

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



Tese

**Ação gênica, parâmetros genéticos e ganho por seleção de atributos físicos
relacionados a qualidade de grãos em arroz**

Paulo Henrique Karling Facchinello

Pelotas, 2021

Paulo Henrique Karling Facchinello

**Ação gênica, parâmetros genéticos e ganho por seleção de atributos físicos
relacionados a qualidade de grãos em arroz**

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 de conhecimento: Fitomelhoramento).

Orientador: Dr. Ariano Martins de Magalhães Júnior

Co-orientador: Dr. Luciano Carlos da Maia

Pelotas, 2021

Universidade Federal de Pelotas / Sistema de Bibliotecas
Catalogação na Publicação

F137a Facchinello, Paulo Henrique Karling

Ação gênica, parâmetros genéticos e ganho por seleção de atributos físicos relacionados a qualidade de grãos em arroz / Paulo Henrique Karling Facchinello ; Ariano Martins de Magalhães Júnior, orientador ; Luciano Carlos da Maia, coorientador. — Pelotas, 2021.

107 f. : il.

Tese (Doutorado) — Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Universidade Federal de Pelotas, 2021.

1. *Oryza sativa* L.. 2. Rendimento de engenho. 3. Grãos inteiros. 4. Grãos vítreos. 5. Grãos gessados. I. Magalhães Júnior, Ariano Martins de, orient. II. Maia, Luciano Carlos da, coorient. III. Título.

CDD : 633.18

Paulo Henrique Karling Facchinello

**Ação gênica, parâmetros genéticos e ganho por seleção de atributos físicos
relacionados a qualidade de grãos em arroz**

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

Data de Defesa da Tese: 21/07/2021

Banca Examinadora:

Prof. Dr. Ariano Martins de Magalhães Júnior: _____
(Embrapa Clima Temperado)

Dra. Gabriela de Magalhães da Fonseca: _____
(IRGA)

Dr. Rubens Marschalek: _____
(EPAGRI)

Dr. Ivan Ricardo Carvalho: _____
(UNIJUI)

Dedico,

*à minha família, pai Paulo, mãe Marilete,
meus irmãos Luís Paulo e Roberto e noiva Renata,
pelos ensinamentos, apoio, credibilidade,
companheirismo, paciência e amor incondicional.*

Agradecimentos

A Deus por iluminar meu caminho, meus pensamentos e ações em todos os dias da minha vida, me fortalecendo em todos os momentos difíceis.

Ao Pesquisador Dr. Ariano Martins de Magalhães Júnior pela oportunidade, confiança, paciência, orientação, amizade e incentivo.

Aos Prof. Dr. Luciano Carlos da Maia pelos ensinamentos transmitidos.

Aos Pesquisadores e Professores Drs. Gabriela de Magalhães da Fonseca, Rubens Marschalek e Ivan Ricardo Carvalho pela disponibilidade de avaliação da tese.

Aos Professores, colegas e amigos Eduardo e Gabriel pelo companheirismo, disponibilidade, colaborações, ensinamentos, conselhos e amizade.

Aos professores do Programa de Pós-Graduação em Agronomia pelos conhecimentos transmitidos.

Aos colegas, Michele, Roberto e Janaína, pela ajuda e paciência, onde sem vocês o trabalho se tornaria muito mais difícil.

Aos funcionários da Embrapa, em especial a toda equipe do MelhorArroz por todo auxílio na condução dos experimentos, além da amizade, incentivo e apoio.

A todos os meus amigos, colegas e familiares, que sempre me apoiaram.

A Universidade Federal de Pelotas pela oportunidade de participar do PPG em Agronomia, para a obtenção do grau de Doutor.

A Embrapa Clima Temperado pela disponibilidade dos campos experimentais, laboratórios e toda infraestrutura para condução das minhas pesquisas.

A CAPES pela concessão da bolsa de estudos.

A todos aqueles que, de alguma forma, acreditaram no meu potencial e colaboraram para que eu realizasse o doutorado.

Resumo

FACCHINELLO, Paulo Henrique Karling. **Ação gênica, parâmetros genéticos e ganho por seleção de atributos físicos relacionados a qualidade de grãos em arroz.** 2021. 107f. Exame de Defesa de Doutorado - Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, 2021.

Para auxiliar os pesquisadores no desenvolvimento de genótipos superiores, é necessário o entendimento dos processos genéticos dos caracteres agrônômicos desejados. Na literatura existem poucos trabalhos referentes à genética dos atributos de qualidade de grãos de arroz utilizando delineamento genético completo. Esta tese teve por objetivos determinar os parâmetros genéticos, como herdabilidade, herança genética e o tipo de ação gênica, analisar os componentes de variâncias, estimar o ganho genético de seleção, avaliar as diferentes pressões de seleção, revelar o desempenho agrônômico, as tendências e inter-relações genéticas dos atributos físicos de qualidade de grãos em genótipos de arroz irrigado. Foram realizados três experimentos na Estação Experimental Terras Baixas da Embrapa Clima Temperado nas safras do período de 2014 a 2018, utilizando-se o scanner digital S21 para mensuração dos caracteres de qualidade de grãos de arroz. A ação gênica foi determinada pelo método de análise de gerações segregantes, com o delineamento genético completo de seis gerações, baseadas no modelo completo e modelo aditivo-dominante, utilizou-se os cruzamentos entre BR-IRGA 409 x BRS Bojuru e seu recíproco, obtendo assim as gerações F_1 , F_2 e os retrocruzamentos (RC_1 e RC_2), conduzidos juntos na mesma safra. Determinou-se que a herança genética é quantitativa e o efeito genético aditivo é o principal atuante. Para o ganho de seleção, foram realizadas seleções nas gerações segregantes F_3 , F_4 e F_5 , em oito populações segregantes (famílias) oriundas de diferentes cruzamentos. Realizou-se a análise dos parâmetros genéticos, resposta à seleção, utilizando diferentes pressões de seleção. Determinou-se ganhos genéticos para os caracteres estudados a partir de seleções em gerações precoces e a resposta a seleção com uma pressão de 10% se torna muito promissora para os atributos de qualidade de grãos do arroz irrigado. Por último, as tendências e inter-relações genéticas da qualidade dos grãos baseadas em modelos multivariados foram aplicados em linhas elite de arroz irrigado. A experimentação foi conduzida com delineamento de blocos completamente casualizados, com três repetições, com quinze linhagens F_6 e quatro cultivares testemunhas. Os resultados demonstraram que as linhagens PH18502 e PH18701 apresentaram melhor desempenho agrônômico para os caracteres estudados, pela análise univariada. As correlações lineares e correlações canônicas apresentadas, demonstram-se potenciais na direção de seleção de múltiplos caracteres e apontam a possibilidade de seleção indireta entre os caracteres agrônômicos relevantes para a cadeia produtiva de arroz irrigado.

Palavras-chave: *Oryza sativa* L.; rendimento de engenho; grãos inteiros; grãos vítreos; grãos gessados.

Abstract

FACCHINELLO, Paulo Henrique Karling. **Gene action, genetic parameters and selection gain of physical attributes related to grain quality in rice.** 2021. 107p. Exam Doctor's degree – Agronomy Post-graduation Program, Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, 2021.

To assist researchers in the development of superior genotypes, it is necessary to understand the genetic processes of the desired agronomic traits. In the literature there are few studies regarding the genetics of quality attributes of rice grains using complete genetic design. This thesis aimed to determine genetic parameters such as heritability, genetic inheritance and type of gene action, analyze variance components, estimate selection gain, evaluate different selection pressures, reveal agronomic performance, trends and inter-genetic relationships of physical attributes of grain quality in irrigated rice genotypes. Three experiments were carried out at the Experimental Station Terras Baixas of Embrapa Clima Temperado in the seasons from 2014 to 2018, using the S21 digital scanner to measure the characters of rice grain quality. Gene action was determined by the method of analysis of segregating generations, with the complete genetic design of six generations, based on the complete model and the additive-dominant model, using the crosses between BR-IRGA 409 x BRS Bojuru and their reciprocal, thus obtaining the F1, F2 and backcross generations (RC1 and RC2), conducted together in the same harvest. It has been determined that genetic inheritance is quantitative, and the additive genetic effect is the main contributor. For selection genetic gain, selections were performed in segregating generations F3, F4 and F5, in eight segregating populations (families) from different crosses. The analysis of genetic parameters, response to selection, was carried out using different selection pressures. Genetic gains for the studied characters were determined from selections in early generations and the response to selection with a pressure of 10% becomes very promising for the grain quality attributes of irrigated rice. Finally, grain quality trends and genetic interrelationships based on multivariate models were applied to elite irrigated rice lines. The experiment was carried out in a completely randomized block design, with three replications, with fifteen F6 lines and four control cultivars. The results showed that the lines PH18502 and PH18701 presented better agronomic performance for the studied characters, by univariate analysis. The linear correlations and canonical correlations presented, show potential in the direction of selection of multiple characters and point to the possibility of indirect selection among the relevant agronomic characters for the irrigated rice production chain.

Keywords: *Oryza sativa* L.; whole grains; vitreous grains; chalk grains; selection gain.

Lista de Figuras

Figura 1. Diferenças do grão vítreo para os demais defeitos físicos dos grãos em arroz. A - Grão Vítreo; B - Grão Gessado; C - Centro de Gesso/ Barriga Braca; D - Centro de Gesso Barriguinha; E - Amarelo Grave; F – Grão Amarelo; G - Ardido/Mofado; H - Grão Rajado; I - Grão Picado; J - Partículas Invasoras. Fonte: MAGALHÃES JR. et al., 2020.	19
Figura 2. Disposição dos genótipos no campo experimental.	37
Figura 3. Correlação linear de Pearson entre os caracteres de qualidade de grãos de arroz irrigado dos 19 genótipos de arroz irrigado. *, ** e *** indicam as diferenças significativas em níveis de $P < 0,05$, $P < 0,01$ e $P < 0,001$, respectivamente. AG – área gessada total (%); BB - percentual de grãos com barriga branca (%); DC – Defeitos totais de coloração (%); BRT – constante de brancura total; BV – constante de brancura vítrea dos grãos; CC – comprimento da cariopse (mm); LG - largura da cariopse (mm); CL – relação comprimento x largura da cariopse (mm); INT – percentual de grãos inteiros (%) e QB – percentual de grãos quebrados (%); RG – rendimento de grãos (g); NG – número de grãos por amostra de 60g; GES – percentual de grãos totalmente gessados; AMA – percentual de grãos amarelos; ARM - percentual de grãos ardidos e mofados; MAN - percentual de grãos manchados; RAJ – percentual de grãos rajados.	95
Figura 4. Dendrograma da distância genética dos genótipos de arroz irrigado para os caracteres de estudados em arroz irrigado.	99
Figura 5. Gráfico dos pesos de PC1 (Dim1) e PC2 (Dim2) para dezesseis propriedades: AG – área gessada total (%); BB - percentual de grãos com barriga branca (%); DC – Defeitos totais de coloração (%); BRT – constante de brancura total; BV – constante de brancura vítrea dos grãos; COP – comprimento da cariopse (mm); LRG - largura da cariopse (mm); CL – relação comprimento x largura da cariopse (mm); INT – percentual de grãos inteiros (%) e QB – percentual de grãos quebrados (%); RG – rendimento de grãos (g); NG – número de grãos por amostra de 60g; GES – percentual de grãos totalmente gessados; AAR – percentual de grãos amarelos; ARF - percentual de grãos ardidos e mofados; MAN - percentual de grãos manchados; RAJ – percentual de grãos rajados.	100

Lista de Tabelas

Tabela 1. Classificação da herdabilidade segundo Carneglutti Filho; Storck (2007).	38
Tabela 2. Classificação do tipo de interação intra-alélica sobre o caráter quanto ao grau médio de dominância (GMD).	39
Tabela 3. Análise de variância considerando os genitores (G_1 e G_2) e as gerações F_1 e F_2 , no cruzamento entre BR-IRGA 409 x BRS Bojuru e recíproco para todos os caracteres estudados.	40
Tabela 4. Número de plantas avaliadas (N), médias (X) e variâncias (σ^2) a partir de G_1 , G_2 , F_1 , F_2 , RC_1 e RC_2 em arroz, nos cruzamentos entre BR-IRGA 409 x BRS Bojuru e seu recíproco para todos os caracteres estudados.	42
Tabela 5. Teste de significância da hipótese de nulidade dos parâmetros genéticos estimados a partir do modelo completo, com base nas médias dos caracteres estudados, em arroz, obtidas a partir de G_1 , G_2 , F_1 , F_2 , RC_1 e RC_2 dos cruzamentos entre BR-IRGA 409 x BRS BOJURU e seu recíproco.	44
Tabela 6. Decomposição não ortogonal da soma de quadrados (SQ) de parâmetros (m, a, d, aa, ad, dd), pelo método de eliminação de Gauss, para todos os caracteres estudados, em arroz, obtidas a partir de G_1 , G_2 , F_1 , F_2 , RC_1 e RC_2 dos cruzamentos entre BR-IRGA 409 x BRS Bojuru e seu recíproco.	46
Tabela 7. Teste de significância da hipótese de nulidade dos parâmetros genéticos estimados a partir do modelo aditivo-dominante, com base nas médias dos caracteres estudados, em arroz, obtidas a partir de G_1 , G_2 , F_1 , F_2 , RC_1 e RC_2 dos cruzamentos entre BR-IRGA 409 x BRS BOJURU e seu recíproco.	48
Tabela 8. Médias observadas (Y) e estimadas ($\hat{Y}$) para todos os caracteres estudados, em arroz, obtidas a partir de G_1 , G_2 , F_1 , F_2 , RC_1 e RC_2 dos cruzamentos entre BR-IRGA 409 x BRS BOJURU e seu recíproco.	49
Tabela 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 estudados, em arroz, obtidas a partir de G_1 , G_2 , F_1 , F_2 , RC_1 e RC_2 dos cruzamentos entre BR-IRGA 409 x BRS BOJURU e seu recíproco.	51
Tabela 10. Predição de ganhos genéticos com a seleção de 10% dos melhores indivíduos (Plantas) para os caracteres estudados, em arroz, obtidas a partir de G_1 , G_2 , F_1 , F_2 , RC_1 e RC_2 dos cruzamentos entre BR-IRGA 409 x BRS BOJURU e seu recíproco.	52
Tabela 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 estudados, em arroz, obtidas a partir de G_1 , G_2 , F_1 , F_2 , RC_1 e RC_2 dos cruzamentos entre BR-IRGA 409 x BRS BOJURU e seu recíproco.	54

Tabela 12. Lista das populações segregantes (famílias) e seus genitores	64
Tabela 13. Parâmetros genéticos e componentes de variância dos caracteres de qualidade de grãos de oito famílias do arroz irrigado, nas gerações F3, F4 e F5.	67
Tabela 14. Estimativas e classificação das 8 famílias da geração F3 e das 3 testemunhas, valores genotípicos previstos (g), valores genotípicos ($\mu + g$) e nova média (NM) prevista (BLUP) para os caracteres de qualidade de grãos do arroz. ...	71
Tabela 15. Estimativas e classificação das 8 famílias da geração F4 e das 3 testemunhas, valores genotípicos previstos (g), valores genotípicos ($\mu + g$) e nova média (NM) prevista (BLUP) para os caracteres de qualidade de grãos de arroz	72
Tabela 16. Estimativas e classificação das 8 famílias da geração F5 e das 3 testemunhas, valores genotípicos previstos (g), valores genotípicos ($\mu + g$) e nova média (NM) prevista (BLUP) para os caracteres de qualidade de grãos de arroz	73
Tabela 17. Resposta a seleção das 8 famílias nas gerações F3, F4 e F5, para os caracteres de qualidade de grãos de arroz em diferentes níveis de seleção (%)	76
Tabela 18. Lista dos genótipos utilizados e seus genitores.....	87
Tabela 19. Classificação da herdabilidade segundo Hallauer et al. (1988).....	88
Tabela 20. Resumo da análise de variâncias e parâmetros genéticos dos caracteres de qualidade de grãos de arroz irrigado das linhagens de geração F6 e testemunhas	90
Tabela 21. Teste de agrupamentos de médias pelo método de Scott Knott para os 12 caracteres de qualidade de grãos de arroz irrigado das linhagens em geração F6 e testemunhas com diferença significativa ao nível de probabilidade de 5% pelo teste F	92
Tabela 22. Correlação canônica entre as cargas dos caracteres de produtividade (grupo 1) e os caracteres de qualidade de grãos (grupo 2) dos 19 genótipos de arroz irrigado.	97

Sumário

Agradecimentos	4
1. Introdução Geral	12
1.1 Referências	14
2. Revisão de literatura	15
2.1 Origem, domesticação, descrição botânica e taxonomia do arroz	15
2.2 Melhoramento genético de arroz e suas perspectivas	17
2.3 Parâmetros genéticos, ação gênica e ganho por seleção.....	20
2.4 Análises multivariadas em arroz	23
2.5 Referências	25
3. Capítulo I: Ação Gênica e Parâmetros Genéticos de Caracteres Relacionados a Qualidade de Grãos em Arroz	30
3.1 Resumo.....	31
3.2 Abstract.....	32
3.3 Introdução	32
3.4 Material e métodos.....	35
3.5 Resultados e discussão	40
3.6 Conclusão	55
3.7 Referências	56
4. Capítulo 2 - Ganhos genéticos preditos ponderados por pressões de seleção para a qualidade dos grãos de arroz irrigado	60
4.1 Resumo.....	61
4.2 Abstract.....	61
4.3 Introdução	62

4.4 Material e métodos.....	64
4.5 Resultados e discussão	66
4.6 Conclusão	77
4.7 Referências	78
5. Capítulo 3 - Tendências genéticas e inter-relações multivariadas para a qualidade de grãos de genótipos de arroz irrigado.....	82
5.1 Resumo.....	83
5.2 Abstract.....	83
5.3 Introdução	84
5.4 Material e Métodos.....	86
5.5 Resultados e Discussão.....	88
5.6 Conclusão	102
5.7 Referências	102
6. Considerações finais.....	107

1. Introdução Geral

O aumento da produção, bem como a melhor qualidade dos alimentos, tem sido motivo de grandes preocupações e discussões em âmbito mundial, decorrentes do aumento populacional. Tal fato intensifica os esforços no desenvolvimento de métodos e tecnologias, com o intuito de superar e combater as dificuldades para a melhoria da produtividade e qualidade dos alimentos. Estes esforços são principalmente direcionados para as culturas componentes da base alimentar da população mundial e apresentam um elevado potencial para o melhoramento destes atributos.

O arroz (*Oryza sativa* L.) apresenta um importante papel estratégico em níveis econômicos e sociais, além de ser fundamental na nutrição humana, sendo responsável por suprir 20% das calorias consumidas na alimentação de pessoas mundialmente, além de ser a base da alimentação de mais de três bilhões de pessoas (SOSBAI, 2018). Possui um excelente balanço nutricional, apresentando 20% da energia e 15% da proteína per capita necessária ao homem, além de ser uma cultura adaptada a condições distintas de ambientes, desta forma, é considerada a espécie de maior potencial para combater a fome no mundo (GOMES; MAGALHÃES Jr., 2004). Segundo a FAO (2018), o arroz é o segundo cereal mais cultivado no mundo, com área cultivada de aproximadamente 167,1 milhões de hectares, com produtividade média de 4.670 kg ha⁻¹. O continente asiático responde por mais de 90% da produção total do cereal, liderados principalmente pela China, Índia e Indonésia.

O Brasil é o nono produtor mundial de arroz e o maior produtor fora do continente asiático, com uma produção anual de 10,6 a 13,6 milhões de toneladas de arroz entre as safras de 2009/10 e 2017/18 (SOSBAI, 2018). Dentre toda esta produção de arroz brasileira, apenas o estado do Rio Grande do Sul é responsável por aproximadamente 76%, seguido por Santa Catarina com produção de 12% na última safra 2019/2020 (CONAB, 2020). Nestes dois estados sulinos o cultivo do arroz é realizado sob sistema irrigado com lâmina de água, sendo que este sistema contempla uma maior produtividade em relação ao cultivo de sequeiro.

Há muito tempo o melhoramento genético tem contribuído em ganhos significativos para características agrônômicas da cultura do arroz irrigado, tendo como foco principal a busca por genótipos com alta produtividade, elevada qualidade

de grãos (qualidade física, qualidade bioquímica, qualidade de cozimento e nutricional), tolerância a estresses abióticos como resistência a frio, seca e salinidade, tolerância a estresses bióticos como resistência e/ou tolerância a brusone (*Magnaporthe grisea*).

A qualidade de grãos de arroz, ganhou muito ênfase nos últimos anos. Trata-se de uma característica complexa que reflete as opiniões de produtores, processadores, vendedores e consumidores em relação à produção, processamento, comercialização e consumo do grão (ZHOU et al., 2020). São características quantitativas, influenciadas por muitos genes, além de influenciadas simultaneamente por muitos fatores ambientais. Nas últimas décadas, o melhoramento de cultivares semi-anãs e híbridos tem contribuído significativamente para a obtenção de altas demandas de produtividade, contudo, para os híbridos a qualidade dos grãos ainda não é satisfatória, o que, portanto, precisa da atenção dos pesquisadores (FIAZ et al., 2019).

Sabe-se que o processo de melhoramento genético de plantas demanda muito tempo, investimento e mão de obra, desta forma, são extremamente necessários o emprego de várias ferramentas ao longo dos processos de avaliação e seleção de genótipos que visam auxiliar o ganho genético após as gerações. Entre estas ferramentas estão os estudos para obtenção das estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos, tais como herdabilidade, herança genética, efeito materno, correlações genéticas e fenotípicas e ganhos esperados com a seleção, sendo fundamentais, pois podem auxiliar imensamente na tomada de decisões pelo pesquisador (CAZASSA et al., 2019). Estes estudos direcionam a seleção dos caracteres, se devem ser feitas em etapas iniciais e/ou avançadas de um programa, e também auxiliam no estabelecimento de pesos que devem ser atribuídos a cada caráter, separadamente ou em conjunto (RAMALHO et al., 2012). Além disso, auxiliam os melhoristas em relação à manutenção dos genótipos do banco de trabalho do programa de melhoramento e indicando eventualmente a necessidade de ampliação da variabilidade.

Desta forma este trabalho teve por objetivos determinar os parâmetros genéticos, como herdabilidade, herança genética e o tipo de ação gênica, analisar os componentes de variâncias, estimar o ganho de seleção, avaliar as diferentes pressões de seleção, revelar o desempenho agrônômico, as tendências e inter-

relações genéticas dos atributos físicos de qualidade de grãos em genótipos de arroz irrigado.

1.1 Referências

- CAZASSA, R. S.; TOMÉ, L. M.; DE LIMA, I. P.; BOTELHO, F. B. S.; MOURA, A. M.; DE SOUSA REIS, M.; DE OLIVEIRA, T. V. S. Herdabilidade como peso econômico na aplicação de índices de seleção no melhoramento de arroz. **Brazilian Journal of Development**, v.5(9), p.14644-14651. 2019.
- CONAB. **Acompanhamento de Safra Brasileira de Grãos**: Levantamento - Setembro de 2020. Disponível em: www.conab.com.br Acesso em: 25 de nov. 2020.
- FAO, 2018. **FAO Rice Market Monitor**, December 2018. Disponível em: <http://www.fao.org/economic/est/publications/rice-publications/rice-market-monitor-rmm/en/>. Acesso em: 25 de nov. 2020.
- FAZ, S.; AHMAD, S.; ALI NOOR, M.; WANG, X.; YOUNAS, A.; RIAZ, AAMIR; RIAZ, ADEEL; ALI, F. Applications of the CRISPR/Cas9 system for rice grain quality improvement: Perspectives and opportunities. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 20, n. 4, p. 1–18, 2019.
- GOMES, A.S.; MAGALHÃES JR., A. M. **Arroz Irrigado no Sul do Brasil**. Pelotas: Embrapa Clima Temperado, 899p. 2004.
- RAMALHO, M. A. P, ABREU, A. F. B, SANTOS, J. B. NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. UFLA. Lavras, 522p. 2012.
- SOCIEDADE SUL-BRASILEIRA DE ARROZ IRRIGADO (SOSBAI). **Arroz irrigado: recomendações técnicas da pesquisa para o Sul do Brasil**. Cachoeirinha, RS: SOSBAI, p. 200, 2018.
- ZHOU, H.; XIA, D.; HE, Y. Rice grain quality—traditional traits for high quality rice and health-plus substances. **Molecular Breeding**, v. 40, n. 1, p. 1–17, 2020.

2. Revisão de literatura

2.1 Origem, domesticação, descrição botânica e taxonomia do arroz

O arroz cultivado, caracteriza-se por ser uma gramínea anual, classificada no grupo de plantas com sistema fotossintético C-3, ou seja, basicamente pela formação de ácido 3-fosfoglicérico após a fixação das moléculas de CO₂ pela enzima fixadora RuBisCo (carboxilase e oxigenasse) (MOREIRA, 2013). Possui adaptação ao ambiente aquático, devido à presença de aerênquima (tecido que apresenta grandes lacunas de ar) no colmo e nas raízes da planta, que possibilita a passagem de oxigênio do ar para a camada da rizosfera, apresenta sistema radicular fasciculado, caules arredondados e ocos, folhas com limbo foliar plano e inflorescência do tipo panícula (SOSBAI, 2018).

O arroz foi encontrado em sítios arqueológicos que datam de 9.000 anos a.C., embora a data de domesticação do arroz ainda se encontra em debate (SWEENEY & MCCOUCH, 2007). As espécies de arroz estão compreendidas na ordem Glumiflorae, família Poaceae (também conhecida como gramíneas), na tribo Oryzea, e pertence ao gênero *Oryza*, no grupo das monocotiledôneas por apresentar um único embrião e um só cotilédone (BOTELHO, 1914).

A tribo Oryzae, de mais importância alimentar, que contém o gênero *Oryza*, possui vinte e uma espécies selvagens identificadas e duas espécies cultivadas, são estas *Oryza glaberrima* Steud. (arroz cultivado africano) e *Oryza sativa* L. (arroz cultivado asiático) (KHUSH, 1997).

Presume-se que estas duas espécies de arroz cultivado, o asiático e o africano, devam ter um ancestral comum, mas até o momento, não se tem um consenso quanto à ligação da evolução entre as espécies (STRECK, 2018). Uma das propostas, enfatiza que o provável genitor comum das duas espécies, seja arroz *Oryza perennis* (PEREIRA, 2002). Outra proposta, indica que o *Oryza glaberrima*, foi domesticada de maneira independente na África, a partir da espécie selvagem *Oryza barthii* (WANG et al., 2014). Entretanto, independente de um ancestral comum, evidências apontam no sentido de que as duas formas de domesticação tenham ocorrido de modo paralelo, mas individualmente.

Alguns autores têm se referido à Índia, uma das regiões de maior diversidade e onde ocorrem numerosas variedades endêmicas, destacando-se as províncias de

Bengala e Assam, bem como Mianmar, como centros de origem destas espécies (PEREIRA, 2002).

Outros historiadores e cientistas apontam a região do sudeste da Ásia como o local de origem do arroz, sendo para *Oryza sativa* o vale do Yangtze como local mais aceito, a partir deste ponto o arroz diversificou-se durante um evento de resfriamento global cerca de 4.200 anos atrás (GUTAKER et al., 2020). Durante a domesticação, alguns ecótipos de espécies selvagens foram selecionados para aumentar a produtividade, sendo que essas seleções moveram-se conforme o humano migrava para as áreas geográficas onde as demais espécies selvagens costumavam crescer (VAUGHAN et al., 2003). Com esta diversificação por processos evolutivos e de domesticação do arroz, surgiram muitos grupos geneticamente diferentes, os quais se adaptaram às mais variadas condições agroecológicas (KHUSH, 1997). Com isso, atualmente são descritas três subespécies de *Oryza sativa*, sendo *indica* e *japonica* as mais cultivadas, seguidas pela terceira subespécie conhecida como *javanica* ou *japonica tropical* (LONDO et al., 2006).

Estudos utilizando uma abordagem genômica paleontológica indicam que, está diferenciação em duas principais subespécies *indica* e *japônica*, os dois genomas divergiram um do outro por pelo menos 200.000 anos atrás, ou seja, em um momento que é claramente mais antigo do que a data de domesticação da cultura (10.000 anos atrás, durante a Neolítico tardio). Entretanto, outros dados experimentais fornecem evidências adicionais para a proposta que o arroz *indica* e *japonica* surgiram de dois eventos de domesticação independentes na Ásia (HORIE et al., 2000; VITTE et al., 2004; BRESEGHELLO, 2013). Estudos recentes com utilização de tecnologias moleculares, sugerem ambos foram domesticados pelo menos duas vezes de diferentes populações de *O. rufipogon*. Com base em análise geográfica, *O. sativa* subesp. *indica* foi domesticada em uma região ao sul da cordilheira do Himalaia, provavelmente no leste da Índia, Mianmar e Tailândia, enquanto *O. sativa* japônica foi domesticada a partir de arroz selvagem no sul da China (LONDO et. al, 2006).

