	0,07	22,09	0,82
F ₂	129	8,83	8,83	4,13	0,51	20,73	3,01
RC ₁ (F ₁ ♀ X P ₁ ♂)	24	11,04	8,74	4,21	0,27	20,21	2,18
RC ₂ (F ₁ ♀ X P ₂ ♂)	62	7,53	6,19	4,93	0,46	21,97	2,45

PP: em gramas. CP: em centímetros.

As estimativas das médias dos caracteres, número de panículas por planta, variaram de 6,0 a 6,1 e de 10,45 a 11,65 panículas, o peso de panícula oscilaram 4,56 g a 5,61 g e de 3,13 g a 3,32 g, e para o comprimento de panícula variaram 23,15 cm a 24,90 cm e de 17,50 cm a 17,72 cm nos genitores BRS AG e Arbório,

respectivamente. Esses resultados, em relação ao genitor BRS AG corroboram com Magalhães Jr. et al. (2017), que obtiveram valores para o comprimento médio de panícula de 23 cm e baixo perfilhamento, e com Franco et al. (2016) quanto peso de panícula. No que se refere ao genitor Arbório, os resultados equivalem aos obtidos por Ansari et al. (2004) e por Gevrek (2012). Assim como, especificado por Streck et al. (2017) que relataram divergências genéticas entre esses genótipos de arroz.

Em todos os caracteres analisados nos cruzamentos entre BRS AG X Arbório e no recíproco, as gerações F2 e os retrocruzamentos apresentaram estimativas das variâncias fenotípicas superiores as gerações dos genitores e ao F1. Esses resultados eram esperados devido a fatores de ordem genética, pois a geração F2 e o retrocruzamento possuem elevado grau de segregação, consequentemente maior variação na expressão dos caracteres. As gerações F1 e F2 apresentaram para todas as variáveis estudadas, de modo geral, médias intermediárias aos genitores BRS AG e Arbório. Do mesmo modo que, os retrocruzamentos demonstraram médias dentro do que era esperado, considerando o genitor utilizado como recorrente.

As estimativas e a significância da hipótese de nulidade de cada parâmetro do modelo completo envolvendo interações alélicas e epistáticas (m, a, d, aa, ad, dd) para os caracteres número de panículas por plantas (NPP), peso de panícula (PP) e comprimento de panícula (CP) em arroz, encontram-se na Tabela 5.5. Sendo relevante para percepção e compreensão mais abrangente dos fatores e magnitudes dos componentes genéticos, que atuam de modo expressivo no controle desses caracteres.

Dessa forma, pode-se observar que o parâmetro média (m), apenas não foi significativa para o caráter número de panículas por plantas (NPP) no cruzamento entre BRS AG x Arbório, porém apresentou a maior estimativa para peso de panícula (PP) e comprimento de panícula (CP) nesse cruzamento, assim como, nos caracteres NPP e CP no recíproco. O desvio da dominância (d) demonstrou a maior variância em todos os caracteres analisados, além da maior estimativa para os caracteres NPP no cruzamento entre BRS AG x Arbório e para o PP no cruzamento Arbório x BRS AG, no entanto, nos seus respectivos cruzamentos recíprocos esse efeito gênico não foi significativo nesses caracteres.

Tabela 5.5. Teste de significância da hipótese de nulidade dos parâmetros genéticos estimados a partir do modelo completo, com base nas médias dos caracteres número de panículas por plantas (NPP), peso de panícula (PP) e comprimento de panícula (CP) em arroz, obtidas a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 dos cruzamentos entre BRS AG X Arbório e Arbório X BRS AG.

BRS AG X Arbório							
Parâmetros	GL	NPP		PP		CP	
		Estimativa	Variância	Estimativa	Variância	Estimativa	Variância
m	231	0,92 ^{ns}	3,85	4,65**	0,22	18,48**	0,95
a	38	-2,23**	0,07	1,14**	0,003	3,59**	0,01
d	250	16,07**	29,63	-1,03 ^{ns}	1,57	7,36**	7,21
aa	193	7,30**	3,78	-0,19 ^{ns}	0,21	2,83**	0,95
ad	89	-2,02 ^{ns}	3,02	0,53 ^{ns}	0,15	-3,53**	0,69
dd	250	-6,59 ^{ns}	13,04	1,20 ^{ns}	0,66	-3,49*	3,10

Arbório X BRS AG							
Parâmetros	GL	NPP		PP		CP	
		Estimativa	Variância	Estimativa	Variância	Estimativa	Variância
m	250	7,04**	3,02	2,10**	0,141	18,89**	0,91
a	38	2,78**	0,06	-0,72**	0,004	-2,82**	0,01
d	263	3,97 ^{ns}	21,89	5,69**	0,957	4,19 ^{ns}	6,37
aa	212	1,83 ^{ns}	2,95	1,74**	0,137	1,44 ^{ns}	0,90
ad	122	1,47 ^{ns}	2,11	-0,003 ^{ns}	0,088	2,12**	0,57
dd	263	-0,80 ^{ns}	9,71	-3,25**	0,395	-0,99 ^{ns}	2,75

m, média das linhagens homozigóticas derivadas de F2; a, medida do efeito gênico aditivo; d, medida dos desvios de dominância; aa, medida das interações gênicas aditiva x aditiva; ad, medida das interações gênicas aditiva x dominante; dd, medida das interações gênicas dominante x dominante. GL: Grau de liberdade. * e **: Significativo a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste t. ns: não significativo. PP: em gramas. CP: em centímetros.

Entre os efeitos genéticos epistáticos aditivo-aditivo (aa), aditivo-dominante (ad) e dominante-dominante (dd), verifica-se que somente o efeito aditivo-dominante (ad) foi significativo em ambos os cruzamentos estudados e apenas para o caráter comprimento da panícula (CP). Apesar disso, o parâmetro ad demonstrou baixa estimativa, expressando valores significativos menores que os parâmetros m e a no cruzamento entre Arbório x BRS AG, e no cruzamento recíproco, inferior aos parâmetros m, d e a, o que indica que os efeitos epistáticos não foram os mais importantes no controle genético dos caracteres avaliados.

O efeito gênico aditivo (a) foi o único parâmetro que apresentou significância para todas as variáveis analisadas em ambos cruzamentos, sendo uma constatação importante da influência desse efeito na determinação do controle genéticos dos caracteres NPP, PP e CP. Kacharabhai (2015), também obteve significância do efeito

aditivo para os caracteres número de panículas por planta e comprimento panícula em quatro cruzamentos em arroz, nesse trabalho não foi avaliado o caráter peso de panícula. Amela et al. (2008), avaliaram os parâmetros genéticos para o comprimento da panícula em arroz e concluíram que o efeito genético aditivo foi o mais importante no controle genético desse caráter. Roy; Senapati (2011), relataram a importância dos efeitos gênicos aditivos na determinação desses caracteres.

A partir do coeficiente de determinação (R^2) da decomposição não ortogonal da soma de quadrados para os parâmetros (m, a, d, aa, ad, dd), se obtém informações da importância de um particular efeito genético desses parâmetros sobre a variabilidade disponível dos caracteres em estudo (Tabela 5.6).

Tabela 5.6. Decomposição não ortogonal da soma de quadrados (SQ) de parâmetros (m, a, d, aa, ad, dd), pelo método de eliminação de Gauss, para os caracteres número de panículas por planta (NPP), peso de panícula (PP) e comprimento de panícula (CP) obtidos a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 dos cruzamentos entre BRS AG X Arbório e Arbório X BRS AG.

Fonte de Variação	BRS AG X Arbório					
	NPP		PP		CP	
	SQ	R ² (%)	SQ	R ² (%)	SQ	R ² (%)
m/a, d, aa, ad, dd	0,22	0,23	100,07	19,50	357,99	12,90
a/m, d, aa, ad, dd	70,36	71,74	408,12	79,54	2379,45	85,73
d/m, a, aa, ad, dd	8,71	8,88	0,67	0,13	7,52	0,27
aa/m, a, d, ad, dd	14,11	14,39	0,16	0,03	8,43	0,31
ad/m, a, d, aa, dd	1,35	1,37	1,92	0,37	18,08	0,65
dd/m, a, d, aa, ad	3,33	3,39	2,17	0,43	3,94	0,14
Total	98,07		513,12		2775,41	

Fonte de Variação	Arbório X BRS AG					
	NPP		PP		CP	
	SQ	R ² (%)	SQ	R ² (%)	SQ	R ² (%)
m/a, d, aa, ad, dd	16,46	11,89	31,28	12,07	392,63	37,65
a/m, d, aa, ad, dd	119,01	85,98	145,30	56,05	637,00	61,08
d/m, a, aa, ad, dd	0,72	0,52	33,81	13,04	2,76	0,26
aa/m, a, d, ad, dd	1,14	0,82	22,18	8,56	2,30	0,22
ad/m, a, d, aa, dd	1,02	0,74	0,01	0,01	7,87	0,75
dd/m, a, d, aa, ad	0,07	0,05	26,64	10,27	0,36	0,03
Total	138,41		259,22		1042,93	

m: média das linhagens homozigóticas derivadas de F2; a: medida do efeito gênico aditivo; d: medida dos desvios da dominância; aa: medida das interações aditiva x aditiva; ad: medida das interações aditiva x dominante; dd: medida das interações dominante x dominante. PP: em gramas. CP: em centímetros.

Dessa maneira, pode-se verificar nos dois cruzamentos realizados que o efeito genético aditivo (a) apresentou a maior magnitude entre os parâmetros, consequentemente o fator mais importante na determinação gênica dos caracteres número de panículas por planta (NPP), peso de panícula (PP) e comprimento de panícula (CP) em arroz. Este fato evidencia a possibilidade de seleção nas populações segregantes provenientes de F₂, e que a predição dos ganhos genéticos com os ciclos de seleção serão satisfatórios, uma vez que o componente de natureza aditiva é de elevada magnitude. Proporcionando assim, o desenvolvimento de linhagens com elevado potencial genético para a produtividade, pois esses caracteres analisados são diretamente relacionados com os componentes do rendimento de grãos para a cultura do arroz.

As interações epistáticas aditiva-aditiva (aa), aditiva-dominante (ad) e dominante-dominante (dd), de modo geral, apresentaram pouca influência genética nas médias para a determinação dos caracteres analisados. Sendo que as estimativas mais expressivas foram observadas em relação aos efeitos das interações aa para o caráter número de panículas por planta (NPP) com uma contribuição de 14,39% e devido as interações dd no caráter peso de panícula (PP) com influência de 10,27% na média, nas combinações híbridas entre BRS AG X Arbório e Arbório X BRS AG, respectivamente. Kacharabhai (2015), dos quatros cruzamentos que realizou em arroz três apresentaram significância e pequena magnitude do efeito epistático aditivo-aditivo (aa) para o caráter número de panículas por planta.

As magnitudes dos componentes genéticos que controlam os caracteres, podem ser também avaliadas através do modelo reduzido aditivo-dominante que, além de mais simples, tem sido rotineiramente utilizado nos programas de melhoramento genético, pois fornece informações indispensáveis na avaliação da eficiência de métodos empregados e do êxito dos mesmos (CRUZ et al., 2012).

Assim, as estimativas, as variâncias e a significância da hipótese de nulidade de cada parâmetro do modelo reduzido aditivo-dominante para os caracteres número de panículas por planta (NPP), peso de panícula (PP) e comprimento de panícula (CP) são apresentadas na Tabela 5.7.