O arroz *O. sativa* subesp. *japonica* por volta de 2.500 anos a.C. alcançou o sudeste da Ásia, onde se diversificou rapidamente. Posteriormente foi introduzido na Coreia e Japão, depois provavelmente pelo sul da China, chegou as Filipinas, sendo cultivado há 2000 anos (GUTAKER et al., 2020). Paralelamente, através do sul da

Índia, o arroz foi propagado para a Indonésia e Ceilão (GOMES & MAGALHÃES JR., 2004). A história da dispersão do arroz *indica* parece mais complicada, movendo-se para a China por volta de 2.000 anos a.C. (GUTAKER et al., 2020). O cultivo do arroz nas Américas teve início muitos anos depois, em data pós colombiana, 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. & OLIVEIRA, 2008).

O arroz africano (*Oryza glaberrima* Steud.) teve origem na África Ocidental, onde se encontra praticamente restrita sua área de exploração e consumo, mais precisamente no Delta Central do Niger. Segundo alguns historiadores, há evidências de que o cultivo deste arroz tenha começado cerca de 1500 anos a.C.. Posteriormente, com a introdução do arroz asiático pelos portugueses e holandeses na costa da África Ocidental, ocorreu a substituição do cultivo do arroz africano pelo asiático, em função da sua melhor adaptação e por apresentar cariopse branca, uma vez que, de uma maneira geral, o *O. glaberrima* possui cariopse com coloração vermelha. (CARNEY & MARIN, 2004; MAGALHÃES JR., 2007)

As duas espécies cultivadas de arroz, citogeneticamente, são diplóides com número básico (x) de 12 cromossomos ($2n = 24$, no tecido somático). Embora apresentem muitas semelhanças, existem diferenças entre seus genomas e, devido a isto, o genoma do *O. sativa* é representado por AA e o da *O. glaberrima*, por AgAg. Mesmo com a possibilidade de cruzamento natural entre si (hibridação), dependendo da interação genótipo-ambiente, ambas as espécies são predominantemente autógamas. Também apresentam cleistogamia, na qual, a fecundação ocorre antes ou no momento da abertura das glumelas (lema e pálea), expondo o pistilo de estigma bifurcado, os estames e as anteras com o pólen (MAGALHÃES JR. & OLIVEIRA, 2008).

2.2 Melhoramento genético de arroz e suas perspectivas

O processo evolutivo da rizicultura levou à adaptação das plantas às mais variadas condições ambientais. No Brasil são considerados dois sistemas de produção para a cultura, o de várzea (irrigado ou inundado) e de terras altas (sequeiro) (DE LIMA et al., 2020). A maior parte das cultivares utilizadas de arroz no Brasil é do grupo *indica*, sendo obtida por cruzamentos entre linhagens introduzidas principalmente do Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT) e do

International Rice Research Institute (IRRI). Além disso, existe um estreitamento genético dos bancos de germoplasma desde os anos 90, devido ao uso da cultivar IR 8 como um dos genitores base, ou até mesmo de linhagens descendentes dela (RANGEL et al., 1996). IR 8 foi a primeira variedade semi-anã, sendo a responsável pela “revolução verde do arroz”, com altas produtividades e rápida adoção pelos agricultores da época, apresentando estrutura de planta com porte baixo, colmo forte, folhas eretas e alto perfilhamento (RANGEL & NEVES, 1995). Este estreitamento da variabilidade genética tornou-se um fator complicador para os programas de melhoramento genético, e levou a ganhos de seleção cada vez menores, denominado “platô” de ganhos genéticos, principalmente para a produtividade.

O desenvolvimento e recomendação de cultivares com alto potencial produtivo é uma demanda prioritária (GRENIER et al., 2015). Contudo, os pilares atuais da pesquisa têm procurado melhorar a rentabilidade da cultura, além da melhoria na produtividade, mas também através da qualidade e da sustentabilidade ambiental (ANDRADE et al., 2021). Isto se deve à necessidade de redução dos custos de produção e de aumento da rentabilidade da cultura, aliada à exigência cada vez mais crescente pelo mercado consumidor de um produto de melhor qualidade, provocando uma forte demanda por cultivares de arroz de ciclo precoce a semi-precoce (100 a 120 dias até a colheita) e que apresentem, ao mesmo tempo, elevado potencial genético de produtividade e superior qualidade de grãos (PEREIRA & RANGEL, 2001).

Para o caráter de produtividade, os programas de melhoramento de arroz irrigado estão em estágios bastante avançados, desta forma, a intensificação da pressão de seleção para os caracteres de qualidade dos grãos, que ainda é muito recente nos programas de melhoramento, necessitam de técnicas superiores de melhoramento e estudos da contribuição genética para este caráter. Os atributos de qualidade de grãos já são tidos como um fator prioritário, tal qual a produtividade, na seleção para lançamento de cultivares. Devido basicamente ao aumento da exigência do consumidor, bem como, a padrões exigidos pela indústria na comercialização do produto (STRECK et al., 2018).

Dentre estes atributos, pode-se destacar a qualidade física do grão expressa por renda no benefício, rendimento de inteiros, aspecto e dimensões dos grãos (MINGOTTE et al., 2012). Outra propriedade física importante relacionada com a

qualidade do grão de arroz é a translucidez (EDWARDS et al., 2017). Os principais defeitos físicos dos grãos, além dos já citados acima, estão dispostos na Figura 1 (MAGALHÃES JR. et al., 2020), atualmente tem se obtido sucesso na identificação e mensuração destes atributos utilizando pequenas amostras através de equipamentos e softwares de scanners digitais de grãos (como S21 e Selgron), possibilitando utilização desde as gerações segregantes precoces de seleção, visto que a mensuração destes atributos demandava amostras muito grandes e com métodos destrutivos, impossibilitando o uso em plantas individuais, onde uma parte considerável das sementes seriam descartadas.

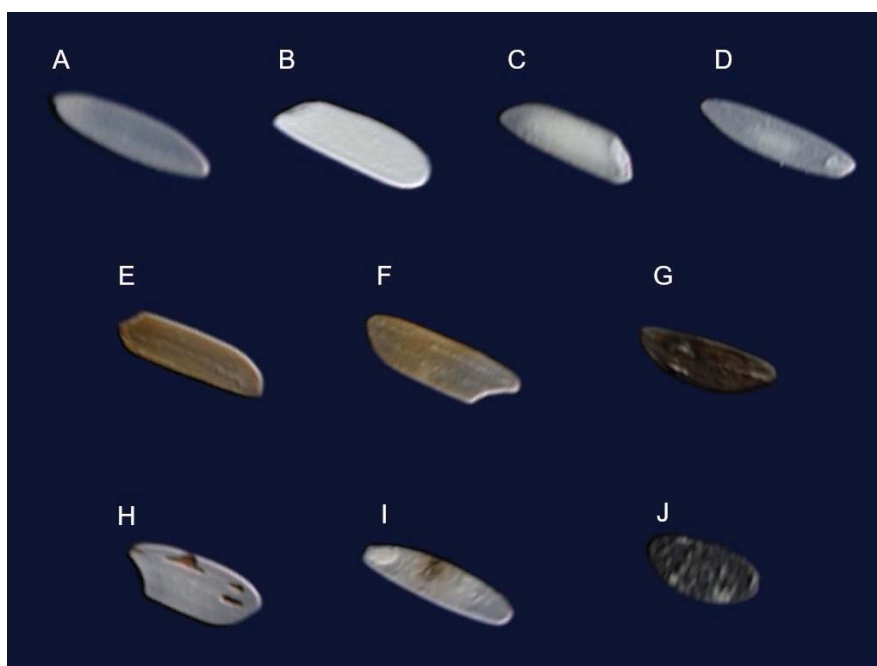


Figura 1. Diferenças do grão vítreo para os demais defeitos físicos dos grãos em arroz. A - Grão Vítreo; B - Grão Gessado; C - Centro de Gesso/ Barriga Branca; D - Centro de Gesso Barriguinha; E - Amarelo Grave; F – Grão Amarelo; G - Ardido/Mofado; H - Grão Rajado; I - Grão Picado; J - Partículas Invasoras. Fonte: MAGALHÃES JR. et al., 2020.

Outro desafio da cultura, é considerar a adaptação dos cultivos para antecipar as mudanças climáticas, obtendo-se uma redução da vulnerabilidade frente à projeção de aumento da frequência de ocorrência de eventos extremos, como ondas de calor, ondas de frio, geadas, tempestades, granizo, estiagens e outros fenômenos que, de forma espasmódica e rápida, podem provocar fortes prejuízos e

perdas de safra (HENRY et al., 2020). Para os estresses de temperaturas na cultura, um dos principais focos tem sido na germinação de sementes, que tende a ser inibida sob estresse pelo frio (HOU et al. 2004). Com isto, a capacidade de germinação em baixa temperatura tem sido considerada uma importante característica-alvo para o melhoramento de arroz em regiões de clima temperado onde o método de semeadura direta é adotado (SALES et al. 2017).

Os programas brasileiros de melhoramento genético de arroz, que possuem mais de 80 anos, estão dispostos segundo a divisão de irrigado e sequeiro, contudo, o compartilhamento de germoplasma e pesquisas correlacionadas de ambos os sistemas têm auxiliado em resultados. Além disso, devido ao processo de melhoramento de plantas demandar um elevado tempo para avaliação e obtenção de resultados concretos, os melhoristas têm trabalhado intensamente na geração de novas tecnologias, principalmente aliando o melhoramento tradicional com o uso da biotecnologia, bem como, diversificados métodos de seleção, de forma a alavancar a cadeia produtiva do arroz e auxiliar o combate à fome (STRECK, 2018).

Outro recurso de biotecnologia que apresenta grande importância para as perspectivas da cadeia produtiva de arroz, é a edição do genoma CRISPR / Cas no melhoramento genético, como melhoria de características da cultura, principalmente na produtividade e tolerância ao estresse biótico e abiótico, desenvolvimentos na otimização da regulação gênica, estratégias para gerar resistência a vírus e o uso de bibliotecas mutantes de alto rendimento (WAGH & POHARE, 2019; FIAZ et al., 2019).

Desta forma, as perspectivas futuras de melhoria são identificadas, introduzindo tecnologias de ponta que podem facilitar a triagem de alto rendimento dos genótipos dos bancos de germoplasma de arroz. Além de atender aos requisitos de melhoria de qualidade nos programas tradicionais de melhoramento de arroz de linhas puras, também se faz necessário melhorar a qualidade dos grãos no setor de arroz híbrido (BUTARDO et al., 2008).

2.3 Parâmetros genéticos, ação gênica e ganho por seleção

A estimativa, interpretação e compreensão dos parâmetros genéticos da população trabalhada, assim como a avaliação do seu progresso genético, permitem

o estabelecimento de procedimentos a serem adotados na condução do programa de melhoramento (RAMALHO et al., 2012).

Para compreensão da estrutura genética das populações, deve-se conhecer não somente a variação existente para um determinado caráter, mas exatamente como muitos alelos e como muitos locos afetam esse caráter, qual sua frequência na população, como eles segregam no genoma, em que grau eles afetam o caráter em questão e, também, em que extensão a ação do gene é influenciada pelo ambiente (BROWN et al., 1978).

Para o auxílio do pesquisador e melhorista no processo de melhoramento genético e para evitar procedimentos incorretos em alguma das etapas do programa de melhoramento, é fundamental a estimação dos parâmetros genéticos e o conhecimento do modo de ação gênica predominante no controle dos caracteres de interesse. Desta forma, a genética quantitativa surge como ferramenta essencial no estudo e compreensão destes caracteres.

O estudo e a obtenção de estimativas de parâmetros genéticos de uma população que se pretende explorar para o melhoramento genético permite fazer inferências sobre a variabilidade genética que esta apresenta e o que pode se esperar de ganho com seleção. Estas estimativas como variâncias, coeficiente de herdabilidade, coeficiente de variação genética (CVg) e coeficiente da razão entre coeficiente de variação genética e coeficiente de variação ambiental (CVg/CVe) possibilitam definir a melhor estratégia de seleção para obtenção de resultados superiores (CORREA et al., 2003).

Com os resultados destes estudos de parâmetros genético, a decisão do melhorista na escolha do método de melhoramento torna-se mais fácil, assim como o modo de condução e de seleção das populações segregantes, além de tornar possível os cálculos de predição do sucesso nos futuros ciclos de seleção, possibilitando uma maior eficiência do programa de melhoramento (RAMALHO et al., 1993; CRUZ et al., 2012).

Conforme mencionado, a estimativa de herdabilidade é outro fator fundamental, sendo estimada no sentido amplo, correspondendo a variância genética total, e no sentido restrito, apenas a variância aditiva (variação herdável) (VENCOVSKY, 1987). Segundo Falconer (1987) quando a herdabilidade é alta, para os caracteres qualitativos, a seleção nas gerações precoces de autofecundação é eficiente, por outro lado, se o valor é baixo, como nos caracteres quantitativos a

seleção deve ser realizada apenas nas gerações mais avançadas, com a homozigose elevada, devido a sucessivas gerações de autofecundação, propiciando um incremento na herdabilidade no sentido restrito.

Para os caracteres quantitativos o conhecimento das estimativas dos parâmetros genéticos nas gerações segregantes é ainda maior, visto que compreendem os caracteres de maior interesse agrônomo, e a complexidade destes requer o uso de metodologias de seleção cada vez mais precisas (LEITE et al., 2016). Entretanto, o uso exclusivo das estimativas de herdabilidade no sentido amplo e restrito, não assegura sua eficiência como critério de seleção, sendo necessário estimativas ainda mais precisas. A utilização da análise de gerações é uma técnica relevante para aprofundar ainda mais a estimativa de parâmetros genéticos ao inferir a respeito da natureza da ação dos genes que contribuem para a herança dos caracteres em estudo, calculando assim, os efeitos gênicos (aditividade e dominância) envolvidos nos caracteres quantitativos, além 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).

Por sua vez, o ganho genético obtido por seleção, sofre interferência de diversos fatores como a intensidade de seleção, propriedades genéticas da população e condições ambientais. O ganho obtido por seleção é calculado através do diferencial de seleção, sendo a diferença entre a média dos genótipos selecionados e a média da população original. Desta forma, seguindo a distribuição normal apresentada pelos caracteres quantitativos, um maior diferencial de seleção é obtido quando se exerce uma maior pressão de seleção, ou seja, quando uma menor proporção de plantas geneticamente superiores é selecionada. Entretanto, esta regra pode ser quebrada, pois uma pressão de seleção muito intensa nas primeiras gerações pode ocasionar a redução drástica da variabilidade genética e dificultar as chances de obtenção de ganho genético. Isso ocorre porque o ganho genético se baseia na heterogeneidade da população, isto é, nas diferenças genéticas (VENCOVSKY, 1987). Com isso, também se faz necessário um estudo da melhor pressão de seleção exercida para determinado caractere de interesse, que resultará no maior ganho por seleção.

É essencial a estimação dos parâmetros gênicos e do conhecimento das bases genéticas no melhoramento de plantas, com a principal finalidade de qualificar o trabalho do melhorista no processo de melhoramento genético e lançamento de

novas cultivares com elevado potencial genético para os caracteres de interesse agronômicos (AGUIAR, 2018).

2.4 Análises multivariadas em arroz

A variabilidade do arroz tem sido amplamente estudada e descrita na literatura recente utilizando auxílio de análises multivariadas de dados e com o uso de algumas técnicas de mineração de dados. Ambos os métodos são poderosos e capazes de realizar análises estatísticas e preditivas sobre conjuntos de dados descritos por muitas variáveis (caracteres). Simplificadamente, a análise multivariada é um conjunto de técnicas estatísticas que permite a análise e interpretação de conjuntos de dados de natureza quantitativa com grande número de variáveis de forma simplificada. Especificamente no arroz, esses caracteres podem ser atributos agronômicos (ciclo, produtividade, altura etc.), elementos químicos, atributos físicos, propriedades físico-químicas, parâmetros climáticos e muitos outros. Dois pontos importantes em relação ao estudo e diferenciação do arroz que são importantes, o primeiro é quais variáveis analisar, visto que diferentes parâmetros podem conter mais ou menos informações sobre a origem geográfica, variedade, tipo de arroz ou qualquer outra descrição. O segundo ponto diz respeito a qual método de análise multivariada de dados usar em combinação com os parâmetros escolhidos, uma vez que o desempenho desses métodos é altamente influenciado pelas variáveis em estudo, como tipo de variável, número de amostras disponíveis e qualidade do conjunto de dados (presença de ruídos e valores não especificados) (MAIONE & BARBOSA, 2018).

Os tipos de análises multivariadas mais utilizados no melhoramento genético são:

- 1) A análise de componentes principais (PCA) que utiliza uma transformação de espaço vetorial para reduzir a dimensionalidade do conjunto de dados em um número menor de variáveis chamadas de componentes principais, que são combinações lineares das variáveis originais (WOLD et al. 1987). Os componentes principais são extraídos por ordem de contribuição para a variância total dos dados e, investigando as cargas das variáveis nos primeiros componentes, é possível medir a relevância das variáveis. O PCA é usado principalmente como uma etapa inicial da análise antes da

classificação, uma vez que é uma técnica útil para detectar padrões ocultos nos dados (MAIONE & BARBOSA, 2018).

- 2) Análise de correlação canônica (CCA) proposta por Hotelling (1935,1936) e aprimorada ao longo dos anos, atualmente esta técnica é utilizada em diversas áreas da ciência. É uma técnica de análise multivariada que visa estabelecer combinações lineares entre dois grupos de variáveis, por meio da transformação linear em pares de variáveis canônicas de forma que a correlação entre essas combinações seja máxima (TRUGILHO et al., 2003).
- 3) Análise de distância genética, que realiza uma estimativa de distanciamento entre os genótipos e agrupa-os conforme a similaridade entre eles, através de um dendrograma. Esta análise é apontada como uma forma de prever esta variabilidade genética e possibilita sintetizar diversas variáveis em apenas um agrupamento (HOSAN et al., 2010). É de fundamental importância que o melhorista conheça bem o germoplasma disponível, tanto em relação ao desempenho individual dos diferentes tipos agronômicos, como também a respeito da capacidade de combinação e a variabilidade genética existente (STRECK et al., 2017).

Diversos são os procedimentos estatísticos na estimativa da distância genética, como a distância generalizada de Mahalanobis D_2 e a distância Euclidiana (CRUZ; REGAZI; CARNEIRO, 2012). Também vários são os métodos de agrupamento como o método hierárquico UPGMA (Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic Averages) que utiliza médias aritméticas (não ponderadas) das medidas de dissimilaridade. Outro método é o Weighted link (Método da Mediana), também conhecido como WPGMA (Weighted pair group method using arithmetic averages), no qual a cada interação os grupos mais próximos são aglomerados formando um novo grupo, a distância do novo grupo para os restantes é simplesmente a média aritmética entre os grupos restantes e os membros do novo grupo (EVERITT, 2011). O método de agrupamento por otimização ou método de Tocher, constitui um método de agrupamento simultâneo, o qual realiza a separação dos genótipos em grupos de uma só vez (CRUZ & CARNEIRO, 2006).

O uso das análises multivariadas em arroz têm crescido gradativamente, sendo que estudos já foram realizados para mensurar a distância genética entre genótipos de programas de melhoramento utilizando-se caracteres fenotípicos

(BENITEZ et al., 2011; SILVA et al., 2011; STRECK et al., 2017), utilizando-se marcadores moleculares, técnicas de mapeamento genético (NAYAK et al., 2018), ou determinando correlação entre caracteres para uso como seleção indireta pelos melhoristas (HAGHSHEENAS et al., 2020), entre outros.

2.5 Referências

- AGUIAR, G. A. Ação gênica e estimação de parâmetros genéticos em cruzamentos de arroz irrigado. **Tese de Doutorado**. UFPEL, Pelotas – RS. 2018.
- ANDRADE, A.; MARSCHALEK, R.; NOLDIN, J. A. Breve retrospectiva da orizicultura catarinense. **Agropecuária Catarinense**, Florianópolis, v.34, n.1, p.5-6. 2021.
- BENITEZ, L. C. et al. Análise multivariada da divergência genética de genótipos de arroz sob estresse salino durante a fase vegetativa. **Revista Ciência Agronômica**, v. 42, n. 2, p. 409-416, 2011.
- BOTELHO, C. O Arroz. **Typografia Levi**, 525 p. 1914.
- BRESEGHELLO, F. Traditional and modern plant breeding methods with examples in rice (*Oryza sativa* L.) **Journal of Agriculture Food Chemistry**. v.61, p.8277-8286. 2013.
- BROWN, A. H. D.; NEVO, E.; ZOHARY, D.; DAGAN, O. Genetic variation in natural population of wild barley (*Hordeum stenostachys*). **Genetica**, v. 49, p. 97-108, 1978.
- BUTARDO, V. M. Is there a second gene for fragrance in rice? **Plant Biotechnology Journal**, Oxford, v. 6, n. 4, p.416-423, 2008.
- CARNEY, J. A.; MARIN, R. A. Saberes agrícolas dos escravos africanos no Novo Mundo. **Ciência Hoje**, Rio de Janeiro, v.35, n. 205, p.26-33, 2004.
- CORREA, A. M. et al. Estimates of genetic parameters in common bean genotypes. **Crop Breeding and Applied Biotechnonology**, Londrina, v. 3, n. 3, p.223-230. 2003.
- CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2.ed. Viçosa: UFV, 2006. 585p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. **Métodos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4.ed. - Viçosa, MG: Ed. UFV, 2012. 514p.
- DE LIMA, I. P.; BOTELHO, F. B. S.; SILVA, C. S. C.; NETO, A. R.; BERCHEMBROCK, Y. V.; CARDOSO, F. P.; SORMANTI, G.; CASTRO, A. P. Potencial genético de linhagens de arroz de terras altas pertencentes ao programa

de melhoramento da Universidade Federal de Lavras – melhor arroz. **Braz. J. of Develop.** v.6, n.1, p.1706-1713. 2020.

EDWARDS, J.D.; JACKSON, A.K.; MCCLUNG, A.M. Genetic architecture of grain chalk in rice and interactions with a low phytic acid locus. **Field Crops Research**, v.205, n.2, p. 116-123, 2017.

EVERITT, B. S.; LANDAU, S.; LEESE, M.; STAHL, D. **Cluster Analysis**. John Wiley & Sons, Ltd, 2011.

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.

FAIZ, S.; AHMAD, S.; ALI NOOR, M.; WANG, X.; YOUNAS, A.; RIAZ, AAMIR; RIAZ, ADEEL; ALI, F. Applications of the CRISPR/Cas9 system for rice grain quality improvement: Perspectives and opportunities. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 20, n. 4, p. 1–18, 2019.

GOMES, A.S.; MAGALHÃES JR., A. M. **Arroz Irrigado no Sul do Brasil**. Pelotas: Embrapa Clima Temperado, 899p. 2004.

GRENIER, C.; CAO, T-V.; OSPINA, Y.; QUINTERO, C.; CHÂTEL, M.H., TOHME, J.; COURTOIS, B.; AHMADI, N. Accuracy of genomic selection in a rice synthetic population developed for recurrent selection breeding. **PLoS ONE**, v.10, n.8, 2015.

GUTAKER, R. M. *et al.* Genomic history and ecology of the geographic spread of rice. **Nature Plants**, v. 6, n. 5, p. 492–502, 2020.

HAGHSHENAS, H.; SOLTANI, A.; GHANBARI MALIDARREH, A.; AJAM NOROUZI, H.; DASTAN, S. Selecting the ideotype of improved rice cultivars using multiple regression and multivariate models. **Archives of Agronomy and Soil Science**, v. 66, n. 8, p. 1134–1153, 2020.

HENRY, R. J. Innovations in plant genetics adapting agriculture to climate change. **Current Opinion in Plant Biology**, v.56, p.168-173, 2020.

HORIE, T.; BAKER, J.T.; NAKAGAWA, H.; MATSUI, T.; KIM, H.Y. **Crop ecosystem responses to climatic change: Rice**. In Reddy, K.R., and Hodges, H.F. (eds.) Climate change and global crop productivity. CAB International, Wallingford, UK. 2000.

HOSAN, S. M.; SULTANA, N.; IFTEKHARUDDUALA, K. M.; AHAMED, N. U.; MIA, S. Genetic divergence in landraces of Bangladesh rice (*Oryza sativa* L.). **The Agriculturists**, v.8, p. 28-34, 2010.

HOTELLING, H. The most predictable criterion. **J. Edu. Psychol.** v.26, n.2, p.139, 1935.

HOTELLING, H. Relations between two sets of variates. **Biometrika**, v.28, n.3-4, p. 321–377, 1936.

HOU, M. Y.; WANG, C. M.; JIANG, L.; WAN J. M.; YASUI, H.; YOSHIMURA, A. Inheritance and QTL mapping of low temperature germinability in rice (*Oryza sativa* L.). **Yi Chuan Xue Bao**. v.31, n.7, p.701–706. 2004.

KHUSH, G.S. Origin, dispersal, cultivation and variation of rice. In: Sasaki, T. & Moore, G (eds). **Oryza: From molecule to plant**. Springer. The Netherlands. p. 25-34. 1997.

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

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

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.; STRECK, E. A.; AGUIAR, G. A.; FACCHINELLO, P. H. K. Industrial Quality. In: Oliveira, A. C.; Pegoraro, C.; Viana, V. E. **The Future of Rice Demand: Quality Beyond Productivity**. 1 ed. Springer Nature Switzerland AG, Cap. 3, p. 47-67, 2020.

MAIONE, C.; BARBOSA, R. M. Recent applications of multivariate data analysis methods in the authentication of rice and the most analyzed parameters: a review. **Critical Reviews in Food Science and Nutrition**, v.59, n.12, p. 1040-8398, 2018.

MOREIRA, C. Fotossíntese. **Revista de Ciência Elementar**, v. 1, n. 1, p. 1–6, 2013.

MINGOTTE, F.L.C.; HANASHIRO, R.K.; FORNASIERI FILHO, D. Características

físico-químicas do grão de cultivares de arroz em função da adubação nitrogenada. **Semina: Ciências Agrárias**, v.33, n.1, p.2605-2618, 2012.

NAYAK, P.; MUKHERJEE, A. K.; PANDIT, E.; PRADHAN, S. K. Application of Statistical Tools for Data Analysis and Interpretation in Rice Plant Pathology. **Rice Science**, v. 25, n. 1, p. 1–18, 2018.

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

PEREIRA, J. A.; RANGEL, P. H. N. Produtividade e qualidade de grãos de arroz irrigado no Piauí. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 25, n. 3, p. 569-575, 2001.

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.

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.

RANGEL, P. H. N.; GUIMARÃES, E. P.; NEVES, P. C. F. N. Base genética das cultivares de arroz (*Oryza sativa* L.) irrigado no Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.31, n.5, p.349-357, 1996.

RANGEL, P. H. N.; NEVES, P. C. F. **Seleção recorrente em arroz irrigado no Brasil: guia prático**. Goiânia, EMBRAPA- CNPAF, Documento 53, 1995. 24p.

SALES, E.; VIRUEL, J.; DOMINGO, C.; MARQUES L.; Genome wide association analysis of cold tolerance at germination in temperate japonica rice (*Oryza sativa* L.) varieties. **PLoS One**. v.12, n. 8, p. e0183416. 2017.

SILVA, E. F. et al. Divergência fenotípica entre genótipos de arroz de terras altas. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 6, n. 2, p. 280-286, 2011.

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.

SOCIEDADE SUL-BRASILEIRA DE ARROZ IRRIGADO (SOSBAI). **Arroz irrigado: recomendações técnicas da pesquisa para o Sul do Brasil**. Cachoeirinha, RS: SOSBAI, p. 205, 2018.

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.; AGUIAR, G. A.; FACCHINELLO, P. H. K.; PERIN, L.; FAGUNDES, P. R. R.; DE OLIVEIRA, A. C. Genetic progress of grain quality of flooded-irrigated rice cultivars in the state of Rio Grande do Sul, Brazil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.53, n.4, p. 453-463. 2018.

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

TRUGILHO, P. F.; LIMA, J. T.; MORI, F. A. Correlação canônica das características químicas e físicas da madeira de clones de *Eucalyptus grandis* e *Eucalyptus saligna*. **Cerne**, v. 9, n. 1, p. 066- 080. 2003.

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

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

VITTE, C.; ISHII, T.; LAMY, F.; BRAR, D.; PANAUD, O. Genomic paleontology provides evidence for two distinct origins of Asian rice (*Oryza sativa* L.). **Molecular Genetics and Genomics**, v. 272, n. 5, p. 504–511, 2004.

WANG, M., YU, Y., HABERER, G. et al. The genome sequence of African rice (*Oryza glaberrima*) and evidence for independent domestication. **Nature Genetics**, v. 46, n. 9, p. 982–988, 2014.

WAGH, S. G.; POHARE, M.B. Current and future prospects of plant breeding with CRISPR/Cas. **Curr. J. Appl. Sci. Technol.** v.38, n.3, p.1-17. 2019.

WOLD, S.; ESBENSEN, K.; GELADI, P. Principal component analysis. **Chemom Intell Lab Syst**, v.2, p.37–52, 1987.

3. Capítulo I: Ação Gênica e Parâmetros Genéticos de Caracteres Relacionados a Qualidade de Grãos em Arroz

AÇÃO GÊNICA E PARÂMETROS GENÉTICOS DE CARACTERES RELACIONADOS A QUALIDADE DE GRÃOS EM ARROZ

3.1 Resumo

Informações sobre ação gênica, herdabilidade, hereditariedade, assim como, estimativa do ganho por seleção destes caracteres são escassas. Este trabalho teve por objetivo estimar parâmetros genéticos para os caracteres relacionados a atributos físicos da qualidade de grãos do arroz, proporcionando o entendimento da base genética desses caracteres, com o intuito de contribuir para futuros trabalhos de seleção e condução das populações segregantes. Utilizou-se os cruzamentos entre BR-IRGA 409 x BRS Bojuru e seu recíproco, obtendo-se as gerações F_1 , F_2 e os retrocruzamentos (RC_1 e RC_2). Após a obtenção das sementes oriundas dos cruzamentos, o experimento foi conduzido com delineamento inteiramente casualizado, as repetições foram determinadas pelo número total de plantas de cada geração. Foram avaliados área gessada total (AG), barriga branca (BB), brancura vítrea (BV), comprimento da cariopse (CC), largura da cariopse (LC), relação comprimento x largura da cariopse (CC/LC), percentual de grãos inteiros (INT) e quebrados (QB), sendo realizadas as análises de médias e variâncias, além de parâmetros genéticos das gerações baseadas no modelo completo e modelo aditivo-dominante. Determinou-se que os atributos físicos da qualidade de grãos em arroz possuem herança genética quantitativa e que o principal efeito genético na determinação dos mesmos em arroz é o efeito genético aditivo. Contudo, há uma grande influência ambiental sobre os caracteres estudados. O cruzamento entre BR-IRGA 409 x BRS Bojuru possibilita a obtenção de maior ganho genético na seleção para os caracteres de grãos gessados (AGT, BB e BV) pois apresentam maior herdabilidade no sentido restrito, enquanto BRS Bojuru x BR-IRGA 409 possibilita maior ganho genético para os caracteres CC, LC, CC/LC, INT e QB. O tipo de ação gênica é influenciado pelo genitor feminino na combinação dos cruzamentos, possibilitando detectar ação gênica de dominância parcial, sobredominância e dominância completa entre os atributos físicos da qualidade de grãos em arroz.

Palavras chaves: *Oryza sativa* L., interação alélica, grãos inteiros, grãos vítreos, grãos gessados, ganho por seleção.

3.2 Abstract

Information about gene action, heritability, heredity, as well as potential gain estimated by selecting these characters is scarce. This study aimed to estimate genetic parameters related to physical attributes of rice grain quality. The crosses between “BR-IRGA 409” x “BRS Bojuru” and their reciprocal were used, obtaining the F₁, F₂ generations and the backcrosses (BC₁ and BC₂). After obtaining the seeds, the experiment was conducted as completely randomized design, with replications determined by the total number of plants of each generation. Total chalky area (AG), white core (BB), vitreous whiteness (BV), caryopsis length (CC), caryopsis width (LC), caryopsis length x width (CC/LC), percentage of whole grains (INT) and broken grains (QB) were evaluated. The analysis of means and variances, in addition to genetic parameters of the generations based on the complete model and additive-dominant model were assessed. It was determined that the physical attributes are inherited quantitatively, where the main genetic effect is the additive. However, there is a great environmental influence on the characters studied. The BR-IRGA 409 x BRS Bojuru cross makes it possible to obtain greater genetic gain in the selection for the chalky grain characters (AG, BB and BV) as they expressed more as a narrow sense heritability, whereas BRS Bojuru x BR-IRGA 409 makes it possible to obtain greater genetic gain in the selection for CC, LC, CC/LC, INT and QB characters. The type of gene action is influenced by the parents, with the gene action of partial dominance, overdominance and complete dominance being detected among the physical attributes of the quality of grains.

Keywords: *Oryza sativa* L., allelic interaction, whole grains, vitreous grains, chalky grains, selection gain.

3.3 Introdução

O arroz (*Oryza sativa* L.) é uma das culturas mais importantes e supre a alimentação da metade da população humana global (SINGH et al. 2017). É o segundo cereal mais produzido no mundo, sendo considerada uma das principais culturas com potencial para combater a fome. No Brasil, essa cultura é de extrema importância socioeconômica, com uma produção anual de aproximadamente 10,5 milhões de toneladas de grãos na safra 2018/2019, suprimindo a demanda nacional de

consumo por esse cereal. O estado do Rio Grande do Sul, onde o sistema irrigado por inundação é adotado para esta cultura, é responsável por mais de 70% da produção nacional (CONAB, 2019).

Desta forma, toda esta ênfase demonstrada para a cultura do arroz aponta a fundamental importância da mesma perante os programas de melhoramento genético, os quais buscam incessantemente o desenvolvimento de genótipos superiores. Contudo, para a obtenção de genótipos geneticamente superiores de arroz é necessária extrema dedicação e investimento, pois trata-se de um processo lento e de longo prazo.

Os principais atributos buscados nos programas de melhoramento de arroz referem-se a incrementos de produtividade e qualidade dos grãos. Cabe ressaltar que os principais incrementos significativos no potencial de produtividade já foram obtidos. Conforme Magalhães Júnior et al. (2003) isto ocorreu através da substituição das cultivares tradicionais pelas cultivares modernas de porte baixo (semi-anãs com alta capacidade de emissão de apanhos, colmos robustos e curtos e folhas eretas). A medida que as variedades atingiram um alto potencial produtivo, o foco começa a se voltar para a qualidade de grãos em arroz o que se refletirá diretamente no valor de mercado e na aceitação pelo consumidor.

Segundo Walter (2008) uma pequena quantidade de arroz é consumida como ingrediente em produtos processados, sendo na grande maioria consumida na forma de grão (*in natura*). Os atributos de qualidade de grãos em arroz se tornaram prioridade nos programas de melhoramento, no mesmo nível que a produtividade, sendo decisivos na adoção de uma linhagem melhorada como uma nova cultivar comercial (RANGEL et al., 2000).

No mundo há uma grande variação quanto ao tipo e consumo deste cereal, decorrente fundamentalmente de características inerentes relacionadas aos fatores culturais, sociais e econômicos (ELERT, 2014). Segundo Cuevas, de Guia e Demont (2017) a qualidade do arroz permanece nos olhos (e na boca) de quem vê e consome, ou seja, demonstram que o consumo de arroz está incorporado a um contexto histórico, geográfico e sociocultural, e, portanto, difere nos diversos países e etnias. Calingacion et al. (2014) enfatizam que a aparência física do grão é o que define o seu preço no mercado, enquanto as propriedades culinárias e sensoriais determinam a reputação da cultivar, além disso, a aparência do grão, é a primeira coisa que um consumidor enxerga, a qual é definida pelo comprimento, largura e

forma (relação entre comprimento e largura) e gesso, que constitui-se naquelas áreas branco-opacas dos grãos, não apreciada pela maioria dos consumidores, exceto também, quando se trata de variedade especial, como arroz para culinária italiana, por exemplo.

O mercado consumidor brasileiro e a cadeia produtiva de arroz, são muito exigentes em relação à qualidade dos grãos, sendo que estes possuem uma preferência para o arroz branco polido da classe longo-fino (subespécie *Indica*). Este tipo de arroz apresenta alto teor de amilose ($\geq 23\%$) e baixa temperatura de gelatinização (63 a 73°C), gerando após o cozimento grãos macios e soltos, assim como possui uma rápida cocção dos grãos (STRECK et al., 2018). Corroborando com o exposto por Calingacion et al. (2014), Streck et al. (2018) afirmam que o consumidor visa sempre grãos de melhor aspecto visual (inteiros e vítreos), o que remetem à uma boa qualidade do produto.

Destacam-se como os principais atributos físicos envolvidos na qualidade dos grãos do arroz, basicamente, o rendimento de engenho (percentual de grãos inteiros e quebrados) e as dimensões e aparência dos grãos. Outra propriedade física importante relacionada à qualidade do grão é a translucidez (EDWARDS et al., 2017). Ashida et al. (2009) afirmam que em muitos grãos, a translucidez é interrompida por áreas opacas no endosperma denominadas de áreas gessadas (centro branco ou núcleo de gesso, barriga branca e área gessada). Além disto, os mesmos autores enfatizam que, essa opacidade ocorre nos grãos devido a um arranjo não uniforme entre as moléculas de amido e proteínas, gerando espaços de ar entre as mesmas, resultado de fatores ambientais, condições climáticas adversas e manejo da cultura, bem como de uma predisposição genética em muitos casos.

Para dar continuidade ao progresso genético com maior eficiência e consequentemente desenvolver novas cultivares de arroz com alta qualidade dos grãos é fundamental que o melhorista conheça a natureza e a magnitude da variação genética que controla o modo de ação e a herança genética desses caracteres, principalmente os relacionados aos atributos físicos de grãos em arroz. Para Rodriguez-Perez et al. (2019) e Bello et al. (2012), torna-se essencial compreender a magnitude dos componentes de variância e da herdabilidade com sentido restrito, a qual oferece informação sobre a transmissibilidade do caráter para a geração subsequente.

Desta forma é de suma importância a determinação dos genitores adequados no melhoramento genético, pois a performance *per se* dos genitores nem sempre é um verdadeiro indicador de sua capacidade de combinação (SHARMA & MANI, 2008), visto que muitas vezes o genótipo de alto potencial genético pode não transmitir sua superioridade à progênie. Então, ao conhecer a ação gênica dos caracteres desejáveis, pode-se inferir diretamente a capacidade dos genitores em produzir progênies transgressivas quando cruzados com outros genitores (WON et al., 2002).

Desta maneira, o uso da análise conjunta de gerações segregantes possibilita a estimativa dos parâmetros genéticos e permite elucidar a natureza, bem como a magnitude das ações genéticas envolvidas na expressão fenotípica do caráter. Desta forma, o trabalho teve como objetivo estimar parâmetros genéticos para os caracteres relacionados à qualidade de grãos do arroz (área gessada total, barriga branca, brancura vítrea, comprimento do grão, largura do grão, relação comprimento x largura do grão, percentual de grãos inteiros e quebrados) para então compreender a base genética e contribuir com futuros trabalhos de seleção e condução das populações segregantes.

3.4 Material e métodos

A experimentação foi realizada na Estação Experimental Terras Baixas (ETB), da Embrapa Clima Temperado, no município do Capão do Leão, no estado do Rio Grande do Sul, especificamente localizada nas coordenadas geográficas, 31°48'49" de latitude Sul e 52°28'20" de longitude Oeste.

Foram realizados os cruzamentos entre os genitores BRS Bojuru (genitor feminino), arroz considerado do tipo japônica, com elevados índices de gesso, grão curto e arredondado, com BR-IRGA 409 (genitor masculino), cultivar tipo indica reconhecida mundialmente pela excelência em qualidade de grãos, baixa incidência de gesso e ótimo rendimento de engenho, bem como realizou-se o cruzamento de seu recíproco, neste caso a cultivar BR-IRGA 409 foi utilizada como genitor feminino e BRS Bojuru como genitor masculino. Na safra 2014/2015, foram realizados os cruzamentos para obtenção do F_1 , e em 2015/2016 para obter os F_2 e os retrocruzamentos ($RC_1 - F_1 \text{♀} \times G_1 \text{♂}$ e $RC_2 - F_1 \text{♀} \times G_2 \text{♂}$) para ambos cruzamentos.

Os cruzamentos foram executados e conduzidos em casa de vegetação com estrutura de vidro e orientação Norte-Sul. A emasculação foi realizada em sala fechada e climatizada (16 °C), com o intuito de conservar as espiguetas (flores) fechadas e sem ocorrência de autofecundação, 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) (COUNCE et al., 2000). As espiguetas do terço superior das panículas foram eliminadas, devido à alta possibilidade de já estarem autofecundadas, assim como as do terço inferior, em razão de não estarem maduras. Desta forma, apenas as espiguetas no terço intermediário de cada panícula foram utilizadas, resultando entre 50 a 60 espiguetas emasculadas por panícula.

A polinização foi executada logo após a emasculação, no período de alta temperatura e radiação solar do dia, ou seja, entre as 12 h e as 13 e 30 h. Este período do dia normalmente assegura que as espiguetas já se encontrem com as anteras e o estigma expostos, possibilitando, através de agitação manual das panículas do genitor masculino, a liberação dos grãos de pólen para a fecundação da oosfera do genitor feminino e posterior formação da semente híbrida (F_1 e retrocruzamentos - RC_1 e RC_2). Conforme já mencionado, tais processos acima citados foram realizados nas safras 2014/2015 e 2015/2016.

Na safra 2016/2017, as sementes obtidas do processo de hibridação (F_1 e retrocruzamentos, F_2 e os genitores usados nos cruzamentos) foram semeadas em linha, em um tanque de concreto preenchido com solo típico de arroz irrigado (Planossolo), na casa de vegetação. No momento em que 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), conforme a escala de Counce et al. (2020), foram transplantadas manualmente para o campo experimental.

No campo experimental, o preparo do solo para o transplante, foi realizado conforme o sistema convencional, seguindo o manual das recomendações técnicas, assim como os demais manejos da cultura (SOSBAI, 2016). 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). Antes do transplante, uma pequena lâmina de água foi colocada, com o intuito de facilitar o mesmo, assim como, auxiliar no desenvolvimento das plantas. A adubação nitrogenada de cobertura, foi

de 90 Kg ha⁻¹ de N na forma de ureia, sendo aplicado 50% da dose no estágio V4 e o restante no estágio R0 (iniciação da panícula). Os controles de pragas, plantas daninhas e doenças, também foram realizados conforme as recomendações técnicas para a cultura do arroz irrigado (SOSBAI, 2016).

No transplante foi adotado o esquema de plantas espaçadas, dispostas em linhas de 5 m de comprimento com 0,50 m de espaçamento entre linhas e 0,25 m em média entre plantas. Os genótipos nas linhas do experimento foram dispostos, conforme Figura 2, na ordem do G₁ (genitor feminino), F₁, G₂ (genitor masculino), F₂, RC₁ e RC₂. 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, sendo que nos retrocruzamentos também se realizou a eliminação de possíveis autofecundações. O delineamento experimental utilizado foi o inteiramente casualizado, sendo as repetições constituídas conforme o número de plantas avaliadas em cada geração.

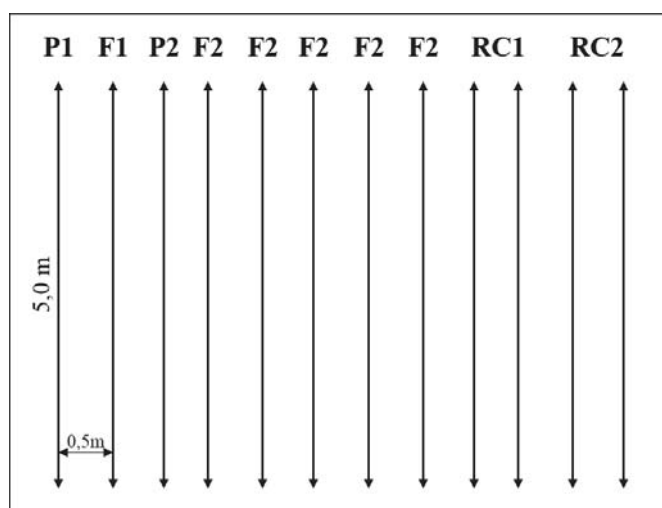


Figura 2. Disposição dos genótipos no campo experimental.

As panículas de todas as gerações (G₁, G₂, F₁, F₂, RC₁ e RC₂) foram colhidas manualmente e de forma individual (separadas por planta), sendo em seguida acondicionadas em um secador de grãos para redução da umidade. Após a secagem, foi realizada a trilha manual, seguida dos processos de descascamento e polimento dos grãos de cada planta de todas as gerações, utilizando o mini engenho de provas de arroz Suzuki (Modelo MT2003). Desta forma, a partir destas amostras dos grãos polidos, os atributos físicos de qualidade intrínsecos dos grãos foram avaliados com o auxílio do analisador estatístico de grãos S21 (TAKESHI, 2019),

baseado na análise de imagens digitais de cada amostra, determinando os seguintes parâmetros: AGT – área gessada total (%); BB - percentual de grãos com barriga branca (%); BV – constante de brancura vítrea dos grãos; CC – comprimento da cariopse (mm); LC - largura da cariopse (mm); CC/LC – relação comprimento x largura da cariopse (mm); INT – percentual de grãos inteiros e QB – percentual de grãos quebrados.

Posteriormente à quantificação dos atributos físicos de qualidade intrínsecos dos grãos, foram realizadas as análises de médias e variâncias. A partir da análise das variâncias das gerações G₁, G₂, F₁, F₂, RC₁ e RC₂ foram obtidas as seguintes estimativas para todas as variáveis estudadas: variância fenotípica: $\sigma_F^2 = \sigma_{F2}^2$; variância de ambiente: $\sigma_E^2 = [(\hat{\sigma}_{P1}^2 + 2\hat{\sigma}_{F1}^2 + \hat{\sigma}_{P2}^2)/4]$; variância genotípica: $\sigma_G^2 = \sigma_F^2 - \sigma_E^2$; variância aditiva: $\sigma_A^2 = 2\hat{\sigma}_{F2}^2 - (\hat{\sigma}_{RC1}^2 + \hat{\sigma}_{RC2}^2)$; variância de dominância: $\sigma_D^2 = \sigma_G^2 - \sigma_A^2$; herdabilidade no sentido amplo: $h_A^2 = \sigma_G^2 / \sigma_F^2$ e herdabilidade no sentido restrito: $h_R^2 = \sigma_A^2 / \sigma_F^2$. Cruz et al. (2012)

Para classificar as estimativas das herdabilidades no sentido amplo e restrito utilizou-se o método proposto por Cargnelutti Filho & Storck (2007), conforme a Tabela 1.

Tabela 1. Classificação da herdabilidade segundo Cargnelutti Filho & Storck (2007)

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

Através da análise das variâncias das gerações obteve-se também a predição de ganhos por seleção, considerando-se uma pressão de seleção de 10% das melhores plantas da população F₂. Foi estimado o ganho esperado, levando em consideração a seleção e a recombinação dos indivíduos superiores na população F₂, pela expressão: $\Delta G = DS \times h_R^2$; onde: DS (Diferencial de seleção) = $\bar{X}_s - \bar{X}_o$, sendo $\bar{X}_s$ = corresponde à média das plantas F₂ selecionadas, $\bar{X}_o$ = corresponde à média da população original das plantas F₂ e h_R^2 herdabilidade no sentido restrito.

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

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

onde: $\overline{P1}$ e $\overline{P2}$, são as medidas dos genitores G_1 e G_2 e $\overline{F1}$ é a média da geração F_1 .

Segundo Cruz e colaboradores (2012) a classificação do grau médio de dominância (GMD), para determinar o tipo de interação intra-alélica é conforme a Tabela 2.

Tabela 2. Classificação do tipo de interação intra-alélica sobre o caráter quanto ao grau médio de dominância (GMD).

Grau médio da dominância (GMD)	Herdabilidade (%)
1 (d = a)	Dominância completa
0 (d = a)	Ausência de dominância
> 1 (d > a)	Sobredominância
< 1 (d < a)	Dominância parcial

O número de genes (η) para o caráter foi estimado utilizando a fórmula abaixo:

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

Sendo que: A é a amplitude total na população F_2 , k é o grau médio de dominância e σ_G^2 , a variância genética.

Conforme descrito por Mather & Jinks (1984) e Cruz et al. (2012), as análises dos parâmetros genéticos das gerações foram avaliadas levando-se em conta tanto o modelo completo (m, a, d, aa, ad, dd – efeitos da média, aditivo, dominante, aditivo-aditivo, aditivo-dominante e dominante-dominante respectivamente) calculado por meio do método de mínimos quadrados ponderados, quanto o modelo aditivo-dominante (m, a, d).

Todas as análises foram realizadas com o auxílio do aplicativo computacional em genética e estatística, GENES (CRUZ, 2013; CRUZ, 2016).

3.5 Resultados e discussão

A partir da análise de variância (Tabela 3), observou-se diferenças significativas para todos os caracteres, área gessada total (AGT), percentual de grãos com barriga branca (BB), constante de brancura vítrea dos grãos (BV), comprimento da cariopse (CC), largura da cariopse (LC), relação comprimento x largura da cariopse (CC/LC), percentual de grãos inteiros (INT) e percentual de grãos quebrados (QB), nos cruzamentos entre BR-IRGA 409 x BRS Bojuru e BRS Bojuru x BR-IRGA 409, demonstrando variabilidade genética para esses parâmetros relacionados aos atributos físicos de qualidade de grãos em arroz. Observou-se diferença genética contrastante, para todos os caracteres em estudo, entre os genitores utilizados nos cruzamentos, sendo este um fator essencial para as demais análises de gerações e estudos de herança genética (BALDISSERA et al., 2014).

Tabela 3. Análise de variância considerando os genitores (G₁ e G₂) e as gerações F₁ e F₂, no cruzamento entre BR-IRGA 409 x BRS Bojuru e recíproco para todos os caracteres estudados.

BR-IRGA 409 X BRS Bojuru									
	GL	AGT	BB	BV	CC	LC	CC/LC	INT	QB
Tratamento	3	110,62**	5,78*	172,20**	6,29**	1,44**	5,76**	615,88**	615,88**
Resíduo	166	27,71	1,71	13,52	0,07	0,01	0,06	14,85	14,85
Total	169								
Média		13,99	0,75	122,29	5,46	2,26	2,46	94,84	5,16
CVe		37,64	175,06	3,01	5,01	5,14	9,57	4,06	74,72
CVg		11,99	49,85	1,90	8,40	9,75	17,88	4,76	87,55
CVg/CVe		0,32	0,28	0,63	1,68	1,90	1,87	1,17	1,17
BRS Bojuru X BR-IRGA 409									
	GL	AGT	BB	BV	CC	LC	CC/LC	INT	QB
Tratamento	3	156,71**	6,18**	199,83**	5,57**	1,38**	5,32**	402,54**	402,54**
Resíduo	180	18,69	1,41	18,22	0,09	0,01	0,04	15,66	15,66
Total	183								
Média		13,42	0,64	121,76	5,52	2,30	2,43	95,66	4,34
CVe		32,20	185,21	3,51	5,51	4,75	8,70	4,14	91,11
CVg		14,85	57,70	1,88	7,20	8,64	16,04	3,49	76,84
CVg/CVe		0,46	0,31	0,54	1,31	1,82	1,84	0,84	0,84

AGT – área gessada total (%); BB - percentual de grãos com barriga branca (%); BV – constante de brancura vítrea dos grãos; CC – comprimento da cariopse (mm); LC - largura da cariopse (mm); CC/LC – relação comprimento x largura da cariopse (mm); INT – percentual de grãos inteiros (%) e QB – percentual de grãos quebrados (%). GL = graus de liberdade. CVe = coeficiente de variação ambiental. CVg = coeficiente de variação genético. **: Significativo pelo teste F a 1% de probabilidade de erro. *: Significativo pelo teste F a 5% de probabilidade de erro.

Para uma seleção precisa é necessária facilidade na diferenciação de genótipos superiores entre as progênies avaliadas, determinando o seu potencial de maneira precoce para fins de melhoramento genético. Isto pode ser observado através da relação entre CVg/CVe. Quando estes valores são próximos ou superiores a 1 (uma unidade) indicam presença de variabilidade suficiente para seleção, com potenciais ganhos (VENCOVSKY & BARRIGA, 1992). Dessa forma, para os caracteres de CC, LC, CC/LC, INT e QB, dispõe-se de condições com maior facilidade à seleção, pois a maioria dos valores destes são maiores ou próximos da unidade. O cruzamento entre BR-IRGA 409 x BRS Bojuru se mostrou promissor para obter ganho genético por seleção (CVg/CVe) sendo superior ao recíproco.

Conforme mencionado, para o estudo de ação gênica se faz necessário o contraste entre os genitores para os caracteres em estudo. Na Tabela 4 observa-se as estimativas das médias e das variâncias para os caracteres relacionados a qualidade de grãos do arroz. O genitor BR-IRGA 409 apresentou valores definidos como de maior qualidade para os caracteres desejados pelo melhoramento de arroz no Brasil e caracteriza-se por valores médios de AGT entre 9,85 e 11,53%, BB entre 0,14 e 0,29%, BV entre 121,74 e 124,06, CC entre 6,00 e 6,07mm, LC entre 1,93 e 1,97mm, CC/LC entre 3,08 e 3,10, INT entre 97,75 e 98,41% e QB entre 1,59 e 2,25% sendo que estes resultados corroboram com Streck et al. (2018). Salienta-se que a cultivar BR-IRGA 409 merece destaque, por ser antiga, lançada em 1979 e cultivada no Rio Grande do Sul atualmente devido à boa qualidade dos grãos, bem como, perdura como genitor junto aos blocos de cruzamentos em programas de melhoramento genético do arroz.

Tabela 4. Número de plantas avaliadas (N), médias (X) e variâncias ($\hat{\sigma}^2$) a partir de G₁, G₂, F₁, F₂, RC₁ e RC₂ em arroz, nos cruzamentos entre BR-IRGA 409 x BRS Bojuru e seu recíproco para todos os caracteres estudados.

BR-IRGA 409 X BRS Bojuru									
Geração	AGT			BB		BV		CC	
	N	X	$\hat{\sigma}^2$	X	$\hat{\sigma}^2$	X	$\hat{\sigma}^2$	X	$\hat{\sigma}^2$
G ₁ ♀(BR-IRGA 409)	20	11,53	1,32	0,29	0,03	124,06	0,76	6,00	0,01
G ₂ ♂(BRS Bojuru)	21	17,11	3,85	1,43	0,36	125,66	0,30	4,69	0,01
F ₁	16	14,35	3,30	0,29	0,01	124,13	0,24	5,37	0,00
F ₂	113	13,79	39,71	0,76	2,46	121,09	19,82	5,53	0,11
RC ₁ (F ₁ ♀ X G ₁ ♂)	35	13,60	9,76	1,10	1,62	122,84	12,44	5,75	0,11
RC ₂ (F ₁ ♀ X G ₂ ♂)	45	13,49	33,88	0,65	1,14	123,48	9,00	5,18	0,08
	LC			CC/LC		INT		QB	
	N	X	$\hat{\sigma}^2$	X	$\hat{\sigma}^2$	X	$\hat{\sigma}^2$	X	$\hat{\sigma}^2$
G ₁ ♀(BR-IRGA 409)	20	1,93	0,00	3,10	0,00	97,75	1,36	2,25	1,36
G ₂ ♂(BRS Bojuru)	21	2,58	0,00	1,82	0,00	86,50	6,29	13,50	6,29
F ₁	16	2,31	0,00	2,33	0,00	98,22	0,77	1,78	0,77
F ₂	113	2,25	0,02	2,48	0,08	95,40	20,55	4,60	20,55
RC ₁ (F ₁ ♀ X G ₁ ♂)	35	2,09	0,01	2,77	0,07	97,86	1,95	2,14	1,95
RC ₂ (F ₁ ♀ X G ₂ ♂)	45	2,46	0,02	2,12	0,05	95,03	28,49	4,97	28,48
BRS Bojuru X BR-IRGA 409									
Geração	AGT			BB		BV		CC	
	N	X	$\hat{\sigma}^2$	X	$\hat{\sigma}^2$	X	$\hat{\sigma}^2$	X	$\hat{\sigma}^2$
G ₁ ♀(BRS Bojuru)	20	13,81	2,68	0,90	0,08	125,83	0,66	4,82	0,00
G ₂ ♂(BR-IRGA 409)	21	9,85	0,66	0,14	0,01	121,74	0,37	6,07	0,00
F ₁	29	11,76	0,32	0,11	0,00	123,67	0,21	5,41	0,01
F ₂	114	14,44	29,12	0,82	2,24	120,56	28,79	5,56	0,14
RC ₁ (F ₁ ♀ X G ₁ ♂)	17	15,48	26,30	1,11	2,11	121,30	32,23	5,19	0,05
RC ₂ (F ₁ ♀ X G ₂ ♂)	20	12,97	9,86	0,50	0,89	122,01	11,62	5,81	0,14
	LC			CC/LC		INT		QB	
	N	X	$\hat{\sigma}^2$	X	$\hat{\sigma}^2$	X	$\hat{\sigma}^2$	X	$\hat{\sigma}^2$
G ₁ ♀(BRS Bojuru)	20	2,60	0,00	1,85	0,00	89,49	3,85	10,51	3,85
G ₂ ♂(BR-IRGA 409)	21	1,97	0,00	3,08	0,00	98,41	0,47	1,59	0,47
F ₁	29	2,33	0,00	2,32	0,00	98,78	0,34	1,22	0,34
F ₂	114	2,30	0,02	2,44	0,07	95,44	24,13	4,56	24,13
RC ₁ (F ₁ ♀ X G ₁ ♂)	17	2,49	0,01	2,09	0,02	93,85	22,39	6,15	22,39
RC ₂ (F ₁ ♀ X G ₂ ♂)	20	2,12	0,01	2,78	0,07	97,13	5,25	2,87	5,25

AGT – área gessada total (%); BB - percentual de grãos com barriga branca (%); BV – constante de brancura vítrea dos grãos; CC – comprimento da cariopse (mm); LC - largura da cariopse (mm); CC/LC – relação comprimento x largura da cariopse (mm); INT – percentual de grãos inteiros (%) e QB – percentual de grãos quebrados (%).