Em ambos cruzamentos para todos os caracteres avaliados, a média (m) foi o parâmetro que obteve a maior estimativa, o efeito gênico devido à dominância (d) demonstrou a maior variância e todos os parâmetros estimados diferiram

significativamente de zero, a 1% de probabilidade pelo teste t, com exceção do desvio dominância (d) que não foi significativo no caráter número de panículas por planta (NPP) no cruzamento entre Arbório X BRS AG.

Tabela 5.7. Teste de significância da hipótese de nulidade dos parâmetros genéticos estimados a partir do modelo aditivo-dominante, referente as médias dos caracteres número de panículas por planta (NPP), peso de panícula (PP) e comprimento de panícula (CP) obtida a partir P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 dos cruzamentos entre BRS AG X Arbório e Arbório X BRS AG.

Parâmetros	BRS AG X Arbório						
	GL	NPP		PP		CP	
		Estimativa	Variância	Estimativa	Variância	Estimativa	Variância
m	250	7,77**	0,059	4,40**	0,003	21,27**	0,005
a	250	-2,17**	0,063	1,16**	0,003	3,54**	0,005
d	250	1,33**	0,228	0,26**	0,009	0,79**	0,029

Parâmetros	Arbório X BRS AG						
	GL	NPP		PP		CP	
		Estimativa	Variância	Estimativa	Variância	Estimativa	Variância
m	263	8,76**	0,055	3,90**	0,003	20,21**	0,01
a	263	2,78**	0,054	-0,74**	0,003	-2,70**	0,01
d	263	0,79 ^{ns}	0,218	0,73**	0,009	1,52**	0,05

GL: Grau de liberdade. m: média das linhagens homozigóticas derivadas de F2; a: medida do efeito gênico aditivo; d: medida dos desvios da dominância. **:Significativo a 1% de probabilidade pelo teste t. ns: não significativo. PP: em gramas. CP: em centímetros.

A avaliação da adequação desse modelo aditivo-dominante na capacidade de explicar o comportamento da média das gerações (P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2) e consequentemente os efeitos gênicos envolvidos na herança dos caracteres, pode ser feita através da correlação entre as médias observadas e os valores estimados.

Essas estatísticas são apresentadas na Tabela 5.8, onde se verifica que o modelo aditivo-dominante possibilita a obtenção de médias preditas que se correlacionam com as médias observadas em magnitude elevadas em relação aos caracteres analisados. Apresentando correlações entre 0,9088 a 0,9849 para número de panículas por planta (NPP), de 0,9452 a 0,9852 para peso de panícula (PP) e de 0,9707 a 0,9836 para o comprimento de panícula (CP), o que corresponde aos coeficientes de determinação (R^2) para os caracteres, NPP entre 82,59% a 97,01%, PP de 89,34% a 97,07% e CP de 94,23% a 96,74%. De acordo com Rocha et al. (2009), coeficientes de correlações próximos da unidade indicam uma alta precisão do modelo

aditivo-dominante para as variáveis em estudo, propiciando veracidade nas estimativas dos efeitos gênicos que são preponderantes nos caracteres número de panículas por planta, peso de panícula e comprimento de panícula em arroz.

Tabela 5.8. Médias observadas (Y) e estimadas ($\hat{Y}$) para os caracteres número de panículas por planta (NPP), peso de panícula (PP) e comprimento de panícula (CP) obtidos a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 dos cruzamentos entre BRS AG X Arbório e Arbório X BRS AG.

BRS AG X Arbório						
Geração	NPP		PP		CP	
	Y	Ŷ	Y	Ŷ	Y	Ŷ
P ₁ ♀(BRS AG)	6,00	5,60	5,61	5,56	24,90	24,81
P ₂ ♂(Arbório)	10,45	9,95	3,32	3,24	17,72	17,73
F ₁	10,40	9,10	4,82	4,66	22,35	22,06
F ₂	7,31	8,43	4,43	4,53	21,29	21,67
RC ₁ (F1♀ X P1♂)	7,52	7,35	5,09	5,11	22,91	23,44
RC ₂ (F1♀ X P2♂)	10,75	9,52	3,68	3,95	21,08	19,90
r (Y,Ŷ)	0,9088		0,9852		0,9707	
R ² (%)	82,59		97,07		94,23	
Arbório X BRS AG						
Geração	NPP		PP		CP	
	Y	Ŷ	Y	Ŷ	Y	Ŷ
P ₁ ♀(Arbório)	11,65	11,54	3,13	3,16	17,50	17,51
P ₂ ♂(BRS AG)	6,10	5,98	4,56	4,65	23,15	22,91
F ₁	10,21	9,55	4,54	4,63	22,09	21,73
F ₂	8,83	9,16	4,13	4,27	20,73	20,97
RC ₁ (F1♀ X P1♂)	11,04	10,55	4,21	3,89	20,21	19,62
RC ₂ (F1♀ X P2♂)	7,53	7,76	4,93	4,64	21,97	22,32
r (Y,Ŷ)	0,9849		0,9452		0,9836	
R ² (%)	97,01		89,34		96,74	

PP: em gramas. CP: em centímetros.

A utilização do modelo genético reduzido aditivo-dominante foi satisfatória para explicar o comportamento da média das gerações, em relação aos caracteres em estudo. Observou-se que a variabilidade genética aditiva (Tabela 5.9), presente em F₂, é relativamente superior à atribuída aos desvios da dominância para os caracteres número de panículas por planta (NPP), peso de panícula (PP) e comprimento de panícula (CP). Logo, o prosseguimento do programa de melhoramento com esses

cruzamentos possibilitará a obtenção de ganhos genéticos para esses caracteres, a partir de seleções na geração F2.

De acordo com os resultados mencionados, tanto o modelo genético completo (m, a, d, aa, ad, dd) quanto o reduzido aditivo-dominante (m, a, d) foram apropriados da herança dos caracteres número de panículas por planta (NPP), peso de panícula (PP) e comprimento de panícula (CP), sendo o efeito aditivo o mais importante na determinação desses caracteres.

Tabela 5.9. Decomposição não ortogonal da soma de quadrados dos parâmetros (m, a, d) pelo método de eliminação de Gauss, com base nas médias dos caracteres número de panículas por planta (NPP), peso de panícula (PP) e comprimento de panícula (CP) obtidos a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 dos cruzamentos entre BRS AG X Arbório e Arbório X BRS AG.

Fonte de Variação	BRS AG X Arbório					
	NPP		PP		CP	
	SQ	R ² (%)	SQ	R ² (%)	SQ	R ² (%)
m/a, d	1020,68	92,52	7077,74	93,72	89214,41	97,36
a/m, d	74,83	6,78	466,34	6,18	2401,42	2,62
d/m, a	7,71	0,70	7,29	0,10	21,79	0,02
Total	1103,22		7551,37		91637,63	

Fonte de Variação	Arbório X BRS AG					
	NPP		PP		CP	
	SQ	R ² (%)	SQ	R ² (%)	SQ	R ² (%)
m/a, d	1400,86	90,58	5439,87	95,63	37392,65	98,15
a/m, d	142,75	9,24	187,33	3,29	663,45	1,74
d/m, a	2,85	0,18	61,28	1,08	42,51	0,11
Total	1546,46		5688,48		38098,61	

m: média das linhagens homozigóticas derivadas de F2; a: medida do efeito gênico aditivo; d: medida dos desvios da dominância. PP: em gramas. CP: em centímetros.

Os ganhos genéticos preditos para o primeiro ciclo de seleção dos caracteres número de panículas por planta (NPP), peso de panícula (PP) e comprimento de panícula (CP) provenientes dos cruzamentos entre BRS AG X Arbório e Arbório X BRS AG, são demonstrados na Tabela 5.10.

Tabela 5.10. Predição de ganhos genético com a seleção de 10% dos melhores indivíduos (Plantas) para os caracteres número de panículas por planta (NPP), peso de panícula (PP) e comprimento de panícula (CP) em arroz, nos cruzamentos entre BRS AG X Arbório e Arbório X BRS AG.

Parâmetros	BRS AG X Arbório			Arbório X BRS AG		
	NPP	PP	CP	NPP	PP	CP
Número de indivíduos selecionados	14	14	14	12	12	12
Média original da população F2	7,31	4,43	21,29	8,83	4,13	20,73
Média dos indivíduos selecionados	13,36	5,71	24,49	14,58	5,55	23,63
Diferencial de seleção (DS)	6,05	1,28	3,20	5,75	1,42	2,90
Ganho por seleção (ΔG)	0,52	0,81	0,90	1,78	0,81	1,34
Ganho por seleção ($\Delta G\%$)	7,11	18,28	4,23	20,16	19,61	6,46
Média predita para o 1º ciclo de seleção	7,83	5,24	22,19	10,61	4,94	22,07

PP: em gramas. CP: em centímetros.

No cruzamento entre BRS AG X Arbório a população F2 apresentou médias de 7,31 panículas para o caráter número de panículas por planta (NPP), 4,43 g para o peso de panícula (PP) e 21,29 cm para o comprimento de panícula (CP). Com uma pressão de seleção de 10% em F2, o que corresponde a seleção das 14 melhores plantas, haverá um potencial de aumento de 6,05 panículas, 1,28 g e 3,20 cm, o que representa um acréscimo de 7,11%, 18,28% e 4,23% para os caracteres NPP, PP e CP, respectivamente. Assim, a média predita da população F3 será de 7,83 panículas no caráter NPP, 5,24 g para o PP e 22,19 para o CP.

As médias obtidas em F2 no cruzamento entre Arbório X BRS AG nos caracteres NPP, PP e CP foram 8,83 panículas, 4,13 g, 20,73 cm, respectivamente. Selecionando as 12 melhores plantas, ou seja, uma intensidade de seleção de 10%, terá uma capacidade de aumento de 5,75 panículas, 1,42 g e 2,90 cm, o que equivale a um ganho de seleção de 20,16%, 19,61% e 6,46% para os caracteres NPP, PP e CP, respectivamente. Dessa forma, a geração F3 apresentará médias de 10,61 panículas, 4,94 g e 22,07 cm para NPP, PP e CP, respectivamente.

A estimativa e a decomposição dos componentes da variância fenotípica em ambiente e genotípica, e essa em variância genética aditiva e de dominância. Assim como, as herdabilidades no sentido amplo e restrito são fundamentais para o melhorista, pois auxiliam na determinação dos cruzamentos mais promissores, na definição e condução do método de melhoramento mais apropriado e consequentemente na obtenção de maiores ganhos genéticos com a seleção.

Desse modo, pode-se observar na Tabela 5.11, para todos os caracteres analisados em ambos cruzamentos, que a maior parte da variância fenotípica é procedentes de fatores de ordem genética e que há menor influência dos fatores de ambiente sobre os caracteres. Demonstrando assim, a existência de variabilidade genética para os caracteres avaliados. Sendo que a variância genética aditiva predominou em comparação à dominância, para o caráter peso de panícula em ambos cruzamentos e para o comprimento de panícula no cruzamento entre Arbório x BRS AG. Já o oposto ocorreu para o número de panículas por planta em ambos cruzamentos e no comprimento de panícula na combinação híbrida entre BRS AG x Arbório.