Em F_2 e nos retrocruzamentos as estimativas de variâncias, para os parâmetros relacionados a qualidade de grãos em arroz, foram maiores em relação a todas as gerações nos dois cruzamentos analisados. A maior variância em F_2 já era esperada, pois esta é a geração de maior variabilidade genética, na qual ocorre a incidência de maior parte dos *loci* segregantes, conforme verificado para todos os caracteres em ambos os cruzamentos, com exceção de INT e QB no cruzamento entre BR-IRGA 409 x BRS Bojuru em que o RC2 apresentou maior estimativa da variância, assim como para BV no cruzamento BRS Bojuru x BR-IRGA 409 no RC₁ com maior variância. Martins Filho et al. (2002) também observaram este fato em seus estudos, e explicam que isto ocorre devido a expressão dos alelos recessivos. Cabe ressaltar que o genitor masculino retrocruzado nestes casos foi a cultivar BRS Bojuru.

Em relação ao tipo de interação alélica predominante entre os genes que condicionam a variabilidade para os caracteres avaliados, pode-se afirmar que para AGT, BB, CC LC CC/LC, são do tipo aditiva, pois as estimativas das médias das gerações F_1 e F_2 , para estes caracteres de arroz nos dois cruzamentos estudados, foram similares ou intermediárias às médias dos genitores (ROCHA et al., 2009).

Na Tabela 5, estão apresentadas 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 todos os caracteres relacionados a qualidade de grãos de arroz em ambos os cruzamentos. A percepção e compreensão mais abrangente dos fatores e magnitudes dos componentes genéticos são relevantes, pois estes atuam de modo expressivo no controle desses caracteres (MATHER & JINKS, 1984).

Dessa forma, pode-se observar que a média (m) foi significativa para a maioria dos caracteres, com exceção do percentual de grãos com barriga branca (BB) que não foi significativa em ambos os cruzamentos. De modo geral, o parâmetro m (média) apresentou as maiores estimativas para todos os caracteres seguido de a (aditivo).

Tabela 5. Teste de significância da hipótese de nulidade dos parâmetros genéticos estimados a partir do modelo completo, com base nas médias dos caracteres estudados, em arroz, obtidas a partir de G₁, G₂, F₁, F₂, RC₁ e RC₂ dos cruzamentos entre BR-IRGA 409 x BRS BOJURU e seu recíproco.

BR IRGA 409 X BRS Bojuru									
Parâmetros	GL	AGT		BB		BV		CC	
		Est.	Var.	Est.	Var.	Est.	Var.	Est.	Var.
m	229	15,30**	9,81	0,41 ^{ns}	0,64	116,60**	5,04	5,59**	0,04
a	39	-2,78**	0,06	-0,57**	0,00	-0,80**	0,01	0,65**	0,00
d	244	-5,09 ^{ns}	60,41	1,52 ^{ns}	4,02	10,44 ^{ns}	31,36	-0,03 ^{ns}	0,24
aa	190	-0,98 ^{ns}	9,75	0,45 ^{ns}	0,63	8,25**	5,03	-0,25 ^{ns}	0,03
ad	117	5,78**	4,38	2,05**	0,31	0,33 ^{ns}	2,27	-0,17 ^{ns}	0,02
dd	244	4,13 ^{ns}	23,21	-1,64 ^{ns}	1,52	-2,91 ^{ns}	11,81	-0,19 ^{ns}	0,10
Parâmetros	GL	LC		CC/LC		INT		QB	
		Est.	Var.	Est.	Var.	Est.	Var.	Est.	Var.
m	229	2,16**	0,01	2,63**	0,02	87,95**	5,76	12,05**	5,76
a	39	-0,32**	0,00	0,64**	0,00	5,62**	0,09	-5,62**	0,09
d	244	0,21 ^{ns}	0,04	-0,28 ^{ns}	0,16	19,52**	37,32	-19,52**	37,31
aa	190	0,09 ^{ns}	0,01	-0,16 ^{ns}	0,02	4,17 ^{ns}	5,67	-4,17 ^{ns}	5,67
ad	117	-0,09 ^{ns}	0,00	0,00 ^{ns}	0,01	-5,58**	3,12	5,58**	3,12
dd	244	-0,07 ^{ns}	0,02	-0,02 ^{ns}	0,06	-9,26*	14,49	9,26*	14,49
BRS Bojuru X BR IRGA 409									
Parâmetros	GL	AGT		BB		BV		CC	
		Est.	Var.	Est.	Var.	Est.	Var.	Est.	Var.
m	187	12,69**	12,29	0,59 ^{ns}	0,99	119,41**	13,96	5,69**	0,06
a	39	1,98**	0,04	0,38**	0,00	2,04**	0,01	-0,62**	0,00
d	215	7,94 ^{ns}	90,17	1,41 ^{ns}	7,33	0,35 ^{ns}	105,45	-0,22 ^{ns}	0,42
aa	148	-0,86 ^{ns}	12,25	-0,07 ^{ns}	0,99	4,37 ^{ns}	13,95	-0,24 ^{ns}	0,06
ad	74	1,07 ^{ns}	8,33	0,45 ^{ns}	0,68	-5,51 ^{ns}	9,96	0,00 ^{ns}	0,04
dd	215	-8,87 ^{ns}	36,94	-1,89 ^{ns}	3,01	3,89 ^{ns}	43,75	-0,06 ^{ns}	0,17
Parâmetros	GL	LC		CC/LC		INT		QB	
		Est.	Var.	Est.	Var.	Est.	Var.	Est.	Var.
m	187	2,25**	0,01	2,48**	0,03	93,73**	9,76	6,27*	9,76
a	39	0,32**	0,00	-0,61**	0,00	-4,46**	0,05	4,46**	0,05
d	215	0,11 ^{ns}	0,06	-0,01 ^{ns}	0,21	1,78 ^{ns}	70,90	-1,78 ^{ns}	70,89
aa	148	0,04 ^{ns}	0,01	-0,01 ^{ns}	0,03	0,21 ^{ns}	9,70	-0,21 ^{ns}	9,70
ad	74	0,11 ^{ns}	0,01	-0,16 ^{ns}	0,02	2,35 ^{ns}	6,53	-2,35 ^{ns}	6,53
dd	215	-0,02 ^{ns}	0,02	-0,15 ^{ns}	0,09	3,27 ^{ns}	28,92	-3,27 ^{ns}	28,92

AGT – área gessada total (%); BB - percentual de grãos com barriga branca (%); BV – constante de brancura vítrea dos grãos; CC – comprimento da cariopse (mm); LC - largura da cariopse (mm); CC/LC – relação comprimento x largura da cariopse (mm); INT – percentual de grãos inteiros (%) e QB – percentual de grãos quebrados (%). Est.: estimativa. Var.: variância. m, média das linhagens homozigotas 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. *:Significativo a 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste t. ns: não significativo.

O desvio da dominância (d) demonstrou a maior variância em todos os caracteres analisados, além da maior estimativa para os caracteres BB nos dois cruzamentos, no entanto, esse efeito gênico não foi significativo nesse caráter. O

parâmetro “d” apenas obteve valor significativo para os caracteres INT e QB no cruzamento entre BRS/IRGA 409 x BRS Bojuru, da mesma forma, esses caracteres desse mesmo cruzamento foram os únicos que apresentaram significância para os efeitos genéticos epistáticos dominante-dominante (dd). Sultan et al. (2014) também relataram grande influência dos desvios de “d” e “dd” sob o caráter de percentual de grãos inteiros, testando três cruzamento de arroz utilizando a análise de gerações, em duas condições ambientais: condições normais de cultivo e sob deficiência hídrica.

Além disso, entre os efeitos genéticos epistáticos aditivo-aditivo (aa), aditivo-dominante (ad) e dominante-dominante (dd), verifica-se que para as gerações do cruzamento BRS Bojuru x BR-IRGA 409, não foram obtidas diferenças significativas destes efeitos para nenhum dos caracteres estudados. Para o cruzamento BR-IRGA 409 x BRS Bojuru, constatou-se que o caráter BV teve influência significativa do efeito aditivo-aditivo. Para o efeito aditivo-dominante os caracteres AGT, BB, INT e QB foram significativos.

Cabe ressaltar que todos os resultados das interações alélicas e epistáticas referentes aos caracteres CC, LC e INT foram concordantes com os relatados anteriormente por Manickavelu et al. (2006), Kumar et al. (2006), El-Abd et al. (2008), Hassan et al. (2011) e Sultan et al. (2014). Os mesmos afirmam que o efeito gênico aditivo (a) é importante para os caracteres de qualidade de grãos, sendo esse o único parâmetro que apresentou significância para todas as variáveis analisadas em ambos cruzamentos, tendo influência na determinação do controle genético dos caracteres relacionados aos atributos físicos de qualidade de grãos em arroz (AGT, BB, BV, CC, LC, CC/LC, INT e QB).

A decomposição não-ortogonal da soma de quadrados de parâmetros permitiu concluir, a partir do coeficiente de determinação (R^2), que, para todas as características, o efeito genético de maior importância sobre a variabilidade disponível dos caracteres foi o efeito gênico aditivo (Tabela 6). O efeito gênico de dominância, para todos os caracteres, foi de baixa importância. Este fator evidencia que é possível a obtenção de linhagens homozigotas, com características físicas de qualidade de grãos interessantes, a partir de seleção nas populações derivadas de F2 e que os ganhos, a partir daí, serão satisfatórios, pois o componente de natureza aditiva é o mais importante, por referir-se aos efeitos aditivos dos genes em relação ao caráter.

Tabela 6. Decomposição não ortogonal da soma de quadrados (SQ) de parâmetros (m, a, d, aa, ad, dd), pelo método de eliminação de Gauss, para todos os caracteres estudados, em arroz, obtidas a partir de G₁, G₂, F₁, F₂, RC₁ e RC₂ dos cruzamentos entre BR-IRGA 409 x BRS Bojuru e seu recíproco.

BR-IRGA 409 X BRS Bojuru									
		AGT		BB		BV		CC	
Fonte de variação	GL	SQ	R ² (%)	SQ	R ² (%)	SQ	R ² (%)	SQ	R ² (%)
m/a, d, aa, ad, dd	1	23,86	15,13	0,26	0,30	2696,63	97,56	891,76	38,07
a/m, d, aa, ad, dd	1	124,88	79,21	69,93	80,63	49,61	1,79	1446,91	61,77
d/m, a, aa, ad, dd	1	0,43	0,27	0,58	0,67	3,47	0,13	0,01	0,00
aa/m, a, d, ad, dd	1	0,10	0,06	0,32	0,37	13,55	0,49	1,82	0,08
ad/m, a, d, aa, dd	1	7,65	4,85	13,85	15,97	0,05	0,00	1,44	0,06
dd/m, a, d, aa, ad	1	0,74	0,47	1,78	2,05	0,72	0,03	0,39	0,02
Total	6	157,65		86,72		2764,03		2342,34	
		LC		CC/LC		INT		QB	
Fonte de variação	GL	SQ	R ² (%)	SQ	R ² (%)	SQ	R ² (%)	SQ	R ² (%)
m/a, d, aa, ad, dd	1	781,29	8,79	286,29	2,63	1343,42	78,25	25,21	6,32
a/m, d, aa, ad, dd	1	8097,69	91,14	10593,57	97,35	344,16	20,05	344,16	86,35
d/m, a, aa, ad, dd	1	1,14	0,01	0,50	0,00	10,21	0,59	10,22	2,56
aa/m, a, d, ad, dd	1	1,42	0,02	1,17	0,01	3,07	0,18	3,07	0,77
ad/m, a, d, aa, dd	1	2,62	0,03	0,00	0,00	9,98	0,58	9,98	2,50
dd/m, a, d, aa, ad	1	0,30	0,00	0,01	0,00	5,92	0,34	5,92	1,49
Total	6	8884,45		10881,54		1716,76		398,55	
BRS Bojuru X BR-IRGA 409									
		AGT		BB		BV		CC	
Fonte de variação	GL	SQ	R ² (%)	SQ	R ² (%)	SQ	R ² (%)	SQ	R ² (%)
m/a, d, aa, ad, dd	1	13,10	11,80	0,35	0,27	1021,32	75,16	555,58	11,38
a/m, d, aa, ad, dd	1	94,84	85,47	128,65	98,38	332,71	24,49	4326,37	88,60
d/m, a, aa, ad, dd	1	0,70	0,63	0,27	0,21	0,00	0,00	0,12	0,00
aa/m, a, d, ad, dd	1	0,06	0,05	0,00	0,00	1,37	0,10	1,03	0,02
ad/m, a, d, aa, dd	1	0,14	0,13	0,30	0,23	3,05	0,22	0,00	0,00
dd/m, a, d, aa, ad	1	2,13	1,92	1,19	0,91	0,35	0,03	0,02	0,00
Total	6	110,97		130,77		1358,80		4883,11	
		LC		CC/LC		INT		QB	
Fonte de variação	GL	SQ	R ² (%)	SQ	R ² (%)	SQ	R ² (%)	SQ	R ² (%)
m/a, d, aa, ad, dd	1	655,34	8,94	210,42	1,43	900,43	70,78	4,02	1,07
a/m, d, aa, ad, dd	1	6672,79	91,02	14549,73	98,56	370,43	29,12	370,43	98,59
d/m, a, aa, ad, dd	1	0,20	0,00	0,00	0,00	0,04	0,00	0,04	0,01
aa/m, a, d, ad, dd	1	0,19	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
ad/m, a, d, aa, dd	1	2,53	0,03	1,27	0,01	0,84	0,07	0,84	0,22
dd/m, a, d, aa, ad	1	0,03	0,00	0,26	0,00	0,37	0,03	0,37	0,10
Total	6	7331,08		14761,69		1272,12		375,72	

AGT – área gessada total (%); BB - percentual de grãos com barriga branca (%); BV – constante de brancura vítrea dos grãos; CC – comprimento da cariopse (mm); LC - largura da cariopse (mm); CC/LC – relação comprimento x largura da cariopse (mm); INT – percentual de grãos inteiros (%) e QB – percentual de grãos quebrados (%). m: média das linhagens homozigotas 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.

Em relação à decomposição não ortogonal para as interações epistáticas aditiva-aditiva (aa), aditiva-dominante (ad) e dominante-dominante (dd), estas apresentaram pouca influência genética nas médias para a determinação dos caracteres em análise. As estimativas mais expressivas foram observadas em relação aos efeitos das interações “ad” para AGT com uma contribuição de 4,85% e BB com 15,97%, nos cruzamentos entre BR-IRGA 409 x BRS Bojuru.

Mesmo o uso do modelo completo para descrever as médias das gerações ser de suma importância, para se ter um conhecimento e entendimento de maior abrangência sobre as causas e magnitudes dos componentes genéticos que controlam o caráter, analisou-se o modelo reduzido aditivo-dominante. Segundo Cruz et al. (2012), este modelo, além de mais simples, tem sido rotineiramente utilizado nos programas de melhoramento genético, fornecendo informações indispensáveis na avaliação da eficiência e êxito dos métodos empregados. Assim, os efeitos de média (m) e aditividade (a) foram significativos para todos os caracteres analisados de ambos os cruzamentos a um nível de significância de 1% pelo teste t. Para os efeitos de dominância os caracteres BB, BV, LC, CC/LC, INT e QB para o cruzamento entre BR-IRGA 409 x BRS Bojuru e BB, LC, CC/LC, INT e QB para o cruzamento entre BRS Bojuru x BR-IRGA 409 foram significativos também a 1% (Tabela 7).

Tabela 7. Teste de significância da hipótese de nulidade dos parâmetros genéticos estimados a partir do modelo aditivo-dominante, com base nas médias dos caracteres estudados, em arroz, obtidas a partir de G₁, G₂, F₁, F₂, RC₁ e RC₂ dos cruzamentos entre BR-IRGA 409 x BRS BOJURU e seu recíproco.

BR-IRGA 409 X BRS Bojuru									
	AGT			BB		BV		CC	
Parâmetros	GL	Est.	Var.	Est.	Var.	Est.	Var.	Est.	Var.
m	244	14,20**	0,06	0,85**	0,00	124,69**	0,01	5,38**	0,00
a	244	-2,61**	0,06	-0,55**	0,00	-0,86**	0,01	0,64**	0,00
d	244	0,00 ^{ns}	0,24	-0,55**	0,00	-0,77**	0,03	-0,00 ^{ns}	0,00
	LC			CC/LC		INT		QB	
Parâmetros	GL	Est.	Var.	Est.	Var.	Est.	Var.	Est.	Var.
m	244	2,25**	0,00	2,46**	0,00	92,38**	0,07	7,61**	0,07
a	244	-0,32**	0,00	0,64**	0,00	5,30**	0,08	-5,30**	0,08
d	244	0,05**	0,00	-0,14**	0,00	5,88**	0,13	-5,88**	0,13
BRS Bojuru X BR-IRGA 409									
	AGT			BB		BV		CC	
Parâmetros	GL	Est.	Var.	Est.	Var.	Est.	Var.	Est.	Var.
m	215	12,11**	0,04	0,54**	0,00	123,69**	0,01	5,45**	0,00
a	215	2,12**	0,04	0,40**	0,00	2,01**	0,01	-0,62**	0,00
d	215	-0,27 ^{ns}	0,05	-0,43**	0,00	-0,07 ^{ns}	0,02	-0,02 ^{ns}	0,00
	LC			CC/LC		INT		QB	
Parâmetros	GL	Est.	Var.	Est.	Var.	Est.	Var.	Est.	Var.
m	215	2,29**	0,00	2,47**	0,00	93,81**	0,05	6,19**	0,05
a	215	0,32**	0,00	-0,61**	0,00	-4,52**	0,05	4,52**	0,05
d	215	0,04**	0,00	-0,14**	0,00	4,92**	0,06	-4,92**	0,06

AGT – área gessada total (%); BB - percentual de grãos com barriga branca (%); BV – constante de brancura vítrea dos grãos; CC – comprimento da cariopse (mm); LC - largura da cariopse (mm); CC/LC – relação comprimento x largura da cariopse (mm); INT – percentual de grãos inteiros (%) e QB – percentual de grãos quebrados (%). m: média das linhagens homozigotas derivadas de F₂; a: medida do efeito gênico aditivo; d: medida dos desvios da dominância. **:Significativo a 1% de probabilidade pelo teste t.

O modelo aditivo-dominante também possibilita a obtenção de médias preditas correlacionadas com as médias observadas (Tabela 8). Sendo as magnitudes para o cruzamento BR-IRGA 409 x BRS Bojuru de 0,86, 0,69, 0,47, 0,98, 0,99, 0,99, 0,97 e 0,97 equivalentes a uma determinação R² de 74%, 48%, 22%, 97%, 99%, 99%, 94% e 94% para AGT, BB, BV, CC, LC, CC/LC, INT e QB, respectivamente, e para o cruzamento BRS Bojuru x BR-IRGA 409 as magnitudes de 0,52, 0,54, 0,31, 0,98, 0,99, 0,99, 0,99 e 0,99 equivalentes a uma determinação R² de 52%, 54%, 31%, 98%, 99%, 99%, 97%, 97% para AGT, BB, BV, CC, LC, CC/LC, INT e QB, respectivamente.

Tabela 8. Médias observadas (Y) e estimadas ($\hat{Y}$) para todos os caracteres estudados, em arroz, obtidas a partir de G₁, G₂, F₁, F₂, RC₁ e RC₂ dos cruzamentos entre BR-IRGA 409 x BRS BOJURU e seu recíproco.

BR-IRGA 409 X BRS Bojuru								
Geração	AGT		BB		BV		CC	
	Y	Ŷ	Y	Ŷ	Y	Ŷ	Y	Ŷ
G ₁ ♀(BR-IRGA 409)	11,53	11,60	0,29	0,31	124,06	123,83	6,00	6,02
G ₂ ♂(BRS Bojuru)	17,11	16,81	1,43	1,40	125,66	125,55	4,69	4,74
F ₁	14,35	14,20	0,29	0,30	124,13	123,92	5,37	5,38
F ₂	13,79	14,20	0,76	0,58	121,09	124,30	5,53	5,38
RC ₁ (F ₁ ♀ X G ₁ ♂)	13,60	12,90	1,10	0,30	122,84	123,87	5,75	5,70
RC ₂ (F ₁ ♀ X G ₂ ♂)	13,49	15,51	0,65	0,85	123,48	124,74	5,18	5,06
r (Y,Ŷ)	0,864		0,692		0,476		0,984	
R ² (%)	0,747		0,478		0,227		0,967	
Geração	LC		CC/LC		INT		QB	
	Y	Ŷ	Y	Ŷ	Y	Ŷ	Y	Ŷ
G ₁ ♀(BR-IRGA 409)	1,93	1,93	3,10	3,11	97,75	97,69	2,25	2,31
G ₂ ♂(BRS Bojuru)	2,58	2,58	1,82	1,82	86,50	87,09	13,50	12,91
F ₁	2,31	2,30	2,33	2,33	98,22	98,27	1,78	1,73
F ₂	2,25	2,28	2,48	2,40	95,40	95,33	4,60	4,67
RC ₁ (F ₁ ♀ X G ₁ ♂)	2,09	2,12	2,77	2,72	97,86	97,98	2,14	2,02
RC ₂ (F ₁ ♀ X G ₂ ♂)	2,46	2,44	2,12	2,08	95,03	92,68	4,97	7,32
r (Y,Ŷ)	0,997		0,997		0,972		0,972	
R ² (%)	0,995		0,993		0,945		0,945	
BRS Bojuru X BR-IRGA 409								
Geração	AGT		BB		BV		CC	
	Y	Ŷ	Y	Ŷ	Y	Ŷ	Y	Ŷ
G ₁ ♀(BRS Bojuru)	13,81	14,23	0,90	0,94	125,83	125,70	4,82	4,83
G ₂ ♂(BR-IRGA 409)	9,85	9,99	0,14	0,15	121,74	121,68	6,07	6,08
F ₁	11,76	11,84	0,11	0,11	123,67	123,61	5,41	5,43
F ₂	14,44	11,98	0,82	0,33	120,56	123,65	5,56	5,44
RC ₁ (F ₁ ♀ X G ₁ ♂)	15,48	13,04	1,11	0,53	121,30	124,66	5,19	5,13
RC ₂ (F ₁ ♀ X G ₂ ♂)	12,97	10,92	0,50	0,13	122,01	122,64	5,81	5,75
r (Y,Ŷ)	0,720		0,736		0,554		0,992	
R ² (%)	0,518		0,541		0,307		0,984	
Geração	LC		CC/LC		INT		QB	
	Y	Ŷ	Y	Ŷ	Y	Ŷ	Y	Ŷ
G ₁ ♀(BRS Bojuru)	2,60	2,60	1,85	1,85	89,49	89,29	10,51	10,71
G ₂ ♂(BR-IRGA 409)	1,97	1,97	3,08	3,08	98,41	98,32	1,59	1,68
F ₁	2,33	2,33	2,32	2,32	98,78	98,72	1,22	1,28
F ₂	2,30	2,31	2,44	2,40	95,44	96,27	4,56	3,73
RC ₁ (F ₁ ♀ X G ₁ ♂)	2,49	2,47	2,09	2,09	93,85	94,01	6,15	5,99
RC ₂ (F ₁ ♀ X G ₂ ♂)	2,12	2,15	2,78	2,70	97,13	98,52	2,87	1,48
r (Y,Ŷ)	0,997		0,998		0,986		0,986	
R ² (%)	0,995		0,995		0,973		0,973	

AGT – área gessada total (%); BB - percentual de grãos com barriga branca (%); BV – constante de brancura vítrea dos grãos; CC – comprimento da cariopse (mm); LC - largura da cariopse (mm); CC/LC – relação comprimento x largura da cariopse (mm); INT – percentual de grãos inteiros (%) e QB – percentual de grãos quebrados (%). RC₁ (F₁♀ X G₁♂), RC₂ (F₁♀ X G₂♂).

De modo geral, estas magnitudes $r(Y, \hat{Y})$, e determinações R^2 são consideradas elevadas, indicando uma alta precisão do modelo aditivo-dominante para os caracteres analisados, com exceção de BV, propiciando veracidade nas estimativas dos efeitos gênicos (ROCHA et al. 2009).

Os efeitos genéticos mais importantes na determinação dos caracteres são os efeitos da média e aditivo. O efeito gênico, devido à dominância, é de menor importância, porém significativo no controle gênico das características estudadas (Tabela 9). Com isso, pode-se concluir que o uso do modelo genético aditivo-dominante é satisfatório no intuito de explicar o comportamento da média das gerações e que a variabilidade aditiva presente em F_2 é relativamente superior em comparação com a variabilidade atribuída aos desvios de dominância para todos os caracteres. Logo, o desenvolvimento do programa de melhoramento com esses cruzamentos possibilitará a obtenção de progresso genético para esses caracteres, a partir de seleções na geração F_2 . Mather & Jinks (1984) ressaltam que com a utilização apenas da média para inferir sobre os tipos de ação gênica, se obtém uma soma algébrica de cada um dos loci de maneira individual, e pode ocorrer que genes dominantes estejam presentes, porém atuando em sentidos opostos nos diversos loci, podendo resultar em um efeito final pequeno ou nulo, e gerar uma ideia ilusória do real efeito.

Cabe salientar que, para os caracteres envolvendo grãos gessados (AGT e BB), há poucos estudos em controle genético a partir dos modelos completos e aditivo-dominante, entretanto em Zhu e colaboradores (2018), em estudos sobre QTLs para estes caracteres, relatam que com o mapeamento de qPCG1, determinou-se que o efeito dominante incompleto e o efeito aditivo desempenham um papel importante e explicou 6,8–21,9% da variação fenotípica para o caráter AGT, corroborando com os efeitos genéticos exposto neste estudo.

Tabela 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 estudados, em arroz, obtidas a partir de G₁, G₂, F₁, F₂, RC₁ e RC₂ dos cruzamentos entre BR-IRGA 409 x BRS BOJURU e seu recíproco.