Tabela 5.11. Estimativas das variâncias fenotípica, genotípica, aditiva, de dominância e de ambiente, das herdabilidades no sentido amplo e restrito, do grau médio de dominância e do número de genes que controlam os caracteres número de panículas por planta (NPP), peso de panícula (PP) e comprimento de panícula (CP), obtidas a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 nos cruzamentos entre BRS AG X Arbório e Arbório X BRS AG.

Parâmetros	BRS AG X Arbório			Arbório X BRS AG		
	NPP	PP	CP	NPP	PP	CP
Variância fenotípica	9,33	0,68	2,52	8,83	0,51	3,01
Variância de genotípica	6,01	0,55	2,09	5,91	0,40	2,35
Variância de ambiente	3,32	0,13	0,43	2,92	0,11	0,66
Variância aditiva	0,81	0,43	0,71	2,74	0,29	1,39
Variância de dominância	5,20	0,12	1,38	3,17	0,11	0,96
Herdabilidade no sentido amplo (%)	64,41	80,88	82,93	66,93	78,43	78,07
Herdabilidade no sentido restrito (%)	8,68	63,23	28,17	31,03	56,86	46,18
Grau médio de dominância (GMD)	0,97	0,31	0,29	0,48	0,97	0,62
Nº de genes que controlam o caráter	22	6	10	8	6	8

PP: em gramas. CP: em centímetros.

As estimativas dos coeficientes de herdabilidade no sentido amplo, o qual mensura a proporção relativa entre os efeitos genotípicos e os de ambiente na expressão fenotípica das características (SOUZA, 2017), foram de magnitude muito alta para o comprimento de panícula no cruzamento entre BRS AG x Arbório e para os demais caracteres avaliados em cada cruzamento apresentaram alta estimativa da herdabilidade. Esses resultados conforme a Tabela 5.11, são semelhantes aos obtidos por Govintharaj et al. (2016) e Mamata et al. (2018) para o caráter número de panículas por planta. Quanto aos caracteres peso e comprimento de panícula

equivalem as estimativas apresentadas por Hefena et al. (2016), ao analisarem oitos cruzamentos em arroz obtiveram uma herdabilidade média de 80,98 % e 71,56 %, respectivamente.

Com relação, a herdabilidade no sentido restrito, parâmetro que reflete a proporção da variância aditiva no contexto da variação fenotípica, ou seja, a parte da variação genética que é transmitida aos descendentes (HENRIQUES et al., 2017), demonstrou magnitudes altas para o caráter peso de panícula, moderadas para o comprimento de panícula em ambos cruzamentos e no número de panículas por plantas no cruzamento entre Arbório x BRS AG. Porém, esse caráter no recíproco apresentou baixa herdabilidade.

A partir da estimativa do grau médio de dominância (GMD) com base nas médias, que expressa a posição relativa entre o valor genotípico do heterozigoto, ou seja, da população F1 e o valor médio genotípico dos homozigotos, isto é, dos genótipos utilizados nos cruzamentos (CRUZ et al., 2012), foram constatadas dominâncias parciais em todos os caracteres mensurados. O desvio da dominância ocorreu no sentido da expressão fenotípica de maior magnitude para o caráter, onde o número de panículas por planta direcionou-se ao genitor Arbório, diferentemente dos caracteres peso e comprimento de panícula que direcionaram-se ao genitor BRS AG. Amela et al. (2008), Dar et al. (2014) e Souleymane et al. (2017) relataram dominância parcial para os caracteres comprimento de panícula, número de panículas por planta e peso de panícula em arroz, respectivamente.

O número de genes que controlam os caracteres analisados, conforme as estimativas, variaram de 8 a 22 genes para o número de panículas por planta, de 8 a 10 genes para o comprimento de panícula e de 6 genes para o peso de panícula, não havendo variação na estimativa. Estes valores não devem ser tomados de forma absoluta, Cruz et al. (2012), sugerem cautela em interpretar as estimativas do número de genes que controlam o caráter, porém, relatam sua importância como indicativo da natureza poligênica ou monogênica no controle do caráter. Assim, pode-se constatar que a herança genética dos caracteres NPP, PP e CP são poligênica ou quantitativa.

Na Tabela 5.12 são apresentados os resultados dos testes de significância entre as médias dos contrastes das gerações, para os caracteres número de panículas por planta (NPP), peso de panícula (PP) e comprimento de panícula (CP). Com a finalidade de verificar a existência de efeito materno na expressão fenotípica desses caracteres.

Tabela 5.12. Teste de significância entre as médias dos contrastes P1 x P2, P2 x P1, P1 x F1, P2 x F1 recíproco, F1 x F1 recíproco e F2 x F2 recíproco, para os caracteres número de panículas por planta (NPP), peso de panícula (PP) e comprimento de panícula (CP) em arroz, nos cruzamentos entre BRS AG X Arbório e Arbório X BRS AG.

Contrastes	Diferenças entre as médias		
	NPP	PP	CP
BRS AG (P1♀) X Arbório (P2♂)	4,45**	2,29**	7,18**
Arbório (P2♀) X BRS AG (P1♂)	5,55**	1,43**	5,65**
BRS AG (P1♀) X F1	4,40**	0,79**	2,55**
Arbório (P2♀) X F1 recíproco	1,44*	1,41**	4,59**
F1 X F1 recíproco	0,19 ^{ns}	0,28 ^{ns}	0,26 ^{ns}
F2 X F2 recíproco	1,52 ^{ns}	0,30 ^{ns}	0,56 ^{ns}

*e**: Significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste t. ns: não significativo.

Dessa forma, pode-se constatar através das diferenças entre as médias para todos os caracteres analisados, que houve significância estatística entre os contrastes BRS AG x Arbório, Arbório x BRS AG, BRS AG x F1 e Arbório x F1 recíproco. Demonstrando assim, que genitores utilizados no estudo são divergentes geneticamente quanto aos caracteres avaliados e a ausência do efeito materno através dos contrastes entre os genitores e seus respectivos F1.

De acordo com, Baldissera et al. (2012), se houver efeitos citoplasmáticos, ou seja, herança materno no caráter os resultados dos cruzamentos recíprocos serão diferentes, em que o fenótipo dos descendentes será influenciado pelo genitor feminino que contribuiu com o citoplasma. Assim, pode-se deduzir que não há efeito materno para os caracteres número de panículas por planta, peso de panícula e comprimento de panícula em arroz, pois os contrastes dos F1 e F2 com suas gerações recíprocas não apresentaram diferenças significativas.

5.4. Conclusões

O efeito gênico aditivo é o mais importante na determinação do controle genético dos caracteres número de panículas por planta (NPP), peso de panículas (PP) e comprimento panículas (CP) em arroz.

A combinação Arbório x BRS AG é a mais adequada no desenvolvimento de linhagens com elevado potencial genético para o número de panículas por planta (NPP) e comprimento em arroz (CP), já o cruzamento entre BRS AG x Arbório é o mais promissor para peso de panículas (PP), pois apresentam maior herdabilidade sentido restrito.

As estimativas de parâmetros genéticos demonstram que há variabilidade genética significativa para os caracteres número de panículas por planta (NPP), peso de panículas (PP) e comprimento panículas (CP), proporcionando ganhos genéticos com a seleção que levam a obtenção de novas cultivares de arroz com elevado potencial para produtividade.

Os caracteres número de panículas por planta (NPP), peso de panículas (PP) e comprimento de panícula (CP) em arroz possuem herança genética quantitativa, com incidência de ação gênica de dominância parcial em todos esses caracteres.

Não ocorre efeito materno para os caracteres número de panículas por planta (NPP), peso de panículas (PP) e comprimento de panícula (CP) em arroz.

5.5. Referências

- 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**, v.5, n.3, p.207-212, 2011.
- AMELA, F. A.; CABRERA, F. A. V.; MARTINEZ, C. P.; BORRERO, J. C. Parámetros genéticos de la longitud de panícula en arroz. **Acta Agronómica**, v.57, n.4, p.233-239, 2008.
- ANSARI, T. H.; YAMAMOTO, Y.; YOSHIDA, T.; SAKAGAMI, K.; MIYAZAKI, A. Relation between bleeding rate during panicle formation stage and sink size in rice plant. **Soil Science and Plant Nutrition**, v.50, n.1, p.57-66, 2004.
- BALDISSERA, J. N. C.; VALENTINI, G.; COAN, M. M. D.; GUIDOLIN, A. F.; COIMBRA, J. L. M. Herança da capacidade de regeneração *in vitro* do feijão. **Revista de Ciências Agrárias**, v.55, n.4, p.306-310, 2012.
- BELLO, O. B.; IGE, S. A.; AZEEZ, M. A.; AFOLABI, M. S.; ABDULMALIQ, S. Y.; MAHAMOOD, J. Heritability and Genetic Advance for Grain Yield and its Component Characters in Maize (*Zea mays* L.). **International Journal of Plant Research**, v.2, p.138-145, 2012.
- BRESEGHELLO, F.; MORAIS, O. P.; PINHEIRO, P. V.; SILVA, A. C. S.; CASTRO, E. M.; GUIMARÃES, E. P.; CASTRO, A. P.; PEREIRA, J. A.; LOPES, A. M.; UTUMI, M. M.; OLIVEIRA, J. P. Results of 25 Years of Upland Rice Breeding in Brazil. **Crop Science**, v.51, p.914-923, 2011.
- BRESEGHELLO, F.; RANGEL, P. H. N.; MORAIS, O. P. Ganho de produtividade pelo melhoramento genético do arroz irrigado no nordeste do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.34, n.3, p.399-407, 1999.
- CARGNELUTTI FILHO, A.; STORCK, L. Estatísticas de avaliação da precisão experimental em ensaios de cultivares de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.42, p.17-24, 2007.
- CONAB. **Acompanhamento da Safra Brasileira de Grãos: Décimo segundo Levantamento – Setembro 2017**. Companhia Nacional de Abastecimento, Brasília, Safra 2016/17, v.4, n.12, p.1-158. Disponível em: http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/17_09_12_10_14_36_boletim_graos_setembro_2017.pdf. Acesso em: 04 de dezembro de 2017.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. **Métodos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4.ed. - Viçosa, MG: Ed. UFV, 514p., 2012.

CRUZ, C. D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. v.35, n.3, p.271-276, 2013

CRUZ, C. D. Genes Software – extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum**. v.38, n.4, p.547-552, 2016.

DAR, S. H.; RATHER, A. G.; AHANGER, M. A.; SOFI, N. R.; TALIB, S. Gene action and combining ability studies for yield and component traits in rice (*Oryza sativa* L.): A review. **Journal of Plant and Pest Science**. v.1, n.3, p.110-127, 2014.

FRANCO, D. F.; MAGALHÃES Jr., A. M.; SILVA, M. G.; STRECK, E. A. Efeito do arranjo espacial de plantas na produção de grãos da cultivar de arroz irrigado BRS AG. **Sodebras**. v.11, n.131, p.211-215, 2016.

GEVREK, M. N. Some agronomic and quality characteristics of new rice varieties in the aegean region of turkey. **Turkish Journal of Field Crops**. v.17, n.1, p.74-77, 2012.

GOVINTHARAJ, P.; TANNIDI, S.; SWAMINATHAN, M.; SABARIAPPAN, R. Estimates of genetic variability, heritability and genetic advance for blast resistance gene introgressed segregating population in rice. **International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences**. v.5, n.12, p.672-677, 2016.