BR-IRGA 409 X BRS Bojuru									
FV	AGT			BB		BV		CC	
	GL	SQ	R ² (%)	SQ	R ² (%)	SQ	R ² (%)	SQ	R ² (%)
m/a, d	1	3495,23	96,77	189,59	57,42	1247320,34	99,99	112298,30	98,69
a/m, d	1	116,72	3,23	76,78	23,26	58,86	0,00	1486,58	1,31
d/m, a	1	0,00	0,00	63,78	19,32	21,27	0,00	0,03	0,00
Total	3	3611,94		330,15		1247400,46		113784,92	
FV	LC			CC/LC		INT		QB	
	GL	SQ	R ² (%)	SQ	R ² (%)	SQ	R ² (%)	SQ	R ² (%)
m/a, d	1	405645,95	97,99	159977,36	93,53	114432,90	99,46	777,07	55,38
a/m, d	1	8266,99	2,00	10752,08	6,29	367,46	0,32	367,47	26,19
d/m, a	1	68,01	0,02	306,61	0,18	258,56	0,22	258,56	18,43
Total	3	413980,94		171036,04		115058,91		1403,09	
BRS Bojuru X BR-IRGA 409									
FV	AGT			BB		BV		CC	
	GL	SQ	R ² (%)	SQ	R ² (%)	SQ	R ² (%)	SQ	R ² (%)
m/a, d	1	3761,02	97,05	268,20	48,05	1238402,82	99,97	339063,73	98,73
a/m, d	1	112,99	2,92	142,96	25,62	324,15	0,03	4363,45	1,27
d/m, a	1	1,40	0,04	146,95	26,33	0,27	0,00	1,48	0,00
Total	3	3875,40		558,11		1238727,24		343428,66	
FV	LC			CC/LC		INT		QB	
	GL	SQ	R ² (%)	SQ	R ² (%)	SQ	R ² (%)	SQ	R ² (%)
m/a, d	1	360693,46	98,14	238300,02	94,08	179817,58	99,56	783,76	49,57
a/m, d	1	6789,78	1,85	14786,82	5,84	408,09	0,23	408,09	25,81
d/m, a	1	45,06	0,01	196,18	0,08	389,14	0,22	389,14	24,61
Total	3	367528,30		253283,02		180614,81			

AGT – área gessada total (%); BB - percentual de grãos com barriga branca (%); BV – constante de brancura vítrea dos grãos; CC – comprimento da cariopse (mm); LC - largura da cariopse (mm); CC/LC – relação comprimento x largura da cariopse (mm); INT – percentual de grãos inteiros (%) e QB – percentual de grãos quebrados (%). FV: fonte de variação; m: média das linhagens homozigotas derivadas de F₂; a: medida do efeito gênico aditivo; d: medida dos desvios da dominância.

Na Tabela 10 são demonstrados os ganhos genéticos preditos para o primeiro ciclo de seleção dos caracteres avaliados provenientes dos cruzamentos entre BR-IRGA 409 x BRS Bojuru e seu recíproco, com uma pressão de seleção de 10%, selecionando-se apenas as 11 melhores plantas para ambos os cruzamentos.

Ao observar as médias originais em F₂ em relação à média predita para F₃ (1º ciclo de seleção) no cruzamento BR-IRGA 409 x BRS Bojuru obteve-se os valores para os caracteres AGT de 13,79% para 6,46%, BB de 0,76% para 0,09%, BV de 121,09 para 110,50, CC de 5,53mm para 5,65mm, LC de 2,25mm para 2,17mm, CC/LC de 2,48 para 2,79, INT de 95,40% para 97,52% e QB de 4,60% para 2,48%, desta forma, ganhos por seleção ($\Delta G\%$) de -53,13%, -87,68%, -8,75%, 2,16%, -

3,67%, 12,30%, 2,22% e -46,02% para os respectivos caracteres. Cabe destacar que os ganhos por seleção negativos correspondem aos caracteres que apresentam valores inferiores aos desejáveis agronomicamente.

Tabela 10. Predição de ganhos genéticos com a seleção de 10% dos melhores indivíduos (Plantas) para os caracteres estudados, em arroz, obtidos a partir de G₁, G₂, F₁, F₂, RC₁ e RC₂ dos cruzamentos entre BR-IRGA 409 x BRS BOJURU e seu recíproco.

BR-IRGA 409 X BRS Bojuru								
Parâmetros	AGT	BB	BV	CC	LC	CC/LC	INT	QB
Número de indivíduos selecionados	11	11	11	11	11	11	11	11
Média original da população F ₂	13,79	0,76	121,09	5,53	2,25	2,48	95,40	4,60
Média dos indivíduos selecionados	5,66	0,00	109,56	6,09	2,03	3,09	99,48	0,52
Diferencial de seleção (DS)	-8,13	-0,76	-11,53	0,57	-0,22	0,60	4,08	-4,08
Ganho por seleção (ΔG)	-7,33	-0,67	-10,59	0,12	-0,08	0,31	2,12	-2,12
Ganho por seleção ($\Delta G\%$)	-53,13	-87,68	-8,75	2,16	-3,67	12,30	2,22	-46,02
Média predita no 1º ciclo de seleção	6,46	0,09	110,50	5,65	2,17	2,79	97,52	2,48
BRS Bojuru X BR-IRGA 409								
Parâmetros	AGT	BB	BV	CC	LC	CC/LC	INT	QB
Número de indivíduos selecionados	11	11	11	11	11	11	11	11
Média original da população F ₂	14,44	0,82	120,56	5,56	2,30	2,44	95,44	4,56
Média dos indivíduos selecionados	6,94	0,00	107,50	6,30	2,09	2,93	99,30	0,70
Diferencial de seleção (DS)	-7,51	-0,82	-13,07	0,73	-0,21	0,49	3,87	-3,87
Ganho por seleção (ΔG)	-5,69	-0,54	-6,23	0,54	-0,15	0,33	3,30	-3,30
Ganho por seleção ($\Delta G\%$)	-39,41	-65,94	-5,17	9,61	-6,59	13,62	3,46	-72,44
Média predita no 1º ciclo de seleção	8,75	0,28	114,33	6,10	2,14	2,77	98,74	1,26

AGT – área gessada total (%); BB - percentual de grãos com barriga branca (%); BV – constante de brancura vítrea dos grãos; CC – comprimento da cariopse (mm); LC - largura da cariopse (mm); CC/LC – relação comprimento x largura da cariopse (mm); INT – percentual de grãos inteiros (%) e QB – percentual de grãos quebrados (%).

Para o cruzamento BRS Bojuru x BR-IRGA 409 obteve-se os valores para os caracteres AGT de 14,44% para 8,75%, BB de 0,82% para 0,28%, BV de 120,56 para 114,33, CC de 5,56mm para 6,10mm, LC de 2,30mm para 2,14mm, CC/LC de 2,44 para 2,77, INT de 95,44% para 98,74% e QB de 4,56% para 1,26%, desta forma, ganhos por seleção ($\Delta G\%$) de -39,41%, -65,94%, -5,17%, 9,61%, -6,59%, 13,62%, 3,46% e -72,44% para os respectivos caracteres.

No cruzamento BR-IRGA 409 x BRS Bojuru obteve-se estimativas de ganhos por seleção superiores para os caracteres AGT, BB e BV, enquanto no cruzamento BRS Bojuru x BR-IRGA 409 as estimativas de ganhos por seleção foram superiores para os caracteres relacionados a tamanho de cariopse (CC, LC e CC/LC) e para INT e QB.

As estimativas dos parâmetros genéticos e componentes de variância, sejam as 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, são úteis para orientar o melhorista na seleção. Estes estão representados na Tabela 11. O conhecimento destes parâmetros é de suma importância, sendo fundamental para a contribuição da genética quantitativa, pois auxilia o melhorista na tomada de decisão a respeito das estratégias seletivas empregadas e possibilita a predição de ganhos genéticos, seja para uso em métodos clássicos de seleção (genealógico) ou seleção recorrente, para futuros ciclos de seleção e para a avaliação da viabilidade do programa de melhoramento genético (RAMALHO et al., 2012).

Desta maneira, pode-se observar que, para todos os caracteres analisados em ambos os cruzamentos, parte da variância fenotípica é procedente da influência de fatores de ordem ambiental. Contudo, os fatores de ordem genotípica demonstram a existência de variabilidade genética, assim como já confirmado pelas análises anteriores. Salienta-se que a variância genética aditiva predominou em comparação à dominância, para a maioria dos caracteres, com exceção dos caracteres relacionados a tamanho de cariopse (CC, LC e CC/LC) para o cruzamento BR-IRGA 409 x BRS Bojuru, além de, BV para o cruzamento BRS Bojuru x BR-IRGA 409.

Foram obtidas as estimativas de herdabilidade, tanto no sentido amplo, quanto no sentido restrito. A primeira, mensura a proporção relativa entre os efeitos genotípicos e os de ambiente na expressão fenotípica dos caracteres, as quais apresentaram magnitudes muito altas, de acordo com a tabela de classificação de Cargnelutti Filho & Storck (2007), situando-se acima de 88% para todos os caracteres em ambos os cruzamentos, corroborando com os resultados encontrados em outros trabalhos com atributos de qualidade de grãos em arroz (FAHLIANI et al., 2011; NIRMALADEVI et al., 2015; SINGH et al., 2017). Em relação a estimativas da herdabilidade no sentido restrito, parâmetro que reflete a proporção da variância aditiva em razão da variação fenotípica, ou seja, a parte da variação genética que é transmitida aos descendentes (Cruz et al. 2012), para os atributos de qualidade de grãos revelaram que estas variaram entre os caracteres conforme o cruzamento, AGT 90,11% e 75,83%, BB 87,68% e 65,94%, BV 91,82% e 47,70%, CC 21,05% e 73,05%, LC 36,76% e 72,48%, CC/LC 50,74% e 67,82%, INT 51,86% e 85,48% e

QB 51,90% e 85,48%, para BR-IRGA 409 x BRS Bojuru e BRS Bojuru x BR-IRGA 409, respectivamente.

Tabela 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 estudados, em arroz, obtidas a partir de G_1 , G_2 , F_1 , F_2 , RC_1 e RC_2 dos cruzamentos entre BR-IRGA 409 x BRS BOJURU e seu recíproco.

BR-IRGA 409 X BRS Bojuru								
Parâmetros	AGT	BB	BV	CC	LC	CC/LC	INT	QB
Variância fenotípica	39,71	2,46	19,82	0,11	0,02	0,08	20,55	20,55
Variância de genotípica	2,94	0,10	0,38	0,01	0,00	0,00	2,30	2,30
Variância de ambiente	36,77	2,35	19,44	0,10	0,02	0,08	18,26	18,26
Variância aditiva	35,79	2,16	18,20	0,02	0,01	0,04	10,66	10,67
Variância de dominância	0,99	0,20	1,24	0,08	0,01	0,04	7,60	7,59
Herdabilidade no sentido amplo (%)	92,60	95,78	98,07	93,63	97,58	98,81	88,82	88,82
Herdabilidade no sentido restrito (%)	90,11	87,68	91,82	21,05	36,76	50,74	51,86	51,90
Grau médio de dominância (GMD)	0,23	0,43	0,37	2,63	1,82	1,38	1,19	1,19
Nº de genes que controlam o caráter	3	4	4	10	8	8	8	8
BRS Bojuru X BR-IRGA 409								
Parâmetros	AGT	BB	BV	CC	LC	CC/LC	INT	QB
Variância fenotípica	29,12	2,24	28,79	0,14	0,02	0,07	24,13	24,13
Variância de genotípica	0,99	0,02	0,36	0,01	0,00	0,00	1,25	1,25
Variância de ambiente	28,13	2,21	28,43	0,14	0,02	0,07	22,88	22,88
Variância aditiva	22,08	1,47	13,73	0,10	0,01	0,05	20,63	20,63
Variância de dominância	6,04	0,74	14,70	0,03	0,00	0,02	2,26	2,26
Herdabilidade no sentido amplo (%)	96,58	98,90	98,75	95,64	96,27	97,54	94,83	94,83
Herdabilidade no sentido restrito (%)	75,83	65,94	47,70	73,05	72,48	67,82	85,48	85,48
Grau médio de dominância (GMD)	0,74	1,00	1,46	0,79	0,81	0,94	0,47	0,47
Nº de genes que controlam o caráter	7	5	14	6	4	5	6	6

AGT – área gessada total (%); BB - percentual de grãos com barriga branca (%); BV – constante de brancura vítrea dos grãos; CC – comprimento da cariopse (mm); LC - largura da cariopse (mm); CC/LC – relação comprimento x largura da cariopse (mm); INT – percentual de grãos inteiros (%) e QB – percentual de grãos quebrados (%).

Desta forma, as baixas estimativas de herdabilidade no sentido restrito em alguns caracteres estudados demonstram a dificuldade da transmissão de alelos conforme a combinação do cruzamento. Amissah e colaboradores (2019) afirmam que caracteres de produtividade geralmente apresentam baixa herdabilidade devido as influências ambientais e muitas vezes não são herdáveis. Da mesma maneira, os caracteres de qualidade de grãos em arroz também estão propícios a este fator.

Cruz et al. (2012) relata que a estimativa do grau médio de dominância (GMD) com base nas médias expressa a posição relativa entre o valor genotípico do heterozigoto (da geração F_1) e o valor médio genotípico dos homozigotos (dos

genótipos utilizados nos cruzamentos). Desta forma, foram constatadas, no cruzamento entre BR-IRGA 409 x BRS Bojuru, dominâncias parciais para os caracteres de AGT, BB e BV, sobredominância para os caracteres relacionados a tamanho de cariopse, além de INT e QB. No cruzamento entre BRS Bojuru x BR-IRGA 409, foram constatadas dominâncias parciais para AGT, CC, LC, CC/LC, INT e QB, sobredominância para BV e efeito de dominância completa para o caráter BB.

A estimativa de grande influência de fatores ambientais, nos caracteres analisados de atributos relacionados a qualidade de grãos, reforça a constatação de que a herança genética destes caracteres, é de origem poligênica ou quantitativa, através da estimativa do número de genes (Tabela 11), que variaram de 3 a 7 genes para AGT, de 4 a 5 genes para BB, de 4 a 14 genes para BV, de 6 a 10 genes para CC, de 4 a 8 genes para LC, de 5 a 8 genes para CC/LC e de 6 a 8 genes para INT e QB.

3.6 Conclusão

1. Os atributos físicos da qualidade de grãos do arroz possuem herança genética quantitativa, tendo como principal efeito genético a ação intra-gênica aditiva nos cruzamentos estudados envolvendo os genitores do presente estudo;

2. Existe, nas populações obtidas com os genitores deste estudo, influência ambiental e dos componentes genéticos aditivos na expressão fenotípica dos atributos físicos da qualidade dos grãos de arroz, nos caracteres estudados;

3. O cruzamento BR-IRGA 409 x BRS Bojuru possibilita o maior ganho genético na seleção para área gessada total, barriga branca e brancura vítrea, bem como herdabilidade com sentido restrito; já com o cruzamento BRS Bojuru x BR-IRGA 409 obtém-se ganho genético e herdabilidade com sentido restrito superior através do comprimento, largura, relação comprimento/largura da cariopse e percentual de grãos quebrados;

4. A ação gênica é influenciada pelos genitores conforme a combinação destes nos cruzamentos, com destaque para a ação gênica de dominância parcial, sobredominância e dominância completa entre os atributos físicos da qualidade dos grãos de arroz.

3.7 Referências

- AMISSAH, S.; OSEKRE, E. A.; NYADANU, D.; AKROMAH, R.; AFUN, J. V. K.; ADU-AMOA, R.; OWUSU, G. A.; ADEJUMOBI, I. I. Inheritance and combining ability studies on grain yield and resistance to maize weevil (*Sitophilus zeamais*, Motschulsky) among extra early quality protein maize inbred lines. **Ecological Genetics and Genomics**, v.12, p.100043, 2019.
- ASHIDA, K.; IIDA, S.; YASUI, T. Morphological, physical, and chemical properties of grain and flour from chalky rice mutants. **Cereal Chemistry**, v.86, p.225–231, 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**, v.13, n.2, p.181-189, 2014.
- 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.
- CALINGACION, M.; LABORTE, A.; NELSON, A.; et al. Diversity of global rice markets and the science required for consumer-targeted rice breeding. **PLoS One**, v.9, n.1, p.1–12, 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 de safra: Grãos. Co. Nac. Abastecimento. Disponível em: https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos/boletim-da-safra-de-graos/item/download/28484_9a9ee12328baa359b3708d64e774e5d8 (acesso em 20Set 2019).
- COUNCE, P. A.; KEISLING, T. C.; MITCHELL, A. J. A uniform, objective, and adaptive system for expressing rice development. **Crop Science**, v.40, n.2, p.436-443, 2000.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. **Métodos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. UFV 4.ed. Viçosa. 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.

CUEVAS, R. P.; DE GUIA, A.; DEMONT, M. Developing a framework of gastronomic systems research to unravel drivers of food choice. **International Journal of Gastronomy and Food Science**, v.9, p.88–99, 2017.

EDWARDS, J. D.; JACKSON, A. K.; MCCLUNG, A. M. Genetic architecture of grain chalk in rice and interactions with a low phytic acid locus. **Field Crops Research**, v.205, p.116-123, 2017.

EL-ABD, A. B.; SEDEEK, S. E. M.; HAMMOUD, S. A. A.; ABD-ALLAH, A. A. Studies on genetic variability, heritability and genetic advance for grain yield and grain quality traits in some promising genotypes of rice (*Oryza sativa* L.). **J. Agric. Res.**, v.34, p.73-97, 2008.

ELERT, E. Rice by the numbers: A good grain. **Nature**, v.514, p.50–51, 2014.

FAHLIANI, R. A.; KHODAMBASHI, M.; HOUSHMAND, S.; ARZANI, A.; SORKHEH, K. Heritability for some agronomic characters of rice (*Oryza sativa* L.) and their linked microsatellites identification. **Turk J. Agric. For.**, v.35, p.481-490, 2011.

HASSAN, H. M.; EL-ABD, A. B.; EL-BAGHDADY, N. M. Combining ability for some root, physiological and grain quality traits in rice (*Oryza sativa* L.) under water deficit conditions. **J. Agric. Res.**, v.37, p.239-256, 2011.

KUMAR, S.; GAUTAM, A. S.; CHANDEL, S. Estimates of genetic parameters for quality traits in rice (*Oryza sativa* L.) in Mid Hills of Himachal Pradesh. **Crop Res. Hisar**, v.32, p.206-208, 2006.

MAGALHÃES JR, A. M.; FAGUNDES, P. R.; FRANCO, D.F. Melhoramento genético, biotecnologia e cultivares de arroz irrigado. In: Magalhães Júnior AM and GomesADS. **Arroz irrigado: melhoramento genético, manejo do solo e da água e prognóstico climático**. Pelotas, RS: Embrapa Clima Temperado, p.13-33. (Embrapa Clima Temperado: Documentos, 113). 2003.

MANICKAVELU, A.; NADARAJAN, N.; GANESH, S. K.; GNANAMALAR, R. P. (2006) Genetic analysis of biparental progenies in rice (*Oryza sativa* L.). **Asian J. Plant Sei.**, v.5, p.33-36, 2006.

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

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

NIRMALADEVI, G.; PADMAVATHI, G.; KOTA, S.; BABU, V. R. Genetic variability, heritability and correlation coefficients of grain quality characters in rice (*Oryza Sativa* L.). **SABRAO Journal of Breeding and Genetics**, v.47, n.4, p.424-433. 2015.

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

RANGEL, P. H. N.; PEREIRA, P. D. M.; GUIMARÃES, E. P.; YOKOKURA, T. Ganhos na produtividade de grãos pelo melhoramento genético do arroz irrigado no meio-norte do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 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**, v.44, n.3, p.270-275, 2009.

RODRÍGUEZ-PÉREZ, G.; ZAVALA-GARCÍA, F.; TREVIÑO-RAMÍREZ, J. E.; OJEDA-ZACARÍAS, C.; MENDOZA-ELOS, M.; CERVANTES-ORTIZ, F.; GÁMEZ-VÁZQUEZ, A. J.; ANDRIO-ENRÍQUEZ, E.; TORRES-FLORES, J. L. Estimation of genetic components in maize (*zea mays* L.) endogamic lines. **Agrociencia**, v.53, n.2, p.245-58, 2019.

SINGH, S. K.; DIWVEDI, A. K.; SAID, M.; SINGH, V. P.; SRIVASTAVA, S. (2017). Analysis of variance for yield and its contributing characters in rice (*Oryza sativa* L.) under sodic soil. **Bull. Environ. Pharmacol. Life Sci.**, v.6, p.226-235, 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.

SOSBAI - Sociedade Sul-Brasileira De Arroz Irrigado. **Arroz irrigado: Recomendações técnicas da pesquisa para o Sul do Brasil**. SOSBAI, Pelotas, 2016, 200p.

STRECK, E. A.; MAGALHÃES JR, A. M.; AGUIAR, G. A.; FACCHINELLO, P. H. K.; PERIN, L.; FAGUNDES, P. R. R.; OLIVEIRA, A. C. Genetic progress of grain quality of flooded-irrigated rice cultivars in the state of Rio Grande do Sul, Brazil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.53, n.4, p.453-463, 2018.

SULTAN, M. S.; ABDEL-MONEAM, M. A.; EL-ABD, A. B.; EL-NAEM, S. A. Inheritance of some Root and Grain Quality Traits in Rice under Water Deficiency Conditions. **Journal of Agronomy**, v.13, n.3, p.89-99, 2014.

TAKESHI, A. Análise em amostras de arroz através de imagem digital. S21 rice statistical analyzer. Disponível em: <https://www.linkedin.com/pulse/an%C3%A1lise-em-amostras-de-arroz-atrav%C3%A9s-imagem-digital-takeshi-suzuki/>. Acesso em 20 Set 2019. 2019.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. SBG, Ribeirão Preto, 1992. 486p.

WALTER, M.; MARCHEZAN, E.; DE AVILA, L. A. Arroz: composição e características nutricionais. **Ciência Rural**, v.38, n.4, p.1184–1192, 2008.

WON, J. G.; YOSHIDA, T.; UCHIMURA, Y. Genetic Effect on Amylose and Protein Contents in the Crossed Rice Seeds. **Plant Prod. Sci**, v.5, n.1, p.17-21, 2002.

ZHU, A.; ZHANG, Y.; ZHANG, Z.; WANG, B.; XUE, P.; CAO, Y.; CHEN, Y.; LI, Z.; LIU, Q.; CHENG, S.; CAO, L. Genetic Dissection of qPCG1 for a Quantitative Trait Locus for Percentage of Chalky Grain in Rice (*Oryza sativa* L.). **Front. Plant Sci.**, v.9, p.1173, 2018.

4. Capítulo 2 - Ganhos genéticos preditos ponderados por pressões de seleção para a qualidade dos grãos de arroz irrigado

GANHOS GENÉTICOS PREDITOS PONDERADOS POR PRESSÕES DE SELEÇÃO PARA A QUALIDADE DOS GRÃOS DE ARROZ IRRIGADO

4.1 Resumo

Programas de melhoramento genético de arroz possuem a produtividade como o principal objetivo, no entanto, os atributos da qualidade de grãos refletem o valor de mercado e a aceitação do produto pelo consumidor, tornando-se também um caráter indispensável e primordial. Este trabalho teve por objetivo analisar os componentes de variâncias, herdabilidades, estimar o ganho de seleção e avaliar as diferentes pressões de seleção para os atributos físicos de qualidade de grãos de famílias de gerações segregantes do arroz irrigado pela metodologia REML/BLUP. O experimento foi conduzido na Embrapa Clima Temperado, onde foram realizadas seleções nas gerações segregantes F₃, F₄ e F₅ nas safras 2015/16, 2016/17 e 2017/18, em oito populações segregantes (famílias) oriundas de diferentes cruzamentos. Avaliou-se os atributos físicos de qualidade intrínsecos, com o auxílio do analisador estatístico de grãos S21. Realizou-se a análise dos parâmetros genéticos, resposta a seleção, utilizando diferentes pressões de seleção. Os resultados demonstraram ganhos genéticos para os caracteres de qualidade de grãos do arroz irrigado estudados, a partir de seleções em gerações precoces, sendo que as famílias avaliadas demonstraram superioridade em relação às cultivares testemunhas. A resposta à seleção com uma pressão de 10% se torna muito promissora para os atributos de qualidade de grãos do arroz irrigado.

Palavras-chaves: melhoramento, herdabilidades, metodologia REML/BLUP, ganho por seleção.

4.2 Abstract

Breeding programs for rice have yield as the main objective, however, the attributes of grain quality reflect the market value and the acceptance of the product by the consumer, making it also an indispensable and essential character. This work aimed to analyze the components of variances, heritabilities, estimate the selection gain and evaluate the different selection pressures for the physical quality attributes of grains from families of segregating generations of irrigated rice by the REML/BLUP methodology. The experiment was conducted at where selections were made in the F₃, F₄ and F₅ segregating generations, in the 2015/16, 2016/17 and 2017/18 crop

seasons, in eight segregating populations (families) from different crosses. The intrinsic quality physical attributes were evaluated with the aid of the statistical grain analyzer S21. The analysis of genetic parameters was performed, response to selection, using different selection pressures. The results demonstrated genetic gains for the studied characters of grain quality of irrigated rice, from selections in early generations, and the studied families showed superiority in relation to the control cultivars. The response to selection with a pressure of 10% becomes very promising for the grain quality attributes of irrigated rice.

Keywords: breeding, heritabilities, REML/BLUP methodology, selection gain.

4.3 Introdução

A cultura do arroz irrigado (*Oryza sativa* L.) apresenta suma importância para a nutrição humana, sendo responsável por suprir cerca de 20% das calorias requerentes na alimentação da população humana mundial (SOSBAI, 2018). O Brasil caracteriza-se como um dos maiores produtores deste cereal, sendo que na safra 2019/2020 obteve produtividade superior a sete mil quilos por hectare, em média, e produção de 9,6 milhões de toneladas de grãos (CONAB, 2020). Magalhães Jr et al. (2020), afirmam que nos programas de melhoramento genético de arroz a produtividade evidencia-se como o principal objetivo, no entanto, os atributos da qualidade de grãos podem refletir diretamente no valor de mercado e aceitação do produto pelo consumidor, tornando o arroz dependente do incremento da produtividade e qualidade dos grãos obtidos.

Contudo, mundialmente, assume-se um conceito abstrato à qualidade do arroz, pois atualmente não existe uma definição uniforme e aplicável do ideótipo agrônomo referente a qualidade do arroz, bem como, há distorções quanto aos métodos de mensuração e seleção (CUSTODIO et al., 2019). Segundo Anacleto et al. (2015), a qualidade de grãos do arroz pode ser caracterizada em quatro aspectos principais, sendo eles: valor nutritivo, qualidade industrial, adequação do produto aos padrões de comercialização e qualidade culinária ou sensorial.

No Brasil, o consumidor tem preferência por grãos longos e finos, vítreos (sem áreas gessadas) com baixo percentual de grãos quebrados ou danificados (BRASIL, 2009). Para os produtores e cerealistas, busca-se um beneficiamento adequado, com bons rendimentos de grãos inteiros, baixo índice de quebra durante

o processamento dos grãos, mínimos danos ao valor do produto no mercado e alta aceitação das novas cultivares (MAGALHÃES et al., 2020).

Os caracteres quantitativos são traços de interesse agrônomo, determinados por vários genes, apresentando baixa expressão e influenciados significativamente pelo ambiente (FALCONER, 1981), refletindo-se nos caracteres de qualidade de grãos do arroz. Os programas de melhoramento genético do arroz irrigado visam obter os resultados almejados em um breve período e com acurácia, portanto, a escolha do método e o índice de seleção (pressão de seleção), são utilizados como estratégias de melhoramento.

Realiza-se a seleção de famílias quando os caracteres de interesse possuem baixa herdabilidade (JACKSON & MCRAE, 1998). No entanto, Rocha et al. (2013) afirmam que a seleção precoce de famílias de elevado potencial torna-se crucial em um programa de melhoramento genético, maximizando os recursos humanos e financeiros.

Importante observar a progênie e seus efeitos genéticos nas gerações segregantes e famílias. Peternelli & Resende (2015) ressaltam que utilizando-se metodologias fundamentadas em modelos lineares mistos, proposta por Henderson (1975), é possível incluir todas as fontes de variação, estimativas de valores genotípicos precisos, ausentes de efeitos do ambiente. Uma alternativa para a construção de índices, que pode ter como resultado a seleção mais precisa, é a aplicação do procedimento REML/BLUP, que permite obter estimativas dos componentes de variância, extraídos pela máxima verossimilhança restrita (Restricted Maximum Likelihood - REML), e prever os valores genéticos através do melhor preditor linear não viciado (Best Linear Unbiased Prediction - BLUP) (RESENDE, 2002). Estudos com modelos mistos, aplicados em diferentes gerações segregantes do arroz irrigado, especificamente para caracteres de qualidade de grãos, são escassos.