HEFENA, A. G.; SULTAN, M. S.; ABDEL-MONEAM, M. A.; HAMMOUD, S. A.; BARUTÇULAR, C.; EL-SABAGH, A. Genetic variability, heritability and genetic advance for yield and associated traits in F2 rice population. **Journal of Agriculture Biotechnology**. v.1, n.2, p.49–58, 2016.

HENRIQUES, E. P.; MORAES, C. B.; SEBBENN, A. M.; TOMAZELLO FILHO, M.; MORAES, M. L. T.; MORI, E. S. Estimativa de parâmetros genéticos para caracteres silviculturais e densidade do lenho em teste de progênies de *Eucalyptus urophylla*. **Scientia Forestalis**. v.45, n.113, p.119-128, 2017.

KACHARABHAI, P. S. Genetic analysis of yield and its components traits in rice (*Oryza sativa* L.). **Electronic Journal of Plant Breeding**, v.6, n.1, p.19-25, 2015.

KONATÉ, A. K.; ZONGO, A.; SANGARÉ, J. R.; KAM, H.; HEMA, D.; SANI, A.; AUDEBERT, A. Genetic analysis and QTL mapping of agro-morphological traits in lowland rice (*Oryza sativa* L.) under drought conditions. **International Journal of Current Advanced Research**, v.5, n.9, p.1260-1267, 2016.

LEITE, W. S.; PAVAN, B. E.; MATOS FILHO, C. H. A.; ALCANTARA NETO, F.; OLIVEIRA, C. B.; FEITOSA, F. S. Estimativas de parâmetros genéticos, correlações e índices de seleção para seis caracteres agrônômicos em linhagens F8 de soja. **Comunicata Scientiae**. v.7, n.3, p.302-310, 2016.

MAGALHÃES JR., A. M. de; AGUIAR, G. Arroz para produção de etanol. In: ELIAS, M. C. et al. (Eds). **Qualidade de arroz, da pós-colheita ao consumo**. Pelotas: Editora Universitária da UFPel, 2012. 626p. Cap. 6, p. 79-94.

MAGALHÃES JR., A. M. de; FAGUNDES, P. R. R.; FRANCO, D. F.; MORAIS, O. P.; SIQUEIRA, F. G.; STRECK, E. A.; AGUIAR, G. A.; FACCHINELLO, P. H. K. BRS AG: first cultivar of irrigated rice used for alcohol production or animal feed. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**. v.17, p.72-77, 2017.

MAMATA, K.; RAJANNA, M. P.; SAVITA, S. K. Assessment of genetic parameters for yield and its related traits in F2 populations involving traditional varieties of rice (*Oryza sativa* L.). **International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences**. v.7, n.1, p.2210-2217, 2018.

MARCHEZAN, E.; MARTIN, T. N.; SANTOS, F. M.; CAMARGO, E. R. Análise de coeficiente de trilha para os componentes de produção em arroz. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.35, n.5, p.1027-1033, 2005.

MATHER, K.; JINKS, J. L. **Introdução à genética biométrica**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 242p. 1984.

MISTRO, J. C.; FAZUOLI, L. C.; GALLO, P. B.; OLIVEIRA, A. C. B.; BRAGHINI, M. T.; SILVAROLLA, M. B. Estimates of genetic parameters in Arabic coffee derived from the Timor hybrid. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.7, p.141-147, 2007.

PENG, S.; LAZA, R. C.; VISPERAS, R. M.; SANICO, A. L.; CASSMAN, K. G.; KHUSH, G. S. Grain yield of rice cultivars and line developed in the Philippines since 1966. **Crop Science**, v.40, n.2, p.307-314, 2000.

RANGEL, P. H. N.; PEREIRA, J. A.; MORAIS, O. P.; GUIMARÃES, E. P.; YOKOKURA, T. Ganhos na produtividade de grãos pelo melhoramento genético do arroz irrigado no meio-norte do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.35, n.8, p.1595-1604, 2000.

ROCHA, M. M.; CARVALHO, K. J. M.; FREIRE FILHO, F. R.; LOPES, A. C. A.; GOMES, R. L. F.; SOUSA, I. S. Controle genético do comprimento do pedúnculo em feijão-caupi. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.44, n.3, p.270-275, 2009.

ROY, S. K.; SENAPATI, B. K. Estimation of genetic components for grain yield and quality traits of rice. **Oryza - An International Journal on Rice**, v.48, n.1, p.22–30, 2011.

SANGARÉ, J. R.; KONATÉ, A. K.; CISSÉ, F.; SANNI, A. Assessment of genetic parameters for yield and yield related-traits in an intraspecific rice (*Oryza sativa* L.) population. **Journal of Plant Breeding and Genetics**, v.5, n.2, p.45-56, 2017.

SHARMA, R. K.; MANI, S. C. Analysis of gene action and combining ability for yield and its component characters in rice, **ORYZA-An International Journal on Rice**, v.45, n.2, p.94-97, 2008.

SOARES, A. A.; SANTOS, P. G.; MORAIS, O. P.; SOARES, P. C.; REIS, M. S.; SOUZA, M. A. Progresso genético obtido pelo melhoramento do arroz de sequeiro em 21 anos de pesquisa em Minas Gerais. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.34, n.3, p.415-424, 1999.

SOULEYMANE, O.; SALIFOU, M.; HAMIDOU, M.; MANNEH, B.; DANQUAH, E.; OFORI, K. Genes action in salinity tolerance and the implication in rice breeding. **Journal of Plant Breeding and Genetics**. v.5, n.3, p.115-120, 2017.

SOUZA, C. A.; ROCHA, R. B.; ALVES, E. A.; ESPINDULA, M. C.; RAMALHO, A. R.; TEIXEIRA, A. L.; FERRÃO, M. A. G. Componentes genéticos do desenvolvimento e maturação de frutos de *Coffea canephora* Pierre ex A. Froehner. **Coffee Science**, Lavras, v.12, n.3, p.355-364, 2017.

SOUZA, M. A. de; MORAIS, O. P. de; HERÁN, R. E. C.; CARGNIN, A.; PIMENTEL, A. J. B. Progresso genético do melhoramento de arroz de terras altas no período de 1950 a 2001. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. v.42, n.3, p.371-376, 2007.

STRECK, E. A.; AGUIAR, G. A.; MAGALHÃES Jr., A. M.; FACCHINELLO, P. H. K.; OLIVEIRA, A. C. Variabilidade fenotípica de genótipos de arroz irrigado via análise multivariada. **Revista Ciência Agronômica**, v.48, n.1, p.101-109, 2017.

STRECK, E. A.; MAGALHÃES JR., A. M. de; AGUIAR, G. A.; FACCHINELLO, P. H. K.; FAGUNDES, P. R. R.; FRANCO, D. F.; NARDINO, M.; OLIVEIRA, A. C. de Genetic progress in 45 years of irrigated rice breeding in southern Brazil. **Crop Science**, 2018. No prelo.

TABIEN, R. E.; SAMONTE, S. O. P. B.; MCCLUNG, A. M. Forty-eight years of rice improvement in Texas since the release of cultivar Bluebonnet in 1944. **Crop Science**, v.48, n.6, p.2097-2106, 2008.

6. Capítulo IV

Controle genético da altura de planta em arroz irrigado

6.1. Introdução

O arroz (*Oryza sativa* L.) é um dos cinco alimentos com maior prevalência de consumo no Brasil, predominantemente nas regiões Sudeste, Sul e Centro-Oeste do país (SOUZA et al., 2013). Seu cultivo é tradicional no Rio Grande do Sul, sendo que a produção do estado é fundamental para atender a demanda alimentar brasileira, pois sua produção corresponde com aproximadamente 70% da produção orizícola do país (CONAB, 2017). Logo, esse cereal desempenha uma importante função social para a segurança alimentar nacional e como atividade econômica fundamental nas regiões produtoras.

No Rio Grande do Sul, a orizicultura está concentrada na região que compreende a Metade Sul do estado, ocupando uma área anualmente em torno de um milhão de hectares, composta por seis regiões arrozeiras, sendo elas: Fronteira Oeste, Campanha, Depressão Central, Zona Sul, Planície Costeira Interna e Externa a Lagoa dos Patos. Essas regiões diferem quanto as características edafoclimáticas, principalmente em relação ao tipo, a fertilidade do solo e a fatores meteorológicos como temperatura do ar, do solo, variação na amplitude térmica e na radiação solar.

Essas heterogeneidades nas condições de cultivo proporcionam respostas distintas de um determinado genótipo, decorrente da interação genótipos x ambientes significativa (G x E) que afeta particularmente características de herança quantitativas, e consequentemente no desempenho produtivo da cultura. Assim, os programas de melhoramento genético podem optar em desenvolver cultivares que apresentem ampla ou específica adaptabilidade as regiões de cultivo.

A evolução positiva da produtividade nas últimas décadas na cultura do arroz a nível mundial, pode ser atribuída ao melhoramento genético com o desenvolvimento e recomendação de novas cultivares adaptadas, que atendem às exigências específicas do mercado e apresentam alta produtividade, bem como a melhoria do manejo da cultura, em função da pesquisa séria e competente estabelecida.

Com a denominada Revolução Verde levou a um avanço histórico no aumento do potencial de produtividade das culturas, como por exemplo no arroz, ocasionando o desenvolvimento e a consolidação de cultivares semi-anãs (DIXIT et al., 2014), também chamadas de porte “moderno filipino”. Esses genótipos possuem alta capacidade de emitir afilhos, colmos robustos e curtos, folhas eretas, maior resposta a adubação e melhor eficiência fotossintética.

Além da produtividade de grãos, conforme Streck et al. (2018) a altura da planta foi um dos atributos agronômicos mais modificados durante o processo de melhoramento genético ao longo dos últimos 45 anos. A redução da altura da planta, mantendo a produtividade de grãos, é almejada pelos programas de melhoramento genético de arroz, pois há tendência das plantas não acamarem, diminuir a produção de biomassa vegetativa e aumentarem o índice de colheita do arroz, proporcionando conseqüentemente maior eficiência produtiva.

Essa redução na altura da planta de arroz resultou da mutação recessiva no gene *sd1* (*semi-dwarf1*) que causou a perda da capacidade de produção da enzima GA20-oxidase, a qual está relacionada com a biossíntese de giberelina (MONNA et al., 2002; SASAKI et al., 2002), hormônio fundamental para o controle da altura de plantas. Segundo Henriques (2009), o gene *sd1* foi originalmente introduzido da cultivar chinesa Dee-geo-woo-gen, que foi cruzada com a cultivar Peta da Indonésia, em 1962 no IRRI (*International Rice Research Institute*) e desse cruzamento desenvolveu-se a cultivar IR8, que serviu de base para o desenvolvimento de muitas cultivares semi-anãs de arroz da subespécie *Indica* e *Japonica*.

O processo de desenvolvimento de uma nova cultivar de arroz é trabalhoso, acarreta em despesas elevadas e demanda bastante tempo. Desse modo, o conhecimento dos parâmetros genético dos caracteres agronômicos é fundamental para obter eficiência em todos os procedimentos. Neste sentido, o presente trabalho teve como propósito estimar os parâmetros genéticos para altura de planta em arroz, proporcionando o entendimento da base genética e a seleção para esse caráter.

6.2. Material e Métodos

Para estimar os parâmetros preponderantes no controle genético referente ao caráter altura de planta em arroz, efetuaram-se avaliações nas gerações P1, P2, F1, F2, RC1 (F1 x P1) e RC2 (F1 x P2) após realizar os cruzamentos entre BRS AG x Arbório, BRS Querência x BRS Pampa e BRS Pampa x SCS 120 Ônix.

A execução desses cruzamentos e a condução dessas gerações em um mesmo ambiente de cultivo foram realizadas nos agrícolas de 2014/2015 ao 2016/2017 na Estação Experimental Terras Baixas, pertencente a Embrapa Clima Temperado, localizada nas coordenadas geográficas, 31°48'49" de latitude Sul e 52°28'20" de longitude Oeste, no município do Capão do Leão, no estado do Rio Grande do Sul. Esses procedimentos foram conduzidos conforme a descrição do material e métodos do experimento I.

O delineamento experimental utilizado foi o inteiramente casualizado, sendo as repetições constituídas conforme o número de plantas avaliadas em cada geração. A altura de planta foi avaliada na fase fenológica de maturação dos grãos, com auxílio de uma régua foi determinada a distância da superfície do solo até a extremidade da panícula do afilho mais alto. Sendo essa variável expressa em centímetros (cm).

A partir da análise das variâncias das gerações P1, P2, F1, F2, RC_{P1} e RC_{P2} foram obtidas as seguintes estimativas para o caráter altura de plantas em arroz: variância fenotípica: $\hat{\sigma}_F^2 = \hat{\sigma}_{F2}^2$; variância de ambiente: $\hat{\sigma}_E^2 = [(\hat{\sigma}_{P1}^2 + 2\hat{\sigma}_{F1}^2 + \hat{\sigma}_{P2}^2)/4]$; variância genotípica: $\hat{\sigma}_G^2 = \hat{\sigma}_F^2 - \hat{\sigma}_E^2$; variância aditiva: $\hat{\sigma}_A^2 = 2\hat{\sigma}_{F2}^2 - (\hat{\sigma}_{RCP1}^2 + \hat{\sigma}_{RCP2}^2)$; variância de dominância: $\hat{\sigma}_D^2 = \hat{\sigma}_G^2 - \hat{\sigma}_A^2$; herdabilidade no sentido amplo: $\hat{h}_A^2 = \hat{\sigma}_G^2/\hat{\sigma}_F^2$ e herdabilidade no sentido restrito: $\hat{h}_R^2 = \hat{\sigma}_A^2/\hat{\sigma}_F^2$.

As estimativas das herdabilidades no sentido amplo e restrito foram classificadas de acordo com Cargnelutti Filho; Storck (2007), conforme a Tabela 6.1.

Tabela 6.1. Classificação da herdabilidade segundo Cargnelutti Filho; Storck (2007).

Classificação	Herdabilidade (%)
Muito alta	$\geq 81,0$
Alta	$\geq 49,0$ a $< 81,0$
Moderada	$\geq 25,0$ a $< 49,0$
Baixa	$< 25,0$

Para a predição de ganhos por seleção, obtida pela análise das variâncias das gerações, foi considerada a seleção de 10% das melhores plantas da população F2. O ganho esperado, considerando-se a seleção e a recombinação dos indivíduos superiores na população F2, foi estimado pela expressão: $\Delta G = DS \times \hat{h}_R^2$; onde: DS = diferencial de seleção, que é igual a $\bar{X}_s - \bar{X}_0$, sendo $\bar{X}_s$ = corresponde à média das plantas F2 selecionadas, $\bar{X}_0$ = corresponde à média da população original das plantas F2 e $\hat{h}_R^2$ = herdabilidade no sentido restrito.

O cálculo da estimativa do grau médio de dominância (GMD), o qual torna possível analisar a magnitude e a direção dos desvios, foi estimado por meio de:

$$GMD = k = \frac{2\bar{F1} - (\bar{P1} + \bar{P2})}{\bar{P1} - \bar{P2}}$$

onde: $\bar{P1}$ e $\bar{P2}$, são as medidas dos genitores P1 e P2 e $\bar{F1}$ é a média da geração F1.

A estimativa do número de genes (η) para o caráter foi feito utilizando a fórmula abaixo:

$$\eta = \frac{A^2(1 + 0,5k^2)}{8\hat{\sigma}_g^2}$$

sendo: A é a amplitude total na população F2, k é o grau médio de dominância e $\hat{\sigma}_g^2$ é variância genética.

Sendo a classificação do grau médio de dominância (GMD) conforme a Tabela 6.2 abaixo, para determinar o tipo de interação intra-alélica (CRUZ et al., 2012).

Tabela 6.2. Classificação do tipo de interação intra-alélica sobre o caráter quanto grau médio da dominância (GMD).

Grau médio da dominância (GMD)	Tipo de interação intra-alélica
1 (d = a)	Dominância completa
0 (d = a)	Ausência de dominância
> 1 (d > a)	Sobredominância
< 1 (d < a)	Dominância parcial

a: efeito gênico aditivo. d: desvios de dominância.

As análises dos parâmetros genéticos das gerações foram avaliadas levando-se em conta tanto o modelo completo (m, a, d, aa, ad, dd) calculado por meio do método de mínimos quadrados ponderados, quanto ao modelo aditivo-dominante (m,

a, d) como descrito por Mather; Jinks (1984) e Cruz et al. (2012). Todas as análises foram realizadas com o auxílio do aplicativo computacional em genética e estatística, GENES (CRUZ, 2013; CRUZ, 2016).

6.3. Resultados e discussões

Verifica-se na Tabela 6.3, por meio da análise de variância que os genitores utilizados nos cruzamentos BRS AG x Arbório, BRS Querência x BRS Pampa e BRS Pampa x SCS 120 Ônix são contrastantes quanto a altura de planta, apresentando média geral de 105,41 cm, 99,92 cm e 101,01 cm, respectivamente, com suas gerações F1 e F2, denotando a presença de variabilidade genética para esse caráter em cada combinação híbrida. Sendo fundamental essa diferença genética entre os genitores para as estimativas dos parâmetros genéticos referentes ao caráter em análise, na compreensão da estrutura genética da população e consequentemente na inferência da variabilidade genética da mesma (BALDISSERA et al., 2014).

Tabela 6.3. Análise de variância para altura de planta em arroz, considerando os genitores (P1 e P2) e as gerações F1 e F2, nos cruzamentos entre BRS AG x Arbório, BRS Querência x BRS Pampa e BRS Pampa x SCS 120 Ônix.

Fonte de Variação	Altura de planta (cm)					
	BRS AG x Arbório		BRS Querência x BRS Pampa		BRS Pampa x SCS 120 Ônix	
	GL	Quadrado Médio	GL	Quadrado Médio	GL	Quadrado Médio
Tratamentos	3	690,052**	3	487,624**	3	1117,282**
Resíduo	199	72,869	262	45,890	191	57,173
Total	202		265		194	
Média		105,41		99,92		101,01
CVe (%)		8,10		6,78		7,48
CVg (%)		4,16		3,61		6,09
CVg/CVe		0,51		0,53		0,81

GL = graus de liberdade. CVe = coeficiente de variação ambiental. CVg = coeficiente de variação genético. **: Significativo pelo teste F a 1% de probabilidade de erro.

A relação entre o coeficiente de variação genética e o coeficiente de variação ambiental (CVg/CVe), foi de 0,51, 0,53, e 0,81 nos cruzamentos BRS AG x Arbório, BRS Querência x BRS Pampa e BRS Pampa x SCS 120 Ônix, respectivamente. Assim, a maior variabilidade genética para a altura de plantas nas populações segregantes é esperado no cruzamento entre BRS Pampa x SCS 120 Ônix, pois a

estimativa da razão entre os coeficientes de variação genético e o ambiental foi a mais próxima da unidade, indicando maior expressão da variabilidade genética.

As médias do caráter altura de planta apresentada pelos genitores adotados no estudo foram de 110,90 cm e 97,20 cm no cruzamento entre BRS AG x Arbório, de 107,70 cm e 96,70 cm no cruzamento entre BRS Querência x BRS Pampa e de 99,05 cm a 92,20 cm no cruzamento entre BRS Pampa x SCS 120 Ônix (Tabela 6.4), respectivamente, mostrando que os contrastes entre os genitores foram significativos. Esses resultados corroboram com Streck et al. (2017).

Tabela 6.4. Número de plantas avaliadas (N), médias (X) e variâncias ($\hat{\sigma}^2$) a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 para a altura de planta (cm) em arroz, nos cruzamentos entre BRS AG x Arbório, BRS Querência x BRS Pampa e BRS Pampa x SCS 120 Ônix.

Geração	Altura de planta (cm)								
	BRS AG x Arbório			BRS Querência x BRS Pampa			BRS Pampa x SCS 120 Ônix		
	N	x	$\hat{\sigma}^2$	N	x	$\hat{\sigma}^2$	N	x	$\hat{\sigma}^2$
P ₁ ♀	20	110,90	16,62	20	107,70	7,38	20	99,05	7,00
P ₂ ♂	20	97,20	9,12	20	96,70	8,01	20	92,20	6,27
F ₁	20	107,85	12,13	20	100,10	12,83	11	113,36	15,45
F ₂	143	105,45	97,05	206	99,46	56,03	144	101,56	73,52
RC ₁	29	108,55	90,61	41	102,29	37,86	92	102,97	52,30
RC ₂	24	98,25	49,76	92	97,42	36,69	27	99,81	50,16

RC₁ (F1♀ X P1♂), RC₂ (F1♀ X P2♂).

As gerações F1 demonstraram médias para a altura de planta intermediárias às médias dos genitores, nos cruzamentos BRS AG x Arbório e BRS Querência x BRS Pampa, no entanto, no cruzamento entre BRS Pampa x SCS 120 Ônix foi superior aos genitores, isso é um indicativo que a interação intra-alélica são de dominância parcial e sobredominância nas respectivas hibridações. Assim como, as gerações F2 apresentaram médias interpostas aos genitores nos cruzamentos BRS AG x Arbório e BRS Querência x BRS Pampa, já no cruzamento entre BRS Pampa x SCS 120 Ônix foi superior. As variâncias foram as mais elevadas nessa geração em comparação com as outras gerações, devido essa geração possuir maior parte dos *loci* segregando consequentemente maior variabilidade genética para o caráter.

As determinações das médias de altura de planta dos retrocruzamentos foram conforme o esperado, ou seja, se aproximando da média do genitor utilizado como recorrente. Assim como as variâncias, pois nessa geração há em princípio 50% das plantas em homozigose e 50% em heterozigose para o caráter em estudo.

Os testes de significância da hipótese de nulidade dos parâmetros genéticos (m, a, d, aa, ad, dd), estimados a partir do modelo completo, para o caráter altura de plantas em arroz são apresentados na Tabela 6.5.

Tabela 6.5. Teste de significância da hipótese de nulidade dos parâmetros genéticos estimados a partir do modelo completo, com base nas médias de altura de planta (cm) em arroz, obtidas a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 dos cruzamentos entre BRS AG x Arbório, BRS Querência x BRS Pampa e BRS Pampa x SCS 120 Ônix.