Diante disso, o objetivo deste trabalho foi analisar os componentes de variâncias, herdabilidades, estimar o ganho de seleção e avaliar as diferentes pressões de seleção para os atributos físicos de qualidade de grãos de famílias em gerações segregantes do arroz irrigado pela metodologia REML/BLUP.

4.4 Material e métodos

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

Foram realizadas seleções nas gerações segregantes F₃, F₄ e F₅ nas safras agrícolas 2015/16, 2016/17 e 2017/18 respectivamente, em oito populações segregantes (famílias) oriundas dos cruzamentos entre os genitores indicados na Tabela 12, do Programa de Melhoramento Genético do Arroz Irrigado – MelhorArroz, da Embrapa Clima Temperado.

Tabela 12. Lista das populações segregantes (famílias) e seus genitores

Família	Genitores (♀ / ♂)
1	BRS Pampa / 86014-TR891-7-2-1
2	86014-TR891-7-2-1 / BR-IRGA 409
3	AB09025 / BRS Pampa
4	AB08020 / BRS Pampa
5	AB09025 / IRGA 417
6	AB 10010 / BRS Pampa
7	BRA 050151 / BRS Pampa
8	BRA 050151 / Puitá INTA-CL

O delineamento experimental de testemunhas intercalares, foi composto por 8 famílias (tratamentos) e dez parcelas de cada família, oriundas de 10 plantas da geração anterior, com 3 testemunhas de efeitos fixos, sendo estas as cultivares BRS Pampa, BR-IRGA 409 e Puitá INTA-CL. As parcelas foram constituídas por quatro fileiras de 5,0 m de comprimento, espaçadas em 0,25 m entre fileiras. A unidade experimental foi composta de 10 plantas por parcela, totalizando 100 plantas por família.

A área foi preparada conforme recomendações técnicas, assim como os demais manejos (SOSBAI, 2016). A densidade de semeadura utilizada foi de 100 kg ha⁻¹, utilizando-se uma semeadora mecânica de parcelas. A adubação de base foi efetuada juntamente com a semeadura, com aplicação correspondente a 300 kg ha⁻¹ de NPK (5-20-20). 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 sistema de irrigação adotado foi por inundação permanente até estágio R9 (final de maturação dos genótipos). Os controles de pragas, plantas daninhas e doenças, foram realizados conforme as recomendações técnicas para a cultura do arroz irrigado (SOSBAI, 2016).

As panículas de todas as gerações foram colhidas manualmente e de forma individual (separadas por planta), acondicionadas em um secador de grãos para redução da umidade. Após a secagem, realizou-se a trilha manual, seguida dos processos de descascamento e polimento dos grãos de cada planta de todas as gerações, utilizando o mini engenho de provas de arroz Suzuki (Modelo MT2003). Utilizou-se as amostras dos grãos polidos para avaliação dos atributos físicos de qualidade intrínsecos, com o auxílio do analisador estatístico de grãos S21 (TAKESHI, 2019), baseado na análise de imagens digitais de cada amostra, determinando os seguintes parâmetros nos grãos: área gessada total (AGT %); barriga branca (BAR %); coloração (COR %); brancura vítrea (BRV); brancura total (BRT); relação de brancura vítrea sob a brancura total (BVT), indicando que quanto mais próximo de um mais vítreo é o grão; massa total de grãos inteiros (INT g) e massa total de grãos quebrados (QEB g) de uma amostra de 10g de grãos polidos.

Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância a 5% de probabilidade com a finalidade de testar a aditividade do modelo, normalidade dos resíduos e homogeneidade das variâncias. Posteriormente procedeu-se a análise de Deviance (LRT) a 5% de probabilidade pelo teste do qui-quadrado (X^2), com intuito de verificar a significância dos componentes de variância e parâmetros genéticos (REML), baseando-se no modelo $y = Xr + Zg + e$, onde y : é o vetor de dados, r : são os efeitos das repetições assumidos como fixos, g : são os efeitos genéticos assumidos como aleatórios, e : correspondem aos efeitos dos resíduos assumidos como aleatórios. Estimou-se a variância genética (σ^2g), variância ambiental (σ^2e), variância dos blocos ou residual (σ^2b), variância fenotípica individual (σ^2p), herdabilidade do sentido amplo (H^2), coeficiente de determinação do efeito de famílias (c^2b), coeficiente de determinação dos efeitos de parcela (C^2), acurácia (Ac), coeficiente de variação genotípico entre as progênies (CVg), coeficiente de variação residual (CVe), média: média geral do experimento. Posteriormente realizou-se a análise de resposta a seleção, utilizando diferentes pressões de seleção, variando de 1%, 5%, 10%, 20%, 30% e 50%. As análises foram realizadas

com auxílio do software estatístico SAS (KHATTREE & NAIK, 2018) e Selegen (RESENDE, 2016).

4.5 Resultados e discussão

As estimativas dos parâmetros genéticos e componentes de variância, bem como as médias genótípicas para os atributos de qualidade de grãos do arroz, são apresentadas na Tabela 13. Os caracteres área gessada total, brancura total, brancura vítrea, relação brancura vítrea por brancura total, percentual de grãos inteiros e percentual de grãos quebrados mostraram-se superiores para variância genotípica (σ^2g) em todas as gerações, possibilitando a identificação de genótipos superiores para estes atributos de qualidade, por meio dos programas de melhoramento genético de grãos do arroz. Para as variáveis barriga branca e defeitos de coloração, obteve-se valores com baixa magnitude, podendo ser atribuído ao maior grau de parentesco entre as progênies em cada tratamento.

Para os caracteres de área gessada total, brancura total, brancura vítrea, relação brancura vítrea por brancura total, percentual de grãos inteiros e percentual de grãos quebrados, as estimativas de herdabilidade no sentido amplo, segundo Hallauer et al. (1988), foram consideradas médias/intermediárias apresentando valores entre 30% e 70%, nas três gerações, exceto para percentual de grãos inteiros e quebrados na geração F₄, onde a herdabilidade foi considerada baixa. Barriga branca e defeitos de coloração apresentaram herdabilidade de baixa magnitude, desta forma, a seleção de ambos os caracteres pode ser dificultada, assim como a fixação dos mesmos no avanço de geração.

Tabela 13. Parâmetros genéticos e componentes de variância dos caracteres de qualidade de grãos de oito famílias do arroz irrigado, nas gerações F3, F4 e F5.

Geração F3								
	AGT	BAR	COR	BRT	BRV	BVT	INT	QEB
σ^2g	11,414	0,015	0,001	45,963	19,643	2,08E-04	0,158	0,111
σ^2b	0,877	0,002	0,000	0,064	0,135	8,00E-06	0,025	0,011
σ^2e	14,739	0,070	0,009	19,547	13,977	2,80E-04	0,284	0,202
σ^2p	27,030	0,087	0,011	65,573	33,755	4,96E-04	0,467	0,325
H^2	0,422	0,169	0,139	0,701	0,582	0,419	0,338	0,343
$c2b$	0,032	0,024	0,000	0,001	0,004	0,017	0,055	0,034
CVg	0,740	0,105	0,030	0,360	0,164	2,22E-04	0,017	0,226
CVe	0,955	0,502	0,188	0,153	0,117	2,99E-04	0,030	0,411
CVg/CVe	0,774	0,210	0,161	2,351	1,405	0,743	0,556	0,550
Acg	0,650	0,412	0,372	0,837	0,763	0,648	0,581	0,586
Média	15,434	0,140	0,048	127,826	119,683	0,937	9,329	0,492
Geração F4								
	AGT	BAR	COR	BRT	BRV	BVT	INT	QEB
σ^2g	3,077	0,000	0,000	2,253	1,040	3,60E-05	0,011	0,012
σ^2b	0,230	0,000	0,000	0,110	0,019	4,00E-06	0,000	0,000
σ^2e	5,319	0,005	0,001	4,395	2,108	7,50E-05	0,069	0,059
σ^2p	8,626	0,005	0,001	6,758	3,166	1,15E-04	0,080	0,071
H^2	0,357	0,087	0,045	0,333	0,328	0,311	0,141	0,171
$c2b$	0,027	0,014	0,008	0,016	0,006	0,033	0,000	0,000
CVg	0,165	0,002	0,000	0,017	0,009	3,89E-05	0,001	0,029
CVe	0,285	0,022	0,007	0,033	0,017	8,11E-05	0,007	0,142
CVg/CVe	0,578	0,096	0,047	0,513	0,493	0,480	0,164	0,207
Acg	0,597	0,295	0,212	0,577	0,573	0,557	0,376	0,414
Média	18,677	0,214	0,083	131,880	121,917	0,925	9,285	0,414
Geração F5								
	AGT	BAR	COR	BRT	BRV	BVT	INT	QEB
σ^2g	3,236	0,000	0,001	8,378	4,542	2,90E-05	0,040	0,042
σ^2b	0,177	0,000	0,000	0,333	0,157	3,00E-06	0,001	0,002
σ^2e	4,913	0,003	0,007	6,064	2,984	6,90E-05	0,058	0,051
σ^2p	8,326	0,003	0,008	14,775	7,683	1,01E-04	0,099	0,094
H^2	0,389	0,082	0,095	0,567	0,591	0,288	0,401	0,444
$c2b$	0,021	0,000	0,009	0,023	0,020	0,029	0,015	0,018
CVg	0,284	0,008	0,011	0,066	0,037	3,04E-05	0,004	0,094
CVe	0,432	0,090	0,105	0,047	0,025	7,24E-05	0,006	0,114
CVg/CVe	0,659	0,089	0,106	1,382	1,522	0,420	0,686	0,824
Acg	0,623	0,286	0,308	0,753	0,769	0,537	0,633	0,666
Média	11,382	0,031	0,070	127,699	121,784	0,953	9,453	0,446

Área gessada total (AGT %); barriga branca (BAR %); defeitos de coloração (COR %); brancura total dos grãos (BRT); brancura vítrea dos grãos (BRV); brancura vítrea sob a brancura total dos grãos (BVT); massa de grãos inteiros da amostra (INT g); massa de grãos quebrados da amostra (QEB g); variância genotípica (σ^2g); variância de blocos (σ^2b); variância ambiental (σ^2e); variância fenotípica (σ^2p); herdabilidade no sentido amplo (H^2); coeficiente de variação genética (CVg); coeficiente de variação ambiental (CVe); razão do coeficiente de determinação genética sobre o coeficiente de variação de ambiente (CVg/CVe); acurácia experimental (Acg).

Há influência ambiental para a maioria dos caracteres de qualidade de grãos em arroz irrigado (HAKATA et al., 2012; LI et al., 2014; XU; CHEN; XU, 2015), por tratar-se de caracteres quantitativos, regidos por muitos genes, onde valores de CVe altos são esperados, e consequentemente a razão CVg/CVe . Conforme Silva et al. (2020) a razão CVg/CVe é utilizada como indicador do grau de facilidade na seleção dos caracteres nos genótipos, podendo obter valores baixos. Considera-se, quando a razão CVg/CVe é maior ou igual a um ($\geq 1,0$), que a variação genética disponível é responsável pela variação estimada dos caracteres avaliados (LEITE et al., 2016). As variáveis brancura total e brancura vítrea demonstraram este comportamento nas gerações F_3 e F_5 . Os caracteres de área gessada total, relação brancura vítrea por brancura total, grãos inteiros e grãos quebrados apresentaram valores satisfatórios nas gerações F_3 e F_5 , possibilitando uma seleção adequada com ganhos genéticos para estes caracteres. De maneira geral, a geração F_4 apresentou o menor valor de coeficiente de variação genética para todos os caracteres e expressou uma elevada influência do ambiente, decorrente de um ano atípico climaticamente, principalmente no que se refere ao excesso de chuvas que atrasaram a semeadura.

Resende e Duarte (2007) afirmaram que os resultados de acurácia se referem à avaliação conjunta de CVg e CVe , demonstrando a qualidade da experimentação. Obteve-se valores de acurácia de medianos a elevados para a maioria dos caracteres verificados, com exceção para barriga branca e defeitos de coloração que apresentaram resultados entre 21,2% e 41,2% em todas as gerações. Os demais caracteres variaram entre 37,6% e 83,7%, para percentual de grãos inteiros em F_4 e brancura total em F_3 respectivamente, apresentando qualidade experimental e segurança na seleção.

A acurácia (Acg) representa a qualidade dos resultados e procedimentos estatísticos aplicados para pressupor os valores genéticos. Segundo Pimentel et al. (2014) o parâmetro acurácia está relacionado à precisão da seleção, diretamente ligado à correlação entre os valores genéticos previstos e os verdadeiros valores genéticos dos indivíduos. A classificação de acurácia utilizada como referência foi a Resende e Duarte (2007), qual seja: muito alta ($Acg \geq 0,90$), alta ($0,70 \leq Acg < 0,90$), moderada ($0,50 \leq Acg < 0,70$) e baixa ($Acg < 0,50$). Diante destes padrões, os dados revelaram que em F_3 e F_4 que a brancura total e a brancura vítrea foram classificadas como altas, sendo que a área gessada, relação brancura vítrea e brancura total, grãos inteiros e quebrados foram classificadas

como moderadas e barriga branca e defeitos de coloração como baixas. Ao considerar-se a geração F_5 , os resultados foram de acurácia moderada para área gessada total e todos os caracteres de brancura, e baixa para barriga branca, defeitos de coloração, grãos inteiros e quebrados.

Segundo Carvalho et al. (2020) a metodologia utilizada neste trabalho, baseia-se nos componentes de variância e parâmetros genéticos (REML), onde as estimativas obtidas são usadas para estimar o valor genético (BLUP), o qual será utilizado na classificação dos melhores genótipos, através de seu valor genético, sem qualquer incidência de efeito de ambiente.

No presente estudo, predefiniu-se o ideótipo agrônomo segundo os padrões do consumidor brasileiro, visando grãos do tipo longo-fino (“agulhinha”). Desta forma, buscou-se como ganho genético através da seleção de famílias, valores baixos (próximo de zero) para área gessada total, barriga branca, defeitos de coloração, brancura total e grãos quebrados, conseqüentemente, estimativas de ganhos genéticos superiores serão considerados os de magnitude negativas. Por outro lado, para brancura vítrea, relação brancura vítrea e brancura total e grãos inteiros os melhores valores são os elevados. As Tabelas 14, 15 e 16 mostram os componentes médios individuais do BLUP em oito famílias segregantes oriundas de cruzamentos do arroz irrigado, e as três testemunhas BRS Pampa, BR-IRGA 409 e Puitá INTA CL, respectivamente para as gerações F_3 , F_4 e F_5 . Os valores genotípicos de cada família foram obtidos adicionando cada efeito genotípico à média geral do experimento. O ganho genético foi equivalente ao valor dos vetores de efeitos genéticos previstos para os genótipos selecionados. A média geral, mais o ganho genético resulta na nova média prevista da população melhorada, desta forma, a seleção dos melhores genótipos se torna confiável e precisa, com menores distorções atribuídas a fatores não controláveis resultantes do ambiente (CARVALHO et al., 2020).

A área gessada total (AGT) mostrou que 75% das populações segregantes F_3 foram superiores (Tabela 14) às testemunhas comerciais, como as famílias 8, 5, 1, 2, 3 e 6. Pode-se obter maiores ganhos genéticos selecionando a população 8, resultando assim em incremento para este caractere na ordem de -2,18%, originando em plantas na geração subsequente com área gessada total de 15,43%. Na geração F_4 (Tabela 15) 62,5% das famílias foram superiores as testemunhas e os maiores ganhos genéticos previstos podem ser obtidos selecionando a família 3,

gerando uma nova média estimada com área gessada total de 18,68%. Em F₅ para o mesmo caráter (Tabela 16), 50% das famílias foram superiores as testemunhas e, novamente, na família 3, oriunda do cruzamento AB09025 e BRS Pampa, pode-se obter os maiores ganhos genéticos, com uma nova média estimada de área gessada de 11,38%.

Ao comparar os resultados apresentados por Streck et al. (2018) de ganhos genéticos para área gessada total dos genótipos do programa de melhoramento genético do arroz irrigado da Embrapa Clima Temperado, com os valores estimados neste estudo, pode-se observar que o ganho genético juntamente com a nova média estimada é igual ou superior aos valores médios das cultivares comerciais lançadas pelo programa.

Tabela 14. Estimativas e classificação das 8 famílias da geração F3 e das 3 testemunhas, valores genotípicos previstos (g), valores genotípicos ($\mu + g$) e nova média (NM) prevista (BLUP) para os caracteres de qualidade de grãos do arroz.

F3		AGT					BAR					COR					INT				
Ordem	Gen	g	u+g	Ganho	NM	Gen	g	u+g	Ganho	NM	Gen	g	u+g	Ganho	NM	Gen	g	u+g	Ganho	NM	
1	8	-2,81	12,62	0,00	15,43	5	-0,13	0,01	0,00	0,14	7	-0,04	0,01	0,00	0,05	5	0,34	9,67	0,34	9,67	
2	5	-2,76	12,68	0,28	15,72	1	-0,10	0,04	0,01	0,15	4	-0,02	0,03	0,00	0,05	1	0,27	9,60	0,30	9,63	
3	1	-1,87	13,56	0,62	16,05	8	-0,06	0,08	0,03	0,16	2	-0,02	0,03	0,01	0,06	3	0,23	9,56	0,28	9,61	
4	2	-1,47	13,96	0,93	16,36	2	-0,04	0,10	0,04	0,18	1	-0,02	0,03	0,01	0,06	8	0,20	9,53	0,26	9,59	
5	3	-0,86	14,58	1,27	16,71	7	-0,02	0,12	0,05	0,19	5	-0,01	0,04	0,01	0,06	6	0,16	9,49	0,24	9,57	
6	6	-0,05	15,39	1,63	17,06	3	-0,02	0,12	0,06	0,20	8	-0,01	0,04	0,02	0,07	T2	0,00	9,33	0,20	9,53	
7	T1	0,00	15,43	1,96	17,40	T3	0,00	0,14	0,07	0,21	T2	0,00	0,05	0,02	0,07	T1	0,00	9,33	0,17	9,50	
8	T3	0,00	15,43	2,46	17,89	T2	0,00	0,14	0,09	0,23	T1	0,00	0,05	0,03	0,08	T3	0,00	9,33	0,15	9,48	
9	T2	0,00	15,43	3,27	18,71	T1	0,00	0,14	0,12	0,26	T3	0,00	0,05	0,04	0,09	2	-0,02	9,31	0,13	9,46	
10	7	2,82	18,26	4,91	20,34	4	0,17	0,31	0,18	0,32	3	0,05	0,10	0,06	0,11	7	-0,37	8,96	0,08	9,41	
11	4	7,00	22,43	7,00	22,43	6	0,19	0,33	0,19	0,33	6	0,06	0,11	0,06	0,11	4	-0,80	8,52	0,00	9,33	
F3	BT					BV					BV/BT					QUEB					
Ordem	Gen	g	u+g	Ganho	NM	Gen	g	u+g	Ganho	NM	Gen	g	u+g	Ganho	NM	Gen	g	u+g	Ganho	NM	
1	3	-3,94	123,89	0,00	127,83	4	10,26	129,95	10,26	129,95	6	0,01	0,95	0,01	0,95	3	-0,30	0,19	0,00	0,49	
2	2	-3,77	124,06	0,39	128,22	6	0,90	120,58	5,58	125,26	8	0,01	0,95	0,01	0,95	5	-0,23	0,26	0,03	0,52	
3	8	-3,58	124,25	0,86	128,68	T2	0,00	119,68	3,72	123,40	5	0,01	0,95	0,01	0,95	1	-0,19	0,30	0,06	0,55	
4	1	-3,13	124,70	1,41	129,24	T1	0,00	119,68	2,79	122,47	1	0,01	0,94	0,01	0,95	8	-0,17	0,32	0,09	0,58	
5	5	-1,67	126,16	2,06	129,89	T3	0,00	119,68	2,23	121,92	2	0,01	0,94	0,01	0,94	6	-0,15	0,34	0,13	0,62	
6	6	-0,49	127,34	2,68	130,51	5	-0,23	119,46	1,82	121,51	T2	0,00	0,94	0,01	0,94	T3	0,00	0,49	0,18	0,67	
7	T2	0,00	127,83	3,32	131,14	7	-0,36	119,32	1,51	121,19	T3	0,00	0,94	0,01	0,94	T2	0,00	0,49	0,21	0,70	
8	T1	0,00	127,83	4,14	131,97	8	-1,99	117,70	1,07	120,76	T1	0,00	0,94	0,01	0,94	T1	0,00	0,49	0,26	0,75	
9	T3	0,00	127,83	5,53	133,35	1	-2,07	117,62	0,72	120,41	3	0,00	0,93	0,00	0,94	2	0,04	0,53	0,35	0,84	
10	7	0,30	128,13	8,29	136,11	2	-2,67	117,02	0,39	120,07	7	-0,01	0,93	0,00	0,94	7	0,42	0,91	0,51	1,00	
11	4	16,28	144,10	16,28	144,10	3	-3,85	115,83	0,00	119,68	4	-0,03	0,90	0,00	0,94	4	0,60	1,09	0,60	1,09	
Área gessada total (AGT %); barriga branca (BAR %); defeitos de coloração (COR %); brancura vítrea dos grãos (BV); brancura total dos grãos (BT);																					
brancura vítrea sob a brancura total dos grãos (BV/BT); massa de grãos inteiros da amostra (INT g) e massa de grãos quebrados da amostra (QUEB g)																					

Tabela 15. Estimativas e classificação das 8 famílias da geração F4 e das 3 testemunhas, valores genotípicos previstos (g), valores genotípicos ($\mu + g$) e nova média (NM) prevista (BLUP) para os caracteres de qualidade de grãos de arroz

F4	AGT				BAR				COR				INT			
	Ordem	Gen	g	u+g	Ganho	NM	Gen	g	u+g	Ganho	NM	Gen	g	u+g	Ganho	NM
1	3	-2,09	16,59	0,00	18,68	6	-0,02	0,20	0,00	0,00	0,21	8	-0,01	0,08	0,00	0,08
2	4	-1,34	17,33	0,21	18,89	4	-0,01	0,20	0,00	0,00	0,22	4	0,00	0,08	0,00	0,08
3	1	-1,34	17,33	0,38	19,06	5	-0,01	0,20	0,00	0,00	0,22	7	0,00	0,08	0,00	0,08
4	5	-0,73	17,95	0,60	19,27	2	-0,01	0,20	0,01	0,01	0,22	5	0,00	0,08	0,00	0,09
5	6	-0,43	18,25	0,79	19,46	1	-0,01	0,21	0,01	0,01	0,22	6	0,00	0,08	0,00	0,09
6	T2	0,00	18,68	0,99	19,67	T1	0,00	0,21	0,01	0,01	0,22	T2	0,00	0,08	0,00	0,09
7	T3	0,00	18,68	1,19	19,86	T3	0,00	0,21	0,01	0,01	0,23	T3	0,00	0,08	0,00	0,09
8	T1	0,00	18,68	1,48	20,16	T2	0,00	0,21	0,01	0,01	0,23	T1	0,00	0,08	0,00	0,09
9	2	1,29	19,97	1,98	20,65	3	0,00	0,22	0,02	0,02	0,23	3	0,00	0,09	0,01	0,09
10	8	2,15	20,83	2,32	21,00	8	0,01	0,22	0,03	0,03	0,24	1	0,01	0,09	0,01	0,09
11	7	2,49	21,17	2,49	21,17	7	0,05	0,26	0,05	0,05	0,26	2	0,01	0,09	0,01	0,09
F4	BT				BV				BV/BT				QUEB			
F4	BT				BV				BV/BT				QUEB			
	Ordem	Gen	g	u+g	Ganho	NM	Gen	g	u+g	Ganho	NM	Gen	g	u+g	Ganho	NM
1	3	-2,47	129,41	0,00	131,88	2	1,39	123,31	1,39	123,31	123,31	3	0,01	0,93	0,01	0,93
2	5	-0,81	131,07	0,25	132,13	7	0,94	122,86	1,17	123,09	123,09	1	0,01	0,93	0,01	0,93
3	1	-0,53	131,35	0,36	132,24	4	0,47	122,39	0,94	122,85	122,85	4	0,00	0,93	0,01	0,93
4	8	-0,26	131,62	0,48	132,36	1	0,25	122,17	0,77	122,68	122,68	5	0,00	0,93	0,00	0,93
5	4	-0,14	131,74	0,58	132,46	6	0,21	122,13	0,66	122,57	122,57	6	0,00	0,93	0,00	0,93
6	T1	0,00	131,88	0,70	132,58	T3	0,00	121,92	0,55	122,46	122,46	T3	0,00	0,93	0,00	0,93
7	T3	0,00	131,88	0,84	132,72	T1	0,00	121,92	0,47	122,39	122,39	T1	0,00	0,93	0,00	0,93
8	T2	0,00	131,88	1,05	132,93	T2	0,00	121,92	0,41	122,33	122,33	T2	0,00	0,93	0,00	0,93
9	6	0,14	132,02	1,40	133,28	5	-0,66	121,26	0,29	122,21	122,21	2	0,00	0,92	0,00	0,93
10	2	1,92	133,80	2,04	133,92	8	-1,09	120,83	0,15	122,07	122,07	8	-0,01	0,92	0,00	0,93
11	7	2,16	134,04	2,16	134,04	3	-1,53	120,39	0,00	121,92	121,92	7	-0,01	0,92	0,00	0,93
7	Área gessada total (AGT %); barriga branca (BAR %); defeitos de coloração (COR %); brancura vítrea dos grãos (BV); brancura total dos grãos (BT);															
8	brancura vítrea sob a brancura total dos grãos (BV/BT); massa de grãos inteiros da amostra (INT g) e massa de grãos quebrados da amostra (QUEB g).															

Tabela 16. Estimativas e classificação das 8 famílias da geração F5 e das 3 testemunhas, valores genotípicos previstos (g), valores genotípicos ($\mu + g$) e nova média (NM) prevista (BLUP) para os caracteres de qualidade de grãos de arroz

F5	AGT				BAR				COR				INT			
	Ordem	Gen	g	u+g	Ganho	NM	Gen	g	u+g	Ganho	NM	Gen	g	u+g	Ganho	NM
1	3	-2,44	8,94	0,00	0,00	11,38	5	-0,02	0,01	0,00	0,03	7	-0,03	0,04	0,00	0,07
2	6	-1,94	9,44	0,24	0,24	11,63	6	-0,02	0,01	0,00	0,03	4	-0,02	0,05	0,00	0,07
3	2	-1,03	10,35	0,49	0,49	11,87	3	-0,01	0,02	0,00	0,04	8	-0,02	0,05	0,01	0,08
4	5	-0,47	10,91	0,68	0,68	12,06	2	0,00	0,03	0,01	0,04	5	-0,02	0,06	0,01	0,08
5	T3	0,00	11,38	0,84	0,84	12,22	T1	0,00	0,03	0,01	0,04	1	0,00	0,07	0,01	0,08
6	T2	0,00	11,38	0,98	0,98	12,36	T2	0,00	0,03	0,01	0,04	T2	0,00	0,07	0,01	0,08
7	T1	0,00	11,38	1,18	1,18	12,56	T3	0,00	0,03	0,01	0,04	T3	0,00	0,07	0,02	0,09
8	1	0,60	11,98	1,47	1,47	12,85	4	0,00	0,04	0,01	0,04	T1	0,00	0,07	0,02	0,09
9	4	1,09	12,48	1,76	1,76	13,14	1	0,00	0,04	0,01	0,05	6	0,01	0,08	0,03	0,10
10	8	1,41	12,79	2,10	2,10	13,48	7	0,02	0,05	0,02	0,05	2	0,04	0,11	0,04	0,11
11	7	2,79	14,17	2,79	2,79	14,17	8	0,02	0,05	0,02	0,05	3	0,04	0,11	0,04	0,11
F5	BT				BV				BV/BT				QUEB			
	Ordem	Gen	g	u+g	Ganho	NM	Gen	g	u+g	Ganho	NM	Gen	g	u+g	Ganho	NM
1	6	-4,26	123,44	0,00	0,00	127,70	7	2,61	124,39	2,61	124,39	3	0,01	0,96	0,01	0,96
2	3	-3,43	124,27	0,43	0,43	128,12	8	1,73	123,51	2,17	123,95	6	0,01	0,96	0,01	0,96
3	2	-1,87	125,83	0,86	0,86	128,55	5	1,05	122,84	1,79	123,58	2	0,00	0,96	0,01	0,96
4	T2	0,00	127,70	1,20	1,20	128,89	1	0,97	122,75	1,59	123,37	5	0,00	0,96	0,00	0,96
5	T3	0,00	127,70	1,37	1,37	129,07	4	0,79	122,57	1,43	123,21	1	0,00	0,95	0,00	0,96
6	T1	0,00	127,70	1,59	1,59	129,29	T3	0,00	121,78	1,19	122,97	T1	0,00	0,95	0,00	0,96
7	5	0,80	128,50	1,91	1,91	129,61	T1	0,00	121,78	1,02	122,80	T2	0,00	0,95	0,00	0,96
8	1	1,06	128,76	2,19	2,19	129,89	T2	0,00	121,78	0,89	122,68	T3	0,00	0,95	0,00	0,96
9	4	1,36	129,06	2,57	2,57	130,27	2	-1,36	120,43	0,64	122,43	4	0,00	0,95	0,00	0,95
10	8	2,46	130,15	3,17	3,17	130,87	3	-2,36	119,42	0,34	122,13	8	0,00	0,95	0,00	0,95
11	7	3,89	131,59	3,89	3,89	131,59	6	-3,42	118,36	0,00	121,78	7	-0,01	0,94	0,00	0,95
11	Área gessada total (AGT %); barriga branca (BAR %); defeitos de coloração (COR %); brancura vítrea dos grãos (BV); brancura total dos grãos (BT);															
12	brancura vítrea sob a brancura total dos grãos (BV/BT); massa de grãos inteiros da amostra (INT g) e massa de grãos quebrados da amostra (QUEB g).															