Altura de planta (cm)									
Parâmetros	BRS AG x Arbório			BRS Querência x BRS Pampa			BRS Pampa x SCS 120 Ônix		
	GL	Est.	Var.	GL	Est.	Var.	GL	Est.	Var.
m	231	112,24**	31,97	374	100,59**	9,83	298	96,31**	18,04
a	38	6,85**	0,32	38	5,50**	0,19	38	3,43**	0,17
d	250	-22,77 ^{ns}	234,06	393	-4,05 ^{ns}	67,38	308	3,96 ^{ns}	122,91
aa	193	-8,19 ^{ns}	31,65	336	1,61 ^{ns}	9,64	260	-0,69 ^{ns}	17,87
ad	89	6,90 ^{ns}	22,08	169	-1,26 ^{ns}	6,06	155	-0,54 ^{ns}	10,37
dd	250	18,38 ^{ns}	97,74	393	3,56 ^{ns}	28,84	308	13,09 ^{ns}	53,27

Est.: estimativa. Var.: variância. m, média das linhagens homozigóticas derivadas de F2; a, medida do efeito gênico aditivo; d, medida dos desvios de dominância; aa, medida das interações gênicas aditiva x aditiva; ad, medida das interações gênicas aditiva x dominante; dd, medida das interações gênicas dominante x dominante. GL: Grau de liberdade. *:Significativo a 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste t. ns: não significativo.

Entre os parâmetros estimados pelo modelo completo e que demonstraram significância nos cruzamentos, a média (m) apresentou a maior estimativa e variância. Nos três cruzamentos analisados, BRS AG x Arbório, BRS Querência x BRS Pampa e BRS Pampa x SCS120 Ônix, somente os parâmetros média (m) e aditividade (a) foram significativos, e os outros parâmetros genéticos estimados pelo modelo não diferiram estatisticamente de zero. Os efeitos gênicos de dominância e de epistasia não foram significativos nos cruzamentos analisados para a altura da planta, sugerindo a predominância de ação genética aditiva controlando esse caráter.

De acordo com Kacharabhai (2015), a magnitude e o tipo de ação gênica predominante para uma determinada característica podem diferir conforme as combinações dos genitores na hibridação. Rahimi et al. (2010), observaram efeitos

significativos de genes aditivos e não aditivos para a herança do caráter altura de planta em arroz. Os resultados encontrados corroboram com Kamara et al. (2017), ao analisarem o cruzamento entre os genitores IET6279 x IR70445-146-3-3 através do modelo com efeito genético de seis parâmetros, concluíram que apenas os efeitos aditivos estavam envolvidos na herança da altura de planta. Assim como, Upadhyay; Jaiswal (2015) relataram a predominância de efeitos genéticos aditivos no arroz para a altura de planta.

O coeficiente de determinação (R^2) exposto na Tabela 6.6, obtido através da decomposição não ortogonal, pode ser adotado com a finalidade de percepção da importância de um particular efeito genético sobre a variabilidade disponível do caráter analisado.

Tabela 6.6. Decomposição não ortogonal da soma de quadrados (SQ) de parâmetros (m, a, d, aa, ad, dd), pelo método de eliminação de Gauss, para a altura de planta (cm) obtidas a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 dos cruzamentos entre BRS AG x Arbório, BRS Querência x BRS Pampa e BRS Pampa x SCS 120 Ônix.

Fonte de Variação	Altura de planta (cm)					
	BRS AG x Arbório		BRS Querência x BRS Pampa		BRS Pampa x SCS 120 Ônix	
	SQ	R^2 (%)	SQ	R^2 (%)	SQ	R^2 (%)
m/a, d, aa, ad, dd	394,00	71,66	1029,01	86,65	514,20	87,401
a/m, d, aa, ad, dd	145,85	26,53	157,25	13,24	70,71	12,020
d/m, a, aa, ad, dd	2,22	0,40	0,24	0,02	0,13	0,022
aa/m, a, d, ad, dd	2,12	0,39	0,29	0,03	0,02	0,004
ad/m, a, d, aa, dd	2,16	0,39	0,26	0,02	0,02	0,006
dd/m, a, d, aa, ad	3,46	0,63	0,44	0,04	3,22	0,547
Total	549,80		1187,47		588,32	

m: média das linhagens homozigóticas derivadas de F2; a: medida do efeito gênico aditivo; d: medida dos desvios da dominância; aa: medida das interações aditiva x aditiva; ad: medida das interações aditiva x dominante; dd: medida das interações dominante x dominante.

Assim, não considerando o efeito da média, o efeito genético aditivo (a) foi o mais importante na determinação do caráter altura de plantas em arroz, em todos os cruzamentos. Com uma estimativa do coeficiente de determinação (R^2) de 12,02%, 13,24% e 26,53%, nos cruzamentos BRS Pampa x SCS 120 Ônix, BRS Querência x BRS Pampa e BRS AG x Arbório, respectivamente. As estimativas de ganho genético para altura de planta são satisfatórias, a partir de ciclos de seleção nas populações derivadas de F2 desses cruzamentos, uma vez que o componente de natureza aditiva

é de maior magnitude. Onde os efeitos aditivos são exatamente o que um indivíduo contribui para sua progênie, inalterado pela segregação e recombinação (KAMARA et al., 2017).

Além do modelo genético completo, pode-se estimar as magnitudes dos componentes gênicos que controlam os caracteres através do modelo reduzido aditivo-dominante (Tabela 6.7). Este modelo é mais simples e tem sido utilizado em programas de melhoramento, por prover informações indispensáveis na avaliação da eficiência dos métodos empregados e do êxito dos mesmos (CRUZ et al., 2012).

Nos três cruzamentos analisados através do modelo aditivo-dominante para o caráter altura de planta em arroz, o parâmetro média (m) apresentou a maior estimativa e o desvio da dominância (d) a maior variância. Todos os parâmetros estimados no modelo diferiram significativamente de zero, a 1% de probabilidade, pelo teste t. O parâmetro genético de efeito aditivo (a) obteve maior estimativa que o parâmetro do desvio da dominância (d) nos cruzamentos entre BRS AG x Arbório, BRS Querência x BRS Pampa, já o oposto, ocorreu no cruzamento BRS Pampa x SCS 120 Ônix. Esse resultado corrobora com Divya et al. (2014), os quais obtiveram estimativas superiores para o efeito da dominância para o caráter altura de planta, com o modelo aditivo-dominante.

Tabela 6.7. Teste de significância da hipótese de nulidade dos parâmetros genéticos estimados a partir do modelo aditivo-dominante, com base nas médias de altura de planta (cm) obtidas a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 dos cruzamentos entre BRS AG x Arbório, BRS Querência x BRS Pampa e BRS Pampa x SCS 120 Ônix.

Parâmetros	Altura de planta (cm)								
	BRS AG x Arbório			BRS Querência x BRS Pampa			BRS Pampa x SCS 120 Ônix		
	GL	Est.	Var.	GL	Est.	Var.	GL	Est.	Var.
m	250	103,80*	0,28	393	101,80*	0,16	308	95,22*	0,15
a	250	7,02*	0,30	393	5,47*	0,17	308	3,27*	0,15
d	250	3,43*	0,89	393	-3,03*	0,69	308	14,75*	0,96

GL: Grau de liberdade. Est.: estimativa. Var.: variância. m: média das linhagens homozigóticas derivadas de F2; a: medida do efeito gênico aditivo; d: medida dos desvios da dominância. *: Significativo a 1% de probabilidade pelo teste t.

Através da correlação entre as médias observadas (Y) para altura de planta e os valores médios estimados ($\hat{Y}$), conforme apresentado na Tabela 6.8, pode-se avaliar a adequação do modelo aditivo-dominante na capacidade de explicar o

comportamento da média das gerações (P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2) e consequentemente os efeitos gênicos envolvidos na herança dos caracteres.

Os valores das correlações foram de elevada magnitude para o caráter em análise. Sendo esses índices de 0,960, 0,979 e 0,972, os quais correspondem a um coeficiente de determinação (R^2) de 92,16%, 95,97% e 94,39%, nos cruzamentos entre BRS AG x Arbório, BRS Querência x BRS Pampa e BRS Pampa x SCS 120 Ônix, respectivamente. Desse modo, verifica-se que o modelo aditivo-dominante apresentou elevada precisão para a estimativa dos parâmetros genético do caráter altura de planta em arroz, pois os coeficientes de correlações foram próximos da unidade (ROCHA et al., 2009).

Tabela 6.8. Médias observadas (Y) e estimadas ($\hat{Y}$) para a altura de planta (cm) obtidas a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 dos cruzamentos entre BRS AG x Arbório, BRS Querência x BRS Pampa e BRS Pampa x SCS 120 Ônix.

Geração	Altura de planta (cm)					
	BRS AG x Arbório		BRS Querência x BRS Pampa		BRS Pampa x SCS 120 Ônix	
	Y	$\hat{Y}$	Y	$\hat{Y}$	Y	$\hat{Y}$
P1♀	110,90	110,82	107,70	107,27	99,05	98,49
P2♂	97,20	96,78	96,70	96,33	92,20	91,94
F1	107,85	107,23	100,10	98,77	113,36	109,96
F2	105,45	105,51	99,46	100,28	101,56	102,59
RC1 (F1♀ X P1♂)	108,55	109,02	102,29	103,02	102,97	104,22
RC2 (F1♀ X P2♂)	98,25	102,00	97,42	97,55	99,81	100,95
r (Y, $\hat{Y}$)	0,960		0,979		0,972	
R ² (%)	92,16		95,97		94,39	

No presente estudo, pode-se constatar que a utilização do modelo genético foi satisfatória para explicar o comportamento da média das gerações, em relação ao caráter altura de planta em arroz. Observa-se, desconsiderando o parâmetro média (m) que apresentou elevados coeficiente de determinação (R^2), que entre os outros parâmetros a variabilidade genética de efeito aditivo (a) é superior ao efeito da dominância (d), nos cruzamentos entre BRS AG x Arbório, BRS Querência x BRS Pampa. No cruzamento entre BRS Pampa x SCS 120 Ônix, ocorreu o inverso, ou seja, o efeito da dominância foi superior a aditividade. Cabe ressaltar a predominância do coeficiente de determinação (R^2) em todos cruzamentos para o parâmetro média (m),

e que os parâmetros de efeito gênico apresentaram pequena estimativa por esse modelo (Tabela 6.9).

Tabela 6.9. Decomposição não ortogonal da soma de quadrados de parâmetros (m, a, d) pelo método de eliminação de Gauss, para as médias de altura de planta (cm) a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 dos cruzamentos entre BRS AG x Arbório, BRS Querência x BRS Pampa e BRS Pampa x SCS 120 Ônix.

Fonte de Variação	Altura de planta (cm)					
	BRS AG x Arbório		BRS Querência x BRS Pampa		BRS Pampa x SCS 120 Ônix	
	SQ	R ² (%)	SQ	R ² (%)	SQ	R ² (%)
m/a, d	38037,39	99,54	62655,54	99,69	58622,39	99,49
a/m, d	163,85	0,43	181,58	0,29	70,18	0,13
d/m, a	13,14	0,03	13,35	0,02	225,19	0,38
Total	38214,38		62850,46		58917,76	

m: média das linhagens homozigóticas derivadas de F2; a: medida do efeito gênico aditivo; d: medida dos desvios da dominância.

Na Tabela 6.10, verifica-se que a predição de ganho genético com uma intensidade de seleção de 10% proporcionará ganhos semelhantes para os três cruzamentos analisados. Sendo selecionado uma quantidade de 14, 20 e 14 plantas que possuem médias de altura de planta de 87,00 cm, 85,45 cm e 84,50 cm, nos cruzamentos entre BRS AG x Arbório, BRS Querência x BRS Pampa e BRS Pampa x SCS 120 Ônix, respectivamente. Assim no cruzamento entre BRS AG x Arbório, a média de 105,45 cm das alturas das plantas em F2 com o 1º ciclo de seleção será de 95,24 cm, o que corresponde a um ganho de -9,68%. No cruzamento entre BRS Querência x BRS Pampa, a predição de ganho por seleção é de -9,43%, ou seja, a média de 99,46 cm das plantas em F2 com o 1º ciclo de seleção será de 90,08 cm. Já o cruzamento entre BRS Pampa x SCS 120 Ônix apresenta uma pequena superioridade na estimativa do ganho por seleção com um valor de -10,18%, onde a redução da altura média das plantas será de 101,56 cm em F2 para 91,22 cm em F3.

Tabela 6.10. Predição de ganhos genético com a seleção de 10% das melhores plantas para o caráter altura de planta (cm) em arroz, nos cruzamentos entre BRS AG x Arbório, BRS Querência x BRS Pampa e BRS Pampa x SCS 120 Ônix.

Parâmetros	Altura de planta (cm)		
	BRS AG x Arbório	BRS Querência x BRS Pampa	BRS Pampa x SCS 120 Ônix
Número de indivíduos selecionados	14	20	14
Média original da F2	105,45	99,46	101,56
Média dos indivíduos selecionados	87,00	85,45	84,50
Diferencial de seleção (DS)	-18,45	-14,01	-17,06
Ganho por seleção (ΔG)	-10,21	-9,38	-10,34
Ganho por seleção ($\Delta G\%$)	-9,68	-9,43	-10,18
Média predita para 1º ciclo de seleção	95,24	90,08	91,22

As estimativas e a compreensão dos parâmetros genéticos, apresentadas na Tabela 6.11, são importantes para se conhecer a estrutura e a variabilidade genética da população (BALDISSERA et al., 2014). Para isso, a estimativa e a decomposição dos componentes da variância fenotípica em ambiente e genotípica, e essa em variância genética aditiva e de dominância, assim como, as herdabilidades no sentido amplo e restrito são fundamentais para o melhorista.

Tabela 6.11. Estimativas das variâncias fenotípica, genotípica, aditiva, de dominância e de ambiente, das herdabilidades no sentido amplo e restrito, do grau médio de dominância e do número de genes que controlam o caráter altura de planta obtidas a partir de P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 nos cruzamentos entre BRS AG x Arbório, BRS Querência x BRS Pampa e BRS Pampa x SCS 120 Ônix.

Parâmetros	Altura de planta (cm)		
	BRS AG x Arbório	BRS Querência x BRS Pampa	BRS Pampa x SCS 120 Ônix
Variância fenotípica	97,05	56,03	73,52
Variância genotípica	84,55	45,77	62,48
Variância de ambiente	12,50	10,26	11,04
Variância aditiva	53,73	37,51	44,58
Variância de dominância	30,82	8,26	17,90
Herdabilidade no sentido amplo (%)	87,12	81,68	84,98
Herdabilidade no sentido restrito (%)	55,36	66,94	60,64
Grau médio de dominância (GMD)	0,55	-0,38	5,18
Nº de genes que controlam o caráter	6	5	4

Os programas de melhoramento genético de arroz, possuem como finalidade principais o desenvolvimento de cultivares com elevado potencial genético para produtividade e qualidade de grãos, assim como a tolerância a estresse abióticos e bióticos. Além desse perfil agrônômico, busca-se plantas com menor altura pois tendem a não acamar. Verifica-se nos três cruzamentos analisados para a altura de planta em arroz, que há predominância na estimativa da variância fenotípica é proporcionada por causa da magnitude de ordem genética, consequentemente a existência de variabilidade genética para o caráter. Assim como observa-se, uma pequena variação na expressão do caráter devido aos efeitos de ambiente. Com a decomposição da variância genética, certifica-se que prevalece a variância genética aditiva em relação a variância de dominância, para o caráter altura de planta em todos cruzamentos. Indicando que há grande possibilidade de ganhos genéticos por meio da seleção fenotípica (MATOS FILHO et al., 2014), para a redução da altura de plantas.

As estimativas dos coeficientes de herdabilidade no sentido amplo, para a altura de planta em arroz foram de magnitude muito alta, sendo de 81,68% no cruzamento entre BRS Querência x BRS Pampa, de 84,98% no cruzamento de BRS Pampa x SCS 120 Ônix e de 87,12% no cruzamento de BRS AG x Arbório. Esses resultados são semelhantes aos obtidos por Govintharaj et al. (2016), que obtiveram uma herdabilidade média no sentido amplo de 89,37% ao analisarem três cruzamentos em arroz e a Dea et al. (2015), os quais tiveram valor de 86,0% no cruzamento entre os genitores CG20 x FKR19. No entanto, são um pouco inferiores as estimativas mencionadas por Hefena et al. (2016) e Shashidhara et al. (2017), que obtiveram índices de herdabilidade no sentido amplo de 93,04% e 91,22%, respectivamente, e superior ao resultado de 71,0% relatado por Kamara et al. (2017).

Quanto a herdabilidade no sentido restrito, parâmetro que reflete a proporção da variância aditiva no contexto da variação fenotípica, ou seja, a parte da variação genética que é transmitida aos descendentes (HENRIQUES et al., 2017), as estimativas foram de alta magnitude para o caráter altura de plantas em arroz. Assim, as estimativas de herdabilidade no sentido restrito variaram de 55,36% a 66,94%, nos cruzamentos entre BRS AG x Arbório e BRS Querência x BRS Pampa, respectivamente. Valores esses superiores à 48% obtidos por Kamara et al. (2017), no cruzamento entre os genitores IET 6279 x IR70445-146-3-3.

A determinação da posição relativa entre o valor genotípico do heterozigoto, ou seja, do F1 e o valor médio genotípico dos genitores os quais são homozigotos, permite estimar o grau médio de dominância (CRUZ et al., 2012). A partir dessa estimativa com base nas médias, foram constatadas a dominância parcial e a sobredominância para o caráter altura de plantas nos cruzamentos analisados. A dominância parcial foi verificada nos cruzamentos entre BRS AG x Arbório e BRS Querência x BRS Pampa, onde os valores foram de 0,55 e -0,38, indicando que a dominância parcial ocorre em direção à expressão fenotípica de maior e de menor grandeza do caráter, respectivamente, sendo no primeiro cruzamento na direção do genitor BRS AG e no segundo na direção do genitor BRS Querência. Já a sobredominância, conforme a estimativa do grau médio de dominância de 5,18, foi observada no cruzamento BRS Pampa x SCS 120 Ônix, onde média do F1 foi superior aos genitores (Tabela 6.11 e Tabela 6.2).

Segundo Lobo et al. (2005), os valores estimados do número de genes demonstram que cada cruzamento tem sua particularidade, variando de acordo com os genótipos utilizados, mas também quanto ao nível de influência do ambiente na manifestação do caráter e quando estão envolvidos muitos genes de pequeno efeito (BALDISSERA et al., 2014). No entanto, é um indicativo do tipo de herança que controla o caráter em estudo, se é de natureza monogênica ou poligênica (LOBO et al., 2005). As estimativas do número de genes que controlam a altura de planta em arroz variaram de 4 a 6 genes, indicando que a herança genética desse caráter é poligênica ou quantitativa.

6.4. Conclusão

A altura de planta em arroz possui herança genética quantitativa, onde o efeito genético mais importante na determinação da altura de planta em arroz é o efeito genético aditivo.

Existe uma alta influência dos componentes genéticos, principalmente da variância genética aditiva, na expressão fenotípica do caráter altura de planta em arroz nas populações segregantes analisadas.

O cruzamento entre BRS Querência x BRS Pampa possibilita a obtenção de maior ganho genético na seleção pois apresenta maior herdabilidade no sentido restrito.

O tipo de ação gênica é influenciado conforme os genitores analisados na combinação dos cruzamentos, sendo detectado ação gênica de dominância parcial e sobredominância no caráter altura de planta em arroz.

6.5. Referências

- 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**. Lages, v.13, n.2, p.181-189, 2014.
- CARGNELUTTI FILHO, A.; STORCK, L. Estatísticas de avaliação da precisão experimental em ensaios de cultivares de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.42, p.17-24, 2007.
- CONAB. **Acompanhamento da Safra Brasileira de Grãos: Décimo segundo Levantamento – Setembro 2017**. Companhia Nacional de Abastecimento, Brasília, Safra 2016/17, v.4, n.12, p.1-158. Disponível em: http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/17_09_12_10_14_36_boletim_graos_setembro_2017.pdf. Acesso em: 04 de dezembro de 2017.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. **Métodos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4.ed. - Viçosa, MG: Ed. UFV, 2012. 514p.
- CRUZ, C. D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. v.35, n.3, p.271-276, 2013
- CRUZ, C. D. Genes Software – extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum**. v.38, n.4, p.547-552, 2016.
- DEA, M. Y.; MOUSSA, S.; IBNOU, D.; NASSER, Y. K.; ADAM, A. Generation mean analysis to estimate genetic parameters of some traits for rice–weed competitiveness. **Journal of Plant Breeding and Crop Science**. v.7, n.6, p.163-169, 2015.
- DIVYA, B.; BISWAS, A.; ROBIN, S.; RABINDRAN, R.; JOEL, A. J. Gene interactions and genetics of blast resistance and yield attributes in rice (*Oryza sativa* L.). **Journal of Genetics**, v.93, n.2, p.415–424, 2014.
- DIXIT, S.; HUANG, B. E.; STA CRUZ, M. T.; MATURAN, P. T.; ONTOY, J. C. E.; KUMAR, A. QTLs for tolerance of drought and breeding for tolerance of abiotic and biotic stress: an integrated approach. **PLoS ONE**, v.9, n.10, e109574, 2014.
- GOVINTHARAJ, P.; TANNIDI, S.; SWAMINATHAN, M.; SABARIAPPAN, R. Estimates of genetic variability, heritability and genetic advance for blast resistance gene introgressed segregating population in rice. **International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences**. v.5, n.12, p.672-677, 2016.

HEFENA, A. G.; SULTAN, M. S.; ABDEL-MONEAM, M. A.; HAMMOUD, S. A.; BARUTÇULAR, C.; EL-SABAGH, A. **Journal of Agriculture Biotechnology**. v.01, n.02, p.49-58, 2016.

HENRIQUES, E. P.; MORAES, C. B.; SEBBENN, A. M.; TOMAZELLO FILHO, M.; MORAES, M. L. T.; MORI, E. S. Estimativa de parâmetros genéticos para caracteres silviculturais e densidade do lenho em teste de progênies de *Eucalyptus urophylla*. **Scientia Forestalis**. v.45, n.113, p.119-128, 2017.

HENRIQUES, F. S. A Revolução Verde e a biologia molecular. *Revista de Ciências Agrárias*, v.32, n.2, p.245-254, 2009.

KACHARABHAI, P. S. Genetic analysis of yield and its components traits in rice (*Oryza sativa* L.). **Electronic Journal of Plant Breeding**, v.6, n.1, p.19-25, 2015.

KAMARA, N.; ASANTE, M. D.; AKROMAH, R.; KAMARA, C. S. Genetic analysis of yield and yield components in *Oryza sativa* x *Oryza sativa* cross. **African Crop Science Journal**, v.25, n.4, p.539-550, 2017.