Para os caracteres de barriga branca (BAR), também conhecidos como centro de gesso, e defeitos de coloração (COR), a respeito dos quais Magalhães Jr. et al. (2020) comentam que diversos defeitos são resultantes da contaminação do produto por matérias estranhas, grãos mofados e ardidos, presença de grãos manchados e picados (provocados principalmente pelos percevejos dos grãos), além de, amarelos e rajados (arroz vermelho). As estimativas demonstraram que 75% das famílias na geração F_3 foram superiores as testemunhas para ambos os caracteres, com destaque para as famílias 5 em relação a barriga branca e a família 7 que apresentou poucos defeitos de coloração. Na geração F_4 as famílias superiores foram 5 e 6 para BAR e 7 e 8 para COR, juntamente com a população 4 para ambos os caracteres. Estas mesmas famílias se destacaram na geração F_5 , com estimativas de novas médias próximas a zero para ocorrência desses defeitos considerados graves pela indústria arroseira.

As estimativas de BLUP para os caracteres relacionados a brancura dos grãos de arroz (brancura total - BT, brancura vítrea - BV e a relação BV/BT) na geração segregante F_3 na família 6, originária do cruzamento entre a linhagem elite AB10010 e a cultivar BRS Pampa, apresentaram-se superiores às testemunhas para todos os caracteres de brancura. Na geração F_4 , as famílias 1 e 4 foram superiores às testemunhas em todos os caracteres de brancura. Cabe enfatizar que, novamente, a família 6 revelou-se superior, com resultados favoráveis, desta vez para brancura vítrea e para relação entre brancura vítrea e brancura total. Na geração F_5 nenhuma família se destacou para os três caracteres de brancura de maneira conjunta, porém destacam-se as famílias 3 e 6 como sendo superiores para brancura total e relação entre BV/BT e a família 7 para brancura vítrea com um ganho de 2,61 da constante vítrea dos grãos.

Ao considerar cada caráter de brancura separadamente em todas as gerações estudadas, verificou-se maiores ganhos por seleção para brancura total com a família 3, para brancura vítrea, com a família 4 e para a relação entre BV/BT destacaram-se as famílias 1, 3 e 6.

Ressalta-se que há poucos trabalhos com esta metodologia de mensuração, citando estes caracteres que são realizados através de leituras de amostras com tecnologias digitais consideradas novas. Sua implementação em programas de pesquisas do arroz está ganhando espaço nos últimos anos, juntamente com o aumento do interesse nos padrões de qualidade de grãos da cadeia produtiva

arrozeira. Algumas destas pesquisas estão sendo realizadas no Brasil pelos programas da Epagri (MARSCHALEK et al., 2017; MARSCHALEK et al., 2020) e da Embrapa (STRECK et al., 2018), sendo diretamente vinculadas ao programa de melhoramento ou em pesquisas acadêmicas em parceria com programas de pós-graduação, como é o caso deste trabalho.

As estimativas de ganho genético dos atributos de percentual de grãos inteiros (INT) e percentual de grãos quebrados (QEB), demonstraram que mais de 62,5% das famílias foram superiores às testemunhas em todas as gerações segregantes. Estas variáveis são consideradas os principais caracteres de qualidade de grãos do arroz irrigado, os quais são extremamente buscados pelos programas de melhoramento, sendo de fundamental importância no momento da comercialização, compondo uma grande parte das exigências do segmento industrial da cadeia do arroz,

Destaca-se a família 5, originária do cruzamento da linhagem elite AB09025 com a cultivar IRGA 417 (que ainda é um cultivar padrão de referência para qualidade de grãos), sendo classificada no topo de classificação em praticamente todas as três gerações estudadas e para ambos os caracteres de rendimento de grãos.

Especificamente para grãos inteiros, ao avaliar como unidade percentual (%), obteve-se estimativas de ganhos genéticos muito satisfatórias, da ordem de 3% na geração F_3 , de 1% em F_4 e de 2% na geração F_5 . Estas estimativas para os caracteres de qualidade de grãos do arroz apontam um incremento significativo, conforme mencionado, proporcionando ganhos genéticos interessantes com a seleção realizada desde as gerações precoces, principalmente no que se refere aos incrementos de rendimentos de engenho (INT e QEB), fundamentais para a indústria e em especial para os produtores que sofrem com os descontos no preço, caso não atinjam um mínimo de 58% de grãos inteiros, a partir de uma amostra do arroz em casca, conforme a legislação brasileira (BRASIL, 2009).

O conhecimento de qual a pressão de seleção ou índice de seleção adequado, reflete em uma melhor resposta de ganho genético especificamente para cada caráter buscado. Desta forma a Tabela 17 demonstra a resposta à seleção em seis diferentes pressões de seleção, sendo a maior de 1% e a menor de 50%, nas gerações segregantes F_3 , F_4 e F_5 , para todos os oito caracteres de qualidade de grãos do arroz estudados.

Tabela 17. Resposta a seleção das 8 famílias nas gerações F3, F4 e F5, para os caracteres de qualidade de grãos de arroz em diferentes níveis de seleção (%)

Resposta a Seleção F3									
	H ²	VF	DF	Pressão de Seleção (%)					
				1	5	10	20	30	50
AGT	0,422	27,030	5,199	5,851	4,529	3,853	3,074	2,547	1,756
BAR	0,169	0,087	0,295	0,133	0,103	0,088	0,070	0,058	0,040
COR	0,139	0,011	0,103	0,038	0,029	0,025	0,020	0,017	0,011
BT	0,701	65,573	8,098	15,127	11,710	9,961	7,946	6,584	4,541
BV	0,582	33,755	5,810	9,010	6,975	5,934	4,733	3,922	2,705
BVBT	0,419	0,000	0,022	0,025	0,019	0,016	0,013	0,011	0,007
INT	0,338	0,467	0,684	0,615	0,476	0,405	0,323	0,268	0,185
QUEB	0,343	0,325	0,570	0,521	0,403	0,343	0,274	0,227	0,156
Resposta a Seleção F4									
	H ²	VF	DF	Pressão de Seleção (%)					
				1	5	10	20	30	50
AGT	0,357	8,626	2,937	2,792	2,161	1,839	1,467	1,215	0,838
BAR	0,087	0,005	0,073	0,017	0,013	0,011	0,009	0,007	0,005
BT	0,333	6,758	2,600	2,310	1,788	1,521	1,213	1,005	0,693
BV	0,328	3,166	1,779	1,557	1,205	1,025	0,818	0,678	0,467
BVBT	0,311	0,000	0,011	0,009	0,007	0,006	0,005	0,004	0,003
INT	0,141	0,080	0,284	0,107	0,083	0,070	0,056	0,046	0,032
QUE	0,171	0,071	0,267	0,122	0,094	0,080	0,064	0,053	0,037
COR	0,045	0,001	0,025	0,003	0,002	0,002	0,002	0,001	0,001
Resposta a Seleção F5									
	H ²	VF	DF	Pressão de Seleção (%)					
				1	5	10	20	30	50
AGT	0,389	8,326	2,886	2,989	2,314	1,968	1,570	1,301	0,897
BAR	0,082	0,003	0,056	0,012	0,009	0,008	0,006	0,005	0,004
BT	0,567	14,775	3,844	5,809	4,497	3,825	3,052	2,528	1,744
BV	0,591	7,683	2,772	4,367	3,381	2,876	2,294	1,901	1,311
BV/BT	0,288	0,000	0,010	0,008	0,006	0,005	0,004	0,003	0,002
INT	0,401	0,099	0,315	0,336	0,260	0,221	0,177	0,146	0,101
QUE	0,444	0,094	0,307	0,363	0,281	0,239	0,191	0,158	0,109
COR	0,095	0,008	0,091	0,023	0,018	0,015	0,012	0,010	0,007

Área gessada total (AGT %); barriga branca (BAR %); brancura total dos grãos (BT); brancura vítrea dos grãos (BV); brancura vítrea sob a brancura total dos grãos (BV/BT); massa de grãos inteiros da amostra (INT g) e massa de grãos quebrados da amostra (QUEB g); defeitos de coloração (COR %); herdabilidade no sentido amplo (H²); variância fenotípica (VF); desvio padrão fenotípico (DF).

Observou-se que com o aumento da pressão de seleção, o ganho genético de seleção estimado tornou-se maior, seguindo como regra para todos os caracteres

de qualidade de grãos do arroz em todas as gerações estudadas. Silva et al. (2017) afirmam que numa seleção dos caracteres favoráveis, quanto maior a pressão de seleção, maior será o diferencial de seleção e, conseqüentemente, o progresso genético. No entanto, a pressão ideal de seleção depende diretamente da herdabilidade de cada caráter em consideração (SILVA & PEREIRA, 2011), levando em consideração a herdabilidade no sentido amplo dos caracteres, a qual apresentou valores em sua maioria médios/intermediários, a utilização de pressões elevadas na seleção reduz a variabilidade genética na geração posterior, além de elevar os níveis de endogamia, podendo acarretar na não fixação do caráter pela autofecundação, conseqüentemente, mais lenta a resposta à seleção ao longo das gerações, minimizando os ganhos fenotípicos a serem alcançados. Isto corrobora com os estudos de Jangarelli & Euclydes (2008) sob seleção assistida por marcadores moleculares.

Os resultados indicam que a seleção de famílias utilizando pressão intermediária, como a de 10%, proporciona um alto ganho genético sem perda relevante de variabilidade genética, sendo uma ferramenta muito promissora para estudos dos atributos de qualidade de grãos do arroz irrigado.

4.6 Conclusão

1. As famílias utilizadas demonstraram resultados satisfatórios, sendo superiores as cultivares testemunhas.

2. As estimativas demonstraram ganhos genéticos para os caracteres de qualidade de grãos do arroz irrigado, principalmente para área gessada total, brancura vítrea, brancura total, relação entre brancura vítrea e brancura total, além de percentual de grãos inteiros e grãos quebrados, a partir de seleções em gerações precoces.

3. A resposta a seleção com uma pressão de 10% revelou-se adequada para os atributos de qualidade de grãos do arroz irrigado.

4.7 Referências

- ANACLETO, R.; CUEVAS, R. P.; JIMENEZ, R.; LLORENTE, C.; NISSILA, E.; HENRY, R.; SREENIVASULU, N. Prospects of breeding high quality rice using post genomic tools. **Theor Appl Genet. Review**, v.128, p.1449–1466, 2015.
- BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Instrução Normativa nº 6, de 16 e fevereiro de 2009. Aprova o regulamento técnico do arroz, definindo o seu padrão oficial de classificação, com os requisitos de identidade e qualidade, a amostragem, o modo de apresentação e a marcação ou rotulagem. **Diário Oficial da República Federativa do Brasil**, Brasília-DF, 17 fev., Seção 1, p. 3. 2009.
- CARVALHO, I. R.; SILVA, J. A. G.; FERREIRA, L. L.; SZARESKEI, G. H. D.; LAUTENCHLEGER, F.; MENEGHELLO, G. E.; MATTER, E. M.; MAGANO, D. A.; SOUZA, V. Q. REML/BLUP applied to characterize important agronomic traits in segregating generations of bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **AJCS**, v.14, n.3, p.391-399, 2020.
- CONAB - Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento de safra: Grãos**. Co. Nac. Abastecimento. V. 7 - Safra 2019/20 - N. 6 - Sexto levantamento, março 2020. Disponível em: <<http://www.conab.gov.br>> (acesso em 20 Mar 2020). 2020.
- CUSTODIO, M. C.; CUEVAS, R. P.; YNION, J.; LABORTE, A. G.; VELASCO, M. L.; DEMONT, M. Rice quality: How is it defined by consumers, industry, food scientists, and geneticists? **Trends in Food Science & Technology**, v.92, p.122–137, 2019.
- FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 1981. 279p.
- HAKATA, M.; KURODA, M.; MIYASHITA, T.; YAMAGUCHI, T.; KOJIMA, M.; SAKAKIBARA, H.; MITSUI, T.; YAMAKAWA, H. Suppression of α -amylase genes improves quality of rice grain ripened under high temperature. **Plant Biotechnology Journal**, p.1–8, 2012.
- HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative Genetic in Maize Breeding**, 2.ed. Iowa State: University Press Ames,. 1988. 650p.
- HENDERSON, C. R. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. **Biometrics**, v.31, n.2, p.423-47, 1975.
- JACKSON, P. A.; MCRAE, T. A. Gains from selection of broadly adapted and specifically adapted sugarcane families. **Field Crops Research, Amsterdam**, v. 59, p. 151-162, 1998.

JANGARELLI, M.; EUCLYDES, R. F. Endogamia e limite de seleção em populações sob seleção assistida por marcadores moleculares. **Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.**, v.60, n.6, p.1493-1501, 2008.

KHATTREE, R.; NAIK, D. N. **Applied Multivariate Statistics with SAS Software**. 2 ed. Cary, NC. United States. 2018. 368p.

LEITE, W. S.; PAVAN, B. E.; MATOS FILHO, C. H. A.; ALCANTARA NETO, F.; OLIVEIRA, C. B.; FEITOSA, F. S. Genetic parameters estimation, correlations and selection indexes for six agronomic traits in soybean lines F8. **Comunicata Scientiae**, v.7, n.3, p.302-310, 2016.

LI, Y.; FAN, C.; XING, Y.; YUN, P.; LUO, L.; YAN, B.; PENG, B.; XIE, W.; WANG, G.; LI, X.; XIAO, J.; XU, C.; HE, Y. Chalk5 encodes a vacuolar H⁺-translocating pyrophosphatase influencing grain chalkiness in rice. **Nature Genetics**, v.46, n.4, 2014.

MAGALHÃES JR., A. M.; STRECK, E. A.; AGUIAR, G. A.; FACCHINELLO, P. H. K. Industrial Quality. In: Oliveira, A. C.; Pegoraro, C.; Viana, V. E. **The Future of Rice Demand: Quality Beyond Productivity**. 1 ed. Springer Nature Switzerland AG, Cap. 3, p. 47-67, 2020.

MARSCHALEK, R.; SILVA, M. C.; DOS SANTOS, S. B.; MANKE, J. R.; BIEGING, C.; PORTO, G.; WICKERT, E.; DE ANDRADE, A. "Image - Rice Grain Scanner: A Three-Dimensional Fully Automated Assessment of Grain Size and Quality Traits." **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.17, n.1, p.89-97, 2017.

MARSCHALEK, R.; WICKERT, E.; SCHEUERMANN, K. K.; TERRES, L. R.; NOLDIN, J. A.; HICKEL, E. R.; DO VALE, M. L. C.; DE ANDRADE, A. "SCS124 Sardo: Brazilian Rice Cultivar Witexcellent Milling Quality." **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.20, n.1, 2020.

PETERNELLI, L. A.; RESENDE, M. D. V. Experimental Designs for Next Generation Phenotyping. In R. Fritsche-Neto, & A. Borém (Ed.), **Phenomics: How Next-Generation Phenotyping is Revolutionizing Plant Breeding** (p. 15-32). New York, NY: Springer. 2015.

PIMENTEL, A. J. B.; GUIMARÃES, J. F. R.; SOUZA, M. A.; RESENDE, M. D. V.; et al. Estimation of genetic parameters and prediction of additive genetic value for wheat by mixed models. **Braz. J. Agric. Res.**, v.49, p.882-890, 2014.

RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975 p.

RESENDE, M.D.V. de. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.16, p.330-339, 2016.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**. v.37, n.3, p.182-194, 2007.

ROCHA, G. S. D.; CARNEIRO, J. E. D. S.; REZENDE, L. D. S.; MENEZES, J. A. N. D.; CARNEIRO, P. C. S.; CECON, P. R. Effect of environments on the estimated genetic potential of segregating common bean populations. **Crop Breeding Applied Biotechnology**, v.13, n.4, p.241-248, 2013.

SILVA, B. E. D.; RIBEIRO, J. C.; SANTOS, W. B. R.; CESÁRIO, A. S.; OLIVEIRA, E. M. B.; VALENTE, T. N. P.; CAMARGOS, A. S.; SOUZA, C. M. Comparações de métodos de seleção em populações simuladas de frangos caipiras. **Colloquium Agrariae**, v.13, n.2, p. 129-134, 2017.

SILVA, G. O.; PEREIRA, A. Seleção em gerações iniciais para caracteres agrônômicos em batata. **Horticultura Brasileira**, v.29, p.449-455, 2011.

SILVA, I. G.; CASTOLDI, R.; CHARLO, H. C. O.; MIRANDA, M. S.; NUNES, T. D. C.; COSTA, L. L.; LEMES, E. M. Prediction of Genetic Gain in Sweet Corn using Selection Indexes. **J. CropSci. Biotech.**, v.23, n.2, p.191-196, 2020.

SOSBAI - Sociedade Sul-Brasileira De Arroz Irrigado. Arroz irrigado: **Recomendações técnicas da pesquisa para o Sul do Brasil**. SOSBAI, Pelotas, 2016, 200p.

SOSBAI - Sociedade Sul-Brasileira De Arroz Irrigado. Arroz irrigado: **Recomendações técnicas da pesquisa para o Sul do Brasil**. SOSBAI, Cachoeirinha, 2018, 205p.

STRECK, E. A.; AGUIAR, G. A.; FACCHINELLO, P. H. K.; et al. Desempenho agrônômico de cultivares de arroz sob sistema de irrigação por aspersão e inundação. **Rev. Bras. Cienc. Agrar.**, Recife, v.14, n.3, p. e5661, 2019.

STRECK, E. A.; JÚNIOR, A. M. M.; AGUIAR, G. A.; FACCHINELLO, P. H. K.; PERIN, L.; FAGUNDES, P. R. R.; DE OLIVEIRA, A. C. Genetic progress of grain quality of flooded-irrigated rice cultivars in the state of riogrande do sul, brazil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.53, n.4, p.453-463, 2018.

TAKESHI, A. **Análise em amostras de arroz através de imagem digital. S21 rice statistical analyzer**. <https://www.linkedin.com/pulse/an%C3%A1lise-em-amostras->

de-arroz-atrav% C3%A9s-imagem-digital-takeshi-suzuki/. Acesso em 20 Set 2019. 2019.

XU, Q.; CHEN, W.; XU, Z. Relationship between grain yield and quality in rice germplasms grown across different growing areas. **Breeding Science**, v.232, p.226–232, 2015.

**5. Capítulo 3 - Tendências genéticas e inter-relações multivariadas para a
qualidade de grãos de genótipos de arroz irrigado**

TENDÊNCIAS GENÉTICAS E INTER-RELAÇÕES MULTIVARIADAS PARA A QUALIDADE DE GRÃOS DE GENÓTIPOS DE ARROZ IRRIGADO

5.1 Resumo

Pesquisas com abordagens multivariadas em arroz são importantes para os programas de melhoramento genético, para definir as tendências genéticas, agrupamentos e correlações dos caracteres agronômicos que em conjunto auxiliam os procedimentos de seleção. O objetivo deste trabalho foi revelar o desempenho agronômico, as tendências e inter-relações genéticas da qualidade dos grãos baseados em modelos multivariados aplicados em linhas elite de arroz irrigado. A experimentação foi conduzida na safra 2017/2018, realizada na Estação Experimental Terras Baixas (ETB), da Embrapa Clima Temperado. O delineamento experimental para este estudo foi de blocos completamente casualizados, com três repetições. Foram quinze linhagens F6 e quatro cultivares testemunhas. Avaliou-se os atributos físicos de qualidade intrínsecos, com o auxílio do analisador estatístico de grãos S21, bem como, rendimento de grãos e rendimento de engenho (grãos inteiros e quebrados). Foram realizadas análise de variância, parâmetros genéticos, teste de agrupamento de Scott Knott, correlação linear, correlações canônicas, análises de agrupamento via distância generalizada de Mahalanobis, empregando-se o método de Toucher, além da análise de componentes principais BIPLLOT. Os resultados demonstraram que as linhagens PH18502 e PH18701 apresentaram melhor desempenho agronômico para os caracteres estudados, pela análise univariada. As correlações lineares e correlações canônicas apresentadas, demonstram-se potenciais na direção de seleção de múltiplos caracteres e apontam a possibilidade de seleção indireta entre os caracteres agronômicos relevantes para a cadeia produtiva de arroz irrigado. As análises multivariadas constituem uma ferramenta de elevada importância para auxiliar na caracterização de acessos de arroz irrigado.

Palavras chaves: *Oryza sativa* L.; linhagens elites; seleção;

5.2 Abstract

Research with multivariate approaches in rice are essential for breeding programs, to define the genetic trends, clusters and correlations of agronomic traits which together help the selection procedures. The objective this study was revealed the agronomic

performance, as trends and genetic interrelationships of the quality of those based on basic multivariate models in irrigated rice lines. The experiment was carried out in the 2017/2018 agriculture season, implement in Experimental Station Terras Baixas (ETB), of Embrapa Clima Temperado. The experimental design for this study was completely randomized blocks, with three replications. There were fifteen F6 lines and four control cultivars. The intrinsic quality physical attributes were evaluated using the S21 grain statistical analyzer, as well as grain yield and milling yield (whole and broken grains). Analysis of variance, genetic parameters, Scott Knott cluster test, linear correlation, canonical correlations, cluster analysis via generalized Mahalanobis distance and using the Toucher method, in addition to principal component analysis BIPLLOT were performed. The results showed that the lines PH18502 and PH18701 presented better agronomic performance for the studied characters, by univariate analysis. The linear correlations and canonical correlations presented demonstrate to potential in multiple character selection and point toward the possibility of indirect selection between relevant agronomic traits for the supply chain of rice. Multivariate analyzes are an extremely important tool to help characterize irrigated rice accessions.

5.3 Introdução

A qualidade do grão de arroz é fundamental para sua comercialização, uma vez que os inteiros e sem defeitos possuem valor superior de mercado, sendo considerado pelos produtores como um fator crítico na produção, colheita e pós-colheita (CALINGACION et al., 2014). O consumidor tem aumentado sua exigência em relação a qualidade. Estudos conectando o preço e a qualidade de produto definem que o consumidor de classe média a alta revela maior interesse de compra para o arroz de melhor qualidade (CUEVAS et al., 2016). É desafiador a produção do arroz com alto rendimento e qualidade em seus grãos, sendo este o resultado priorizado nos programas e estratégias de melhoramento nas mais variadas regiões agrícolas do mundo (LIN et al., 2017). Quando obtido o ideótipo agrônomo nas linhagens elite do programa de melhoramento estas são direcionadas a proteção e registro da nova cultivar.

Estudos indicam a possibilidade de seleções precoces em gerações segregantes evidenciando as características de qualidade, muito embora sejam estes caracteres controlados por muitos genes e tenham baixa herdabilidade. Assim,

a seleção precoce pode ser uma estratégia eficaz do melhoramento genético clássico, sendo que ferramentas biotecnológicas podem auxiliar a seleção de linhagens transgressivas (ASANTE, 2017; TERRES et al. al., 2019). Para auxiliar o melhorista a realizar uma efetiva seleção ao longo das gerações segregantes se faz necessário compreender a tendência uni e multivariada dos caracteres de interesse, além de, utilizar metodologias sofisticadas capazes de reunir os efeitos genéticos, de ambiente, bem como, estimar e predizer a classificação dos melhores genótipos (CARVALHO et al., 2018; SZARESKI et al., 2019).

Dentre as opções viáveis para esta finalidade, estão as abordagens biométricas univariadas que direcionam isoladamente as tendências das variáveis analisadas (VICINI, 2005). As inferências multivariadas otimizadas compilam o máximo de informações (MASSART et al. 1998). Desta forma, as inferências multivariadas permitem múltiplas combinações de informações dentro e entre as unidades experimentais (MOREIRA et al., 2009), interpretam e avaliam simultaneamente os caracteres, viabilizando tendências e classificações múltiplas (CRUZ & CARNEIRO, 2006). Dentre as abordagens tem-se os componentes principais, métodos de agrupamento e algoritmos estimadores de distâncias genética.

A análise dos componentes principais (PCA) permite compilar matrizes fenotípicas que serão padronizadas e rotacionadas para que se obtenha autovalores e autovetores que manifestarão as tendências em um plano cartesiano dimensional (MORRISON, 1978; FERREIRA, 2011). As correlações canônicas revelam as inter-relações das variáveis de interesse em dois grupos, essa determinação das associações entre os grupos pode ser um indicativo para a seleção indireta juntamente com as informações fornecidas pelos parâmetros genéticos (CRUZ et al., 2012; CARVALHO et al., 2016). A estimativa das distâncias genéticas entre os genótipos apresenta-se como um indicativo da variabilidade genética (HOSAN et al., 2010), sendo promissora para comprovar se houve incremento da variabilidade oriunda da recombinação gênica de genitores contrastantes (STRECK et al., 2018). Desta forma, todos estes métodos fornecem informações importantes e precisas que podem ser decisivas para ação dos melhoristas na seleção de ideótipos em programas de melhoramento genético (CARVALHO et al., 2015).

Pesquisas com abordagens multivariadas em arroz foram apresentadas por Souza et al. (2009), Benitez et al. (2011) e Panda et al. (2020), e definiram as

tendências genéticas, agrupamentos e correlações, que, em conjunto, auxiliaram procedimentos de seleção nos estudos conduzidos por estes autores.

Há uma carência de informações precisas para a seleção multivariada conjugada aos parâmetros genéticos voltados a qualidade do arroz irrigado. Neste contexto, este trabalho teve o objetivo de revelar o desempenho agrônomo, as tendências e inter-relações genéticas da qualidade dos grãos baseadas em modelos multivariados aplicados em genótipos de arroz irrigado.

5.4 Material e Métodos

A experimentação foi conduzida na safra 2017/2018, realizada na Estação Experimental Terras Baixas (ETB), da Embrapa Clima Temperado, no município do Capão do Leão, no estado do Rio Grande do Sul, delimitadas pelas coordenadas geográficas, 31°48'49" de latitude Sul e 52°28'20" de longitude Oeste, localizada em uma área tradicional de produção de arroz na zona sul do Brasil.

O delineamento experimental para este estudo foi de blocos completamente casualizados, com três repetições. As unidades experimentais foram formadas por parcelas de 5 m de comprimento, com fileiras espaçadas em 0,17 m. A área útil da parcela consistia dos quatro metros centrais das duas fileiras internas, com a finalidade de excluir qualquer efeito de bordadura. A densidade de semeadura utilizada foi de 100 kg ha⁻¹, utilizando-se uma semeadora mecânica de parcelas. O preparo do solo para a semeadura, foi realizado conforme o sistema convencional, seguindo o manual das recomendações técnicas, assim como os demais manejos da cultura (SOSBAI, 2016). A adubação de base foi efetuada juntamente com a semeadura, com aplicação correspondente a 300 kg ha⁻¹ de NPK (fórmula 5-20-20). A adubação nitrogenada de cobertura, foi de 90 kg ha⁻¹ na forma de ureia, sendo aplicado 50% da dose no estádio V4 e o restante no estádio R0 (iniciação da panícula). O sistema de irrigação adotado foi por inundação permanente até estádio R9 (final de maturação dos genótipos). Os controles de pragas, daninhas e doenças, também foram realizados conforme as recomendações técnicas para a cultura do arroz irrigado (SOSBAI, 2016).