LOBO, V. L. S.; GIORDANO, L. B.; LOPES, C. A. Herança da resistência à mancha-bacteriana em tomateiro. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v.30 p.343-349, 2005.

MATHER, K.; JINKS, J. L. **Introdução à genética biométrica**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 242p. 1984.

MATOS FILHO, C. H. A.; GOMES, R. L. F.; FREIRE FILHO, F. R.; ROCHA, M. M.; LOPES, A. C. A.; NUNES, J. A. R. Herança de caracteres relacionados à arquitetura da planta em feijão-caupi. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.44, n.4, p.599-604, 2014.

MONNA, L.; KITAZAWA, N.; YOSHINO, R.; SUZUKI, J.; MASUDA, H.; MAEHARA, Y.; TANJI, M.; SATO, M.; NASU, S.; MINOBE, Y. Positional cloning of rice semidwarfing gene sd-1: rice 'green revolution gene' encodes a mutant enzyme involved in gibberellin biosynthesis. **DNA Research**. v.9, p.11–17, 2002.

RAHIMI, M.; RABIEI, B.; SAMIZADEH, H.; GHASEMI, A. H. Combining ability and heterosis in rice (*Oryza sativa* L.). **Journal of Agricultural Science and Technology**. v.12, n.2, p.223-231, 2010.

ROCHA, M. M.; CARVALHO, K. J. M.; FREIRE FILHO, F. R.; LOPES, A. C. A.; GOMES, R. L. F.; SOUSA, I. S. Controle genético do comprimento do pedúnculo em feijão-caupi. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.44, n.3, p.270-275, 2009.

SASAKI, A.; ASHIKARI, M.; UEGUCHI-TANAKA, M.; ITOH, H.; NISHIMURA, A.; SWAPAN, D.; ISHIYAMA, K.; SAITO, T.; KOBAYASHI, M.; KHUSH, G. S.; KITANO, H.; MATSUOKA, M. Green revolution: a mutant gibberellin-synthesis gene in rice – new insight into the rice variant that helped to avert famine over thirty years ago. **Nature**, v.416, p.701-702, 2002.

SHASHIDHARA, N.; BIRADAR, H.; HITTALMANI, S. Qualitative and quantitative genetic variations in the F2 inter varietal cross of rice (*Oryza sativa* L.) under aerobic condition and parental polymorphism survey. **International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences**. v.6, n.4, p.2215-2225, 2017.

SOUZA, A. M.; PEREIRA, R. A.; YOKOO, E. M.; LEVY, R. B.; SICHIERI, R. Alimentos mais consumidos no Brasil: Inquérito Nacional de Alimentação 2008-2009. **Revista de Saúde Pública**, v.47, p.190-199, 2013.

STRECK, E. A.; AGUIAR, G. A.; MAGALHÃES Jr., A. M.; FACCHINELLO, P. H. K.; OLIVEIRA, A. C. Variabilidade fenotípica de genótipos de arroz irrigado via análise multivariada. **Revista Ciência Agronômica**, v.48, n.1, p.101-109, 2017.

STRECK, E. A.; MAGALHÃES JR., A. M. de; AGUIAR, G. A.; FACCHINELLO, P. H. K.; FAGUNDES, P. R. R.; FRANCO, D. F.; NARDINO, M.; OLIVEIRA, A. C. de Genetic progress in 45 years of irrigated rice breeding in southern Brazil. **Crop Science**, 2018. No prelo.

UPADHYAY, M. N.; JAISWAL, H. K. Combining ability analysis for yield and earliness in hybrid rice (*Oryza sativa* L.). **Asian Journal of Crop Science**, v.7, p.81-86, 2015.

7. Considerações finais

Para uma eficiente condução nos diversos procedimentos e decisões executáveis em um determinado programa de melhoramento genético de arroz é fundamental o conhecimento e a compreensão da base genética dos caracteres. Possibilitando dessa forma, o desenvolvimento de novas linhagens de arroz com elevado potencial genético para os caracteres de interesse agrônomo.

Diante disso, os resultados obtidos nessa tese proporcionaram benefícios técnicos e práticos para a condução de um programa tradicional de melhoramento de arroz, direcionado a obtenção de cultivares produtivas e com perfil agrônomo desejável. Assim como, para os programas de melhoramento voltados ao desenvolvimento de cultivares de tipos especiais de grãos de arroz.

Com isso, por intermédio do conhecimento das estimativas dos parâmetros genéticos e do modo de ação gênica predominante para os caracteres teor de compostos fenólicos totais, as variáveis da cor do pericarpo de arroz, número de panículas por planta, peso de panícula, comprimento de panícula e altura de planta estudados irão permitir uma melhor eficiência nos programas de melhoramento genético.

Os ciclos consecutivos de seleções para maior teor de compostos fenólicos totais, conseqüentemente melhor qualidade nutricional, em populações segregantes de arroz pigmentado pode ser orientada por parâmetros da cor do pericarpo, facilitando ao melhorista o desenvolvimento de novas cultivares de arroz pigmentado com elevado potencial genético para atributos alimentares bioativos. Assim como, os demais caracteres estudados facilitaram os processos de melhoramento.

As informações produzidas nessa tese podem ser empregadas como ferramentas, a fim de possibilitar a definição de procedimentos técnicos e estratégias eficientes que proporcionaram o desenvolvimento e lançamento de novas cultivares de arroz.

8. Anexo

BRS Pampa: cultivar de pericarpo branco, originada a partir do cruzamento entre os genitores IRGA 417 e BRS Jaburu, visando combinar as características de boa qualidade de grãos, precocidade, produtividade de grãos e de tolerância a doenças. A BRS Pampa apresenta plantas do tipo “moderno” com folhas pilosas, ciclo precoce, elevado potencial produtivo, boa tolerância ao acamamento e às doenças predominantes. Seus grãos são longos finos, do tipo “agulhinha” de casca pilosa clara com baixa incidência de centro branco, e com textura solta e macia após a cocção. Apresenta excelentes atributos de qualidade e de cocção dos grãos, apresentando teor de amilose classificado como alto e temperatura de gelatinização baixa, como é esperado para uma cultivar com boas características de cocção (cozimento), típico do mercado consumidor brasileiro (MAGALHÃES JR. et al., 2012).

SCS 120 Ônix: cultivar de pericarpo preto desenvolvida para o mercado de tipos de grãos especiais de arroz. Originada a partir do cruzamento entre os genitores Epagri 107 e uma linhagem de pericarpo preto chamada Riso Nero, trazida da Universidade de Milão, Itália. Apresenta folhas pilosas, ciclo médio, moderada resistência ao acamamento, a brusone e a toxicidade por ferro, intermediário de grane, exerceção completa da panícula e ausência de arista. Possui grãos longo fino com qualidade nutricional diferenciada (rico em proteínas e fibras) e elevada atividade antioxidante. Deve ser consumido apenas na forma de arroz integral (WICKERT et al., 2013).

BRS Querência: cultivar originada a partir do cruzamento entre a linhagem CL 246 e a cultivar Zho Fee Nº 10. A BRS Querência apresenta plantas do tipo “moderno-americano”, ciclo precoce, folhas glabras, grãos lisos, ausência de arista e boa tolerância a doenças. Possui alta capacidade de afilamento, folha bandeira com inclinação intermediária (ângulo entre 31° e 60°), colmos vigorosos e fortes conferindo resistência ao acamamento. Destaca-se por apresentar panícula longa com grande número de espiguetas férteis, sendo os grãos longos finos (“agulhinha”), com elevado rendimento industrial, altamente translúcidos (“vítreos”), teor de amilose classificado como intermediário e temperatura de gelatinização intermediária/baixa (FAGUNDES et al., 2005).

BRS AG: desenvolvida a partir do cruzamento simples entre a cultivar americana Gulfmont de arroz irrigado e a linhagem SLG1, de origem japonesa, portadora de genes denominados *super large grain*, cujas dimensões do grão são maiores que o arroz convencional, sendo apelidada de "gigante". Caracteriza-se por apresentar massa média de mil grãos o dobro das cultivares convencionais, em torno de 52g. A cultivar BRS AG apresenta plantas do tipo intermediária, ciclo médio, ângulo da folha bandeira decumbente, possui pubescência no limbo foliar, resistência ao degrane e ao acamamento, baixa capacidade de afilamento, ausência de aristas, moderada resistência a toxidez por ferro, mancha dos grãos e ao brusone na folha e na panícula. O teor de amilose é classificado como alto e baixa temperatura de gelatinização. Cultivar destinada para produção de álcool de cereais ou alimentação animal (MAGALHÃES JR. et al. 2017).

Arbório: cultivar de origem italiana utilizada mundialmente para elaboração de risotos. Apresenta nó, internós, bainha, apícolo, aurícula, pálea e lema pigmentados, panícula do tipo aberta, pericarpo branco, baixo teor de amilose, elevada tolerância ao frio na fase germinativa, média tolerância a *Pyricularia oryzae* e *Bipolaris oryzae* e baixa exigência de fertilidade do solo (TAMBORINI; LEGNANI, 2005).

Referências

FAGUNDES, P. R. R.; MAGALHÃES JÚNIOR, A. M.; FRANCO, D. F.; RANGEL, P. H. N.; CUTRIN, V. A.; NEVES, P. C. F.; MOURA NETO, F. P.; SOARES, R. C. **BRS Querência: precocidade, produtividade e qualidade para a orizicultura gaúcha.** Pelotas: Embrapa Clima Temperado, Circular Técnica n.47, 2005. 6 p.

MAGALHÃES JR., A. M. de; FAGUNDES, P. R. R.; FRANCO, D. F.; MORAIS, O. P.; SIQUEIRA, F. G.; STRECK, E. A.; AGUIAR, G. A.; FACCHINELLO, P. H. K. BRS AG: first cultivar of irrigated rice used for alcohol production or animal feed. **Crop Breeding and Applied Biotechnology.** v.17, p.72-77, 2017.

MAGALHÃES JR., A. M. de; MORAES, O. P.; FAGUNDES, P. R. R.; MOURA NETO, F. P.; FRANCO, D. F.; NEVES, P. C. F.; NUNES, C. D. M.; RANGEL, P. H. N.; PETRINI, J. A.; SEVERO, A. C. M. **BRS Pampa: Cultivar de arroz irrigado de alta produtividade e excelência na qualidade de grãos.** Pelotas: Embrapa Clima Temperado, Comunicado Técnico n. 282, 2012. 8 p.

TAMBORINI, L.; LEGNANI, C. **Le varietà di riso coltivate in Italia: caratteristiche e criteri di scelta.** Ed. Dow AgroSciences. 2005. 225 p.

WICKERT, E.; SCHIOCCHET, M. A.; NOLDIN, J. A.; RAIMONDI, J. V.; KLEVESTON, R.; ANDRADE, A.; SCHEUERMANN, K. K.; MARTINS, G. N.; MARSCHALEK, R.; HICKEL, E.; EBERHARDT, D. S.; KNOBLAUCH, R. **SCS119 RUBI E SCS120 ÔNIX: Novas variedades para o mercado de tipos especiais de arroz.** In: VIII Congresso Brasileiro de Arroz Irrigado - "Avaliando cenários para a produção sustentável de arroz". Santa Maria, 2013, v.1, p.133-136.