Foram avaliados 19 genótipos (Tabela 18). Destes, 15 foram linhagens de geração F6 especificamente selecionadas desde a geração F3 para atributos de qualidade física de grãos do Programa de Melhoramento Genético de Arroz Irrigado – MelhorArroz, da Embrapa, e quatro cultivares utilizadas como testemunhas (BRS

Pampa, BRS Pampeira, BR-IRGA 409 e IRGA 417), todas conhecidas pela alta qualidade de grãos, através dos padrões de consumo brasileiro (SOSBAI, 2016).

Tabela 18. Lista dos genótipos utilizados e seus genitores

Tratamentos	Genótipos	Genealogia
1	PH18101	BRS Pampa / 86014-TR891-7-2-1
2	BR-IRGA 409	Cultivar testemunha
3	PH18102	BRS Pampa / 86014-TR891-7-2-1
4	PH18103	BRS Pampa / 86014-TR891-7-2-1
5	PH18201	86014-TR891-7-2-1 / BR-IRGA 409
6	PH18202	86014-TR891-7-2-1 / BR-IRGA 409
7	BRS PAMPA	Cultivar testemunha
8	PH18301	AB09025 / BRS Pampa
9	PH18302	AB09025 / BRS Pampa
10	PH18401	AB08020 / BRS Pampa
11	PH18402	AB08020 / BRS Pampa
12	PH18501	AB09025 / IRGA 417
13	IRGA 417	Cultivar testemunha
14	PH18502	AB09025 / IRGA 417
15	PH18601	AB 10010 / BRS Pampa
16	PH18602	AB 10010 / BRS Pampa
17	PH18701	BRA 050151 / BRS Pampa
18	BRS PAMPEIRA	Cultivar testemunha
19	PH18801	BRA 050151 / Puitá INTA-CL

Todas as parcelas foram colhidas manualmente e de forma individual (separadas por parcela), sendo em seguida acondicionadas em um secador de grãos para redução e uniformização da umidade a 13%. Após a secagem, foi realizada a trilha mecânica, seguida dos processos de descascamento e polimento dos grãos de cada parcela, utilizando o mini engenho de provas de arroz Suzuki (Modelo MT2003). A partir destas amostras dos grãos polidos, os atributos físicos de qualidade intrínsecos dos grãos foram avaliados com o auxílio do analisador estatístico de grãos S21 (TAKESHI, 2019), baseado na análise de imagens digitais de cada amostra. Desta forma, foram determinados os seguintes caracteres: AG – área gessada total (%); BB - percentual de grãos com barriga branca (%); DC – Defeitos totais de coloração (%); CC – comprimento da cariopse (mm); LG - largura da cariopse (mm); CL – relação comprimento x largura da cariopse (mm); INT – rendimento de grãos inteiros (%) e QB – rendimento de grãos quebrados (%); RG – produtividade de grãos (g); NG – número de grãos por amostra de 60g de grãos polidos; GES – percentual de grãos totalmente gessados (%); AMA – percentual de

grãos amarelos (%); ARM - percentual de grãos ardidos e mofados (%); MAN - percentual de grãos manchados (%); RAJ – percentual de grãos rajados (%); BRT – constante de brancura total e BV – constante de brancura vítrea dos grãos. A escala de brancura do S21 varia de 0 a 200, em que 200 é o valor de brancura máxima. Para a brancura vítrea, a massa considerada como gessada é descartada.

Os dados foram submetidos a análise de variância, parâmetros genéticos e subsequente teste de agrupamento de Scott Knott a 5% de probabilidade ($p < 0,05$), correlação linear, correlações canônicas, análises de agrupamento foram conduzidas adotando-se a distância generalizada de Mahalanobis como medida de dissimilaridade e empregando-se o método de agrupamento de otimização de Toucher, também realizou-se análise de componentes principais BIPLLOT, utilizando os softwares estatísticos SAS (KHATTREE & NAIK, 2018) e software estatístico Rbio (BHERING, 2017).

Para classificar as estimativas das herdabilidades no sentido amplo utilizou-se o método proposto para melhoramento genético por Hallauer et al. (1988) (Tabela 19).

Tabela 19. Classificação da herdabilidade segundo Hallauer et al. (1988)

Classificação	Herdabilidade (%)
Alta	< 70,0
Média ou intermediária	$\geq 30,0$ a < 70,0
Baixa	< 30,0

5.5 Resultados e Discussão

A análise de variância (Tabela 20) revelou a significância com 5% de probabilidade pelo teste F e comprovou diferenças entre os genótipos F6 e as testemunhas para os caracteres de área gessada total (AG), percentual de grãos com barriga branca (BB), constante de brancura total (BRT), constante de brancura vítrea dos grãos (BV), percentual de grãos inteiros (INT), percentual de grãos quebrados (QB), produtividade de grãos (RG), comprimento da cariopse (COP), largura da cariopse (LG), relação comprimento x largura da cariopse (CL), percentual de grãos totalmente gessados (GES) e percentual de grãos manchados (MAN) nos genótipos de geração F6 e testemunhas de arroz irrigado.

A variância fenotípica (σ^2_F), a qual é composta por dois componentes, sendo o primeiro originado dos efeitos ambientais totais (variância ambiental – σ^2_E) e o segundo decorrente dos efeitos genéticos (variância genética - σ^2_G), permitem evidenciar a variabilidade genética (RAMALHO et al., 2012).

Os resultados destes parâmetros mostraram que os caracteres de área gessada total (AG), percentual de grãos com barriga branca (BB), constante de brancura total (BRT), constante de brancura vítrea dos grãos (BV), percentual de grãos inteiros (INT), percentual de grãos quebrados (QB), produtividade de grãos (RG), comprimento da cariopse (CC), largura da cariopse (LG), relação comprimento x largura da cariopse (CL) e percentual de grãos totalmente gessados (GES) nos genótipos de geração F6 e testemunhas de arroz irrigado possuem a variância fenotípica (σ^2_F) influenciada, na maior parte, por fatores genéticos (σ^2_G) e apresentam baixa influência de efeitos ambientais (σ^2_E).

Isso, pode ser comprovado, também, pelos valores de herdabilidade no sentido amplo (H^2), sendo classificados como alta (HALLAUER et al. 1988) Essa herdabilidade representa a variação genética envolvida na variabilidade fenotípica dos genótipos, entretanto não representa a totalidade dos efeitos herdáveis, mas expressa a confiabilidade e representatividade do fenótipo em relação aos efeitos genéticos (FALCONER, 1981).

Tabela 20. Resumo da análise de variâncias e parâmetros genéticos dos caracteres de qualidade de grãos de arroz irrigado das linhagens de geração F6 e testemunhas

FV	GL	AG	BB	DC	BRT	BV	INT	QB	RG	NG
Bloco	2	4,05	0,05	0,01	6,61	1,70	3,11	0,56	80004,85	25433,28
Trat	18	28,48**	0,59**	0,04 ^{ns}	9,62**	7,73**	67,50**	34,87**	83782,81**	114661,90 ^{ns}
Res	36	3,31	0,04	0,04	1,93	0,45	9,22	4,52	11622,01	89055,89
Média		16,03	0,55	0,50	130,37	122,37	55,32	11,80	350,09	1507,14
CV(%)		11,34	36,85	38,14	1,07	0,55	5,49	18,01	30,79	19,80
Parâmetros genéticos										
σ² _F		9,49	0,20	0,01	3,21	2,58	22,50	11,62	27927,60	38220,63
σ² _E		1,10	0,01	0,01	0,64	0,15	3,07	1,51	3874,00	29685,30
σ² _G		8,39	0,18	0,00	2,56	2,43	19,43	10,12	24053,60	8535,34
H²		88,38	93,05	11,91	79,92	94,15	86,34	87,05	86,13	22,33
CVg/CVe		1,59	2,11	0,21	1,15	2,32	1,45	1,50	1,44	0,31
FV	GL		CC	LG	CL	GES	AMA	ARM	MAN	RAJ
Bloco	2		0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01	0,01
Trat	18		0,10**	0,01**	0,04**	0,00**	0,00 ^{ns}	0,00 ^{ns}	0,01**	0,05 ^{ns}
Res	36		0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,04
Média			6,09	1,91	3,19	0,00	0,03	0,07	0,07	0,34
CV(%)			0,79	0,83	0,92	158,33	144,15	72,81	98,05	56,46
Parâmetros genéticos										
σ² _F			0,032	0,002	0,014	0,00	0,00	0,00	0,0038	0,02
σ² _E			0,001	0,000	0,000	0,00	0,00	0,00	0,0014	0,01
σ² _G			0,031	0,002	0,013	0,00	0,00	0,00	0,0024	0,00
H²			97,56	96,09	97,92	93,78	-	-	63,37	18,04
CVq/CVe			3,65	2,86	3,96	2,24	-	-	0,76	0,27

*Significativo a 5% de probabilidade pelo Teste F. **Significativo a 1% de probabilidade pelo Teste F. ^{ns} – não significativo. AG – área gessada total (%); BB - percentual de grãos com barriga branca (%); DC – Defeitos totais de coloração (%); BRT – constante de brancura total; BV – constante de brancura vítrea dos grãos; CC – comprimento da cariopse (mm); LG - largura da cariopse (mm); CL – relação comprimento x largura da cariopse (mm); INT – percentual de grãos inteiros (%) e QB – percentual de grãos quebrados (%); RG – produtividade de grãos (g); NG – número de grãos por amostra de 60g; GES – percentual de grãos totalmente gessados; AMA – percentual de grãos amarelos; ARM - percentual de grãos ardidos e mofados; MAN - percentual de grãos manchados; RAJ – percentual de grãos rajados; FV – Fonte de Variação; Trat – tratamento; Res - Resíduo; CV – Coeficiente de variação; VF – Variação Fenotípica; VE – Variação Ambiental; VG – Variação Genética; CVg/CVe – razão do coeficiente de variação genético e ambiental.

O percentual de grãos manchados (MAN) os resultados também apresentaram uma variância genética, da ordem de 63,37%, entretanto sofrendo uma influência ambiental considerável de 38,84%, desta forma, sendo classificada com herdabilidade no sentido amplo (H²) intermediária. Os demais caracteres, defeitos totais de coloração (DC), número de grãos (NG), percentual de grãos amarelos (AMA), percentual de grãos ardidos e mofados (ARM) e percentual de grãos rajados (RAJ), apresentaram elevada variância ambiental, resultado esperado, que pode ser explicado pela natureza do caráter, bem como pela minuciosidade dos dados, com exceção do número de grãos, onde não houve diferenças significativas

entre os tratamentos, com dados muito similares entre os genótipos oriundos da seleção com enfoque para o tipo de grãos longo fino.

O teste de agrupamento pelo método de Scott Knott (Tabela 21), em nível de 5% de probabilidade, diferenciou em grupos os melhores genótipos para cada caráter individualmente. A área gessada total (AG) apresentou três grupos, e apenas as linhagens PH18102 e PH18302 foram classificadas como do grupo “a” com resultados médios de 11,05% e 8,94% respectivamente, sendo, portanto, consideradas superiores às demais linhagens e cultivares testemunhas. As linhagens PH18101, PH18301, PH18302, PH18501 e PH18502, além das cultivares IRGA 417 e BRS Pampeira, foram classificadas como grupo “a”, superiores para percentual de grãos com barriga branca (BB).

No caráter de brancura total dos grãos (BRT), destacaram-se as linhagens PH18101, PH18301, PH18302, PH18601 e PH18601, sendo consideradas iguais a cultivar BRS Pampeira. Tal caractere representa a quantificação da parte opaca da amostra de grãos representada pela forma de gesso, desta maneira, em termos de qualidade de grãos, busca-se, nos programas de melhoramento genético brasileiros o menor valor para este caráter. Por outro lado, o caráter de brancura vítrea dos grãos (BV), refere-se ao fator de “transparência” (aspecto vítreo) dos grãos, buscando-se sempre no melhoramento valores elevados. Destacam-se como superiores, para este caráter as linhagens PH18202 e PH18401.

Nos caracteres correspondentes a classificação quanto ao tipo de grão, comprimento (CC), largura (LG) e relação comprimento e largura de grão (CL), foram agrupados em diversos grupos, contudo, percebe-se que os resultados médios apontam que todas as linhagens se enquadram como grão longo fino (comprimento ≥ 6 mm, largura $\leq 1,90$ mm e relação comprimento e largura $> 2,75$ mm), segundo Magalhães Jr. et al. (2020). Todos os genótipos foram classificados como do grupo “a” para percentual de grãos totalmente gessados (GES), com exceção da linhagem PH18102. Para o percentual de grãos manchados (MAN) apenas 4 linhagens foram agrupadas no grupo “b”, sendo PH18102, PH18302, PH18601 e PH18602.

Tabela 21. Teste de agrupamentos de médias pelo método de Scott Knott para os 12 caracteres de qualidade de grãos de arroz irrigado das linhagens em geração F6 e testemunhas com diferença significativa ao nível de probabilidade de 5% pelo teste F

TRAT	GEN	AG	BB	BRT	BV	INT	QB	CC	LG	CL	GES	MAN	RG												
1	PH18101	13,85	b	0,31	a	129,30	a	122,49	b	55,06	b	11,23	a	5,98	d	1,88	b	3,18	d	0,00	a	0,07	a	1721,0	c
2	BR IRGA 409	18,44	c	0,55	b	131,69	b	123,04	b	55,80	b	10,36	a	5,86	e	1,91	c	3,08	e	0,00	a	0,02	a	2046,0	c
3	PH18102	11,05	a	0,56	b	130,45	b	121,91	c	63,33	a	6,44	a	6,00	d	1,98	d	3,03	f	0,02	b	0,16	b	3392,5	b
4	PH18103	17,22	c	0,57	b	131,28	b	122,84	b	50,90	c	16,31	c	6,26	b	1,92	c	3,25	c	0,00	a	0,02	a	3351,0	b
5	PH18201	19,82	c	0,57	b	133,61	b	122,77	b	48,97	c	13,64	b	6,22	b	1,97	d	3,16	d	0,00	a	0,06	a	1852,9	c
6	PH18202	20,86	c	1,60	c	132,81	b	124,92	a	51,83	c	13,16	b	6,18	c	2,01	e	3,08	e	0,00	a	0,02	a	2970,1	b
7	BRS PAMPA	17,91	c	0,57	b	131,15	b	122,32	c	58,54	a	8,86	a	6,21	b	1,91	c	3,25	c	0,00	a	0,02	a	5497,2	a
8	PH18301	12,39	b	0,17	a	127,83	a	121,81	c	59,97	a	6,35	a	5,73	f	1,96	d	2,92	g	0,00	a	0,06	a	3911,2	b
9	PH18302	8,94	a	0,19	a	127,70	a	117,61	e	57,47	b	9,65	a	5,89	e	1,89	b	3,11	e	0,00	a	0,18	b	3482,0	b
10	PH18401	19,17	c	1,84	c	131,56	b	124,98	a	43,07	d	19,63	d	6,10	c	1,90	b	3,22	d	0,00	a	0,02	a	1884,0	c
11	PH18402	16,69	c	0,53	b	131,13	b	123,01	b	56,69	b	12,25	b	6,25	b	1,89	b	3,30	b	0,00	a	0,03	a	7781,6	a
12	PH18501	15,42	b	0,16	a	130,57	b	123,22	b	54,89	b	12,07	b	6,35	a	1,86	a	3,41	a	0,00	a	0,08	a	3686,0	b
13	IRGA 417	17,45	c	0,32	a	131,52	b	123,30	b	56,54	b	11,62	b	6,23	b	1,91	c	3,26	c	0,00	a	0,07	a	6232,0	a
14	PH18502	17,25	c	0,33	a	131,34	b	123,21	b	62,38	a	8,30	a	6,12	c	1,89	b	3,24	c	0,00	a	0,03	a	5680,6	a
15	PH18601	14,52	b	0,41	b	127,38	a	121,50	c	53,68	b	12,90	b	5,87	e	1,84	a	3,18	d	0,00	a	0,22	b	6261,4	a
16	PH18602	14,87	b	0,44	b	128,21	a	120,91	d	52,14	c	14,99	c	5,90	e	1,84	a	3,21	d	0,00	a	0,13	b	8008,4	a
17	PH18701	17,02	c	0,61	b	130,89	b	122,63	b	59,24	a	8,66	a	6,22	b	1,90	c	3,28	c	0,00	a	0,01	a	6221,1	a
18	BRS PAMPEIRA	13,60	b	0,14	a	128,10	a	120,58	d	55,17	b	15,58	c	6,27	b	1,88	b	3,33	b	0,00	a	0,04	a	4628,9	a
19	PH18801	18,14	c	0,58	b	130,58	b	121,97	c	55,36	b	12,14	b	6,03	d	1,95	d	3,09	e	0,00	a	0,02	a	5788,3	a

*Médias seguidas pela mesma letra minúscula na vertical não diferem estatisticamente entre si, pelo Teste de agrupamento Scott Knott ao nível de 5% de probabilidade. AG – área gessada total (%); BB – percentual de grãos com barriga branca (%); BRT – constante de branco total; BV – constante de branco vítrea dos grãos; CC – comprimento da cariópse (mm); LG – largura da cariópse (mm); CL – relação comprimento x largura da cariópse (mm); INT – percentual de grãos inteiros (%) e QB – percentual de grãos quebrados (%); RG – produtividade de grãos (kg ha⁻¹); GES – percentual de grãos totalmente gessados; MAN – percentual de grãos manchados. TRAT – tratamento. GEN – genótipo.

Produtores, indústrias e programas de melhoramento genético de arroz afirmam que os caracteres determinantes para o desenvolvimento da cadeia produtiva são o rendimento de engenho, envolvendo percentual de grãos inteiros e grãos quebrados, juntamente com a produtividade de grãos da lavoura, impactando diretamente em seu valor de comercialização e aceitação do produto pelo consumidor (STRECK et al., 2018; MAGALHÃES Jr. et al., 2020).

Dentre as testemunhas, apenas a cultivar BRS Pampa, foi classificada como do grupo “a” para o percentual de grãos inteiros (INT), juntamente com quatro linhagens, com destaque para PH18102 e PH18502, cujos resultados médios ficaram acima de 60% de grãos inteiros (63,33% e 62,38% respectivamente), considerados valores elevados. Streck et al. (2018) apresentou resultados semelhantes com a BRS Pampeira rendimento médio de 63% de grãos inteiros, além de, dados de Magalhães Júnior et al. (2017) rendimentos superiores a 62% para grãos inteiros polidos. A cultivar BRS Pampa na safra de 2011/2012 apresentou rendimento de 65% de grãos inteiros (MAGALHÃES Jr. et al., 2012). Para o percentual de grãos quebrados (QB), as cultivares testemunhas BR-IRGA 409 e BRS Pampa, além de seis linhagens foram classificadas como superiores (grupo “a”), destacando-se a PH18102 (6,44%) e PH18301 (6,35%).

Para produtividade de grãos (RG) os genótipos foram classificados em 3 agrupamentos, sendo consideradas superiores (grupo “a”) as linhagens PH18402, PH18502, PH18601, PH18602, PH18701 e PH18801, bem como as cultivares testemunhas BRS Pampa, BRS Pampeira e IRGA 417. As produtividades médias obtidas neste grupo variaram de 4628 a 8008 kg ha⁻¹, sendo que a média brasileira é de aproximadamente 6000 kg ha⁻¹ (CONAB, 2020). Estas produtividades médias também foram demonstradas por Sartori et al. (2011), Streck et al. (2018) e Streck et al. (2019).

Cabe salientar que todas cultivares de arroz irrigado utilizadas como testemunhas são amplamente conhecidas por apresentarem características de interesse agrônomo, alta produtividade e elevada qualidade de grãos, sendo utilizadas em outros trabalhos de pesquisa na cultura do arroz irrigado (MAGALHÃES JR et al., 2017; CHAMPAGNE et al., 2010). Desta forma, os resultados obtidos pelas linhagens avançadas (F6) demonstram ótimo potencial.

A correlação linear de Pearson foi calculada com o intuito de avaliar o grau de relacionamento linear entre dois caracteres (Figura 3). A partir dos 19 genótipos de

arroz irrigado estudados aqui, foram obtidos 51 pares de correlações genotípicas significativas entre os caracteres. Entretanto, somente 18 pares resultaram em correlações de altas magnitudes. A correlação negativa de maior magnitude foi encontrada entre percentual de grãos inteiros e percentual de grãos quebrados, sendo de -0,81, o que já era esperado, visto que ambos os caracteres são decorrentes da variação inversa da estrutura física dos grãos.

Além disso, o percentual de grãos inteiros (INT) apresentou altas correlações negativas com os caracteres relacionados a gesso, área gessada total, barriga branca e brancura total. Estes resultados corroboram com o proposto por Liu et al. (2009) onde os grãos gessados possibilitam uma maior facilidade em quebrar os grãos no beneficiamento. Os grãos gessados ocorrem pelo arranjo de maneira desordenada entre as moléculas de amido e proteína, causado por condições adversas de clima e de cultivo, bem como devido a fatores genéticos (FITZGERALD et al., 2009). De forma contrária, houve correlações positivas para o percentual de grãos quebrados com os demais caracteres acima citados.

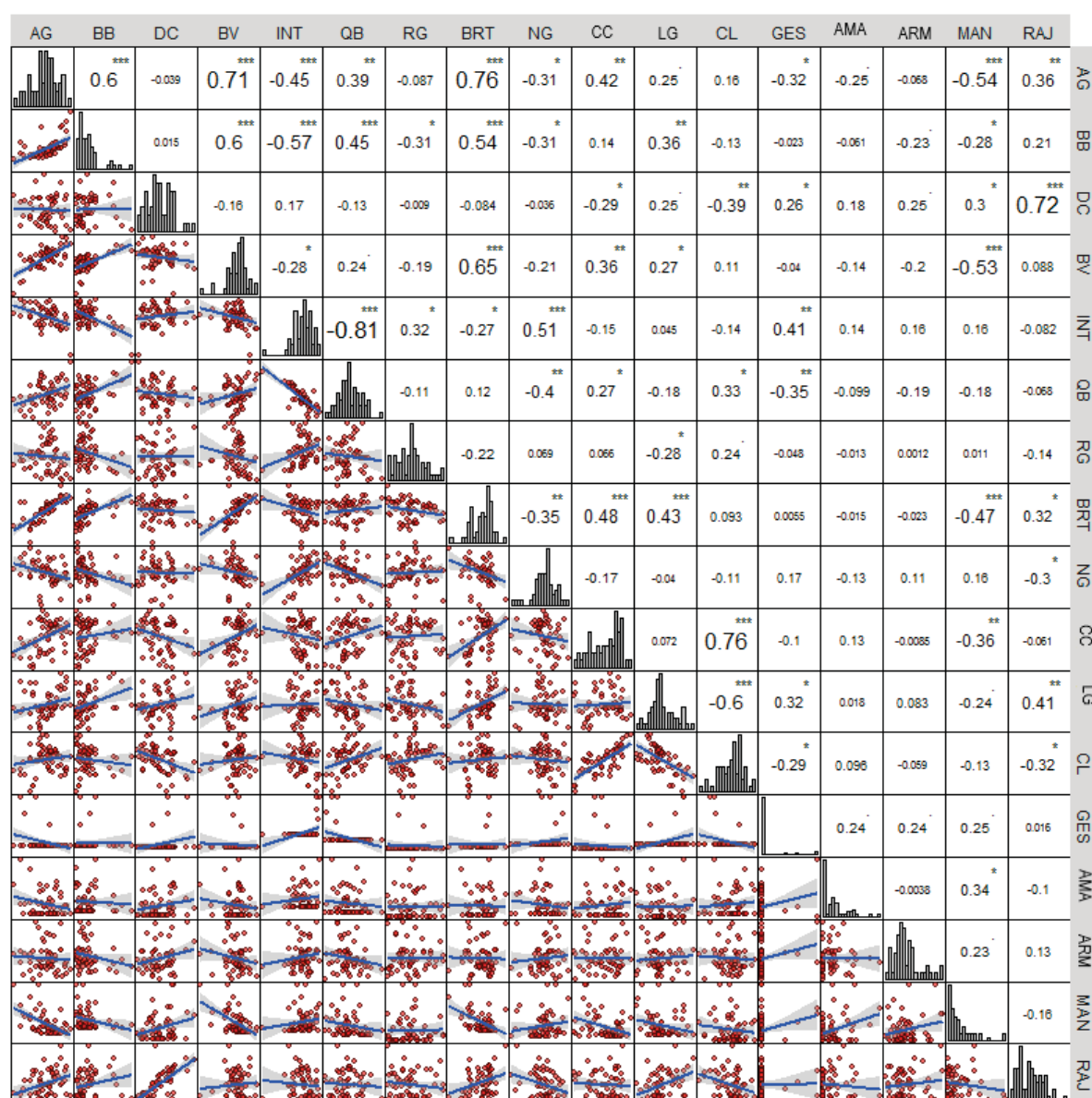


Figura 3. Correlação linear de Pearson entre os caracteres de qualidade de grãos de arroz irrigado dos 19 genótipos de arroz irrigado. *, ** e *** indicam as diferenças significativas em níveis de $P < 0,05$, $P < 0,01$ e $P < 0,001$, respectivamente. AG – área gessada total (%); BB - percentual de grãos com barriga branca (%); DC – Defeitos totais de coloração (%); BRT – constante de brancura total; BV – constante de brancura vítrea dos grãos; CC – comprimento da cariopse (mm); LG - largura da cariopse (mm); CL – relação comprimento x largura da cariopse (mm); INT – percentual de grãos inteiros (%) e QB – percentual de grãos quebrados (%); RG – produtividade de grãos (g); NG – número de grãos por amostra de 60g; GES – percentual de grãos totalmente gessados; AMA – percentual de grãos amarelos; ARM - percentual de grãos ardidos e mofados; MAN - percentual de grãos manchados; RAJ – percentual de grãos rajados.

Os caracteres de tamanho de grãos (CC, LG, CL) apresentaram correlações significativas entre si, além disso, resultaram em correlações positivas de magnitudes intermediárias para os caracteres de gesso (AG, BB e BRT). Contudo, segundo Nikam et al. (2014) estes caracteres, principalmente o comprimento de grãos, apontam uma associação de importância relativa com a composição química

do arroz, sendo utilizado como estratégia de seleção para melhorar o comprimento do grão junto com a qualidade do cozimento.

Correlações importantes também foram encontradas com a produtividade de grãos (RG), sendo de função positiva com o percentual de grãos inteiros (INT) com magnitude de 0,32, e correlação negativa com barriga branca com magnitude de - 0,31, tornando possível uma seleção complementar entre estes caracteres.

Cabe ressaltar a importância da análise de correlações lineares, pois permite a seleção simultânea para dois caracteres com presença de correlação genética significativa, o que pode gerar ganhos genéticos potenciais de grande valia para o programa de melhoramento genético, reduzindo consideravelmente o tempo de trabalho do melhorista, bem como, aumentando a eficiência.

Na análise de correlações canônicas (Tabela 22) os caracteres foram divididos em dois grupos, sendo o grupo 1 composto pelos caracteres voltados a produtividade, e o grupo 2, pelos caracteres direcionados a qualidade de grãos em arroz. Dois pares canônicos entre caracteres do grupo 1 e 2 foram encontrados para os genótipos de arroz em estudo, contudo apenas o primeiro par canônico demonstrou-se significativo. A elevada magnitude dos coeficientes de correlação canônica evidenciou alta dependência entre os dois grupos de caracteres no primeiro par canônico.

Os resultados apresentaram correlação $r=0,81$ entre os grupos, por meio do primeiro par canônico. A produtividade de grãos e número de grãos (grupo 1) foram diretamente relacionados à percentual de grãos inteiros, grãos gessados e grãos manchados, entretanto inversamente relacionados a área gessada total, barriga branca, brancura total, brancura vítrea, percentual de grãos quebrados e defeitos de coloração (grupo 2). Esta correlação entre produtividade de grãos e percentual de grãos inteiros foi de alta magnitude e em sentido positivo, sendo muito importante, considerando-se que estes são os dois principais caracteres buscados pelos melhoristas (MAGALHÃES JR. et al., 2020).

Tabela 22. Correlação canônica entre as cargas dos caracteres de produtividade (grupo 1) e os caracteres de qualidade de grãos (grupo 2) dos 19 genótipos de arroz irrigado.

Caráter	Par Canônico	
	1º	2º
Grupo 1		
RG	0,4144	0,3170
NG	0,6481	0,0505
CC	-0,3176	0,4715
LG	-0,2988	0,0834
CL	-0,0562	0,3166
Grupo 2		
AG	-0,5283	0,3633
BB	-0,6176	0,0719
DC	-0,2134	-0,1186
BV	-0,4648	0,1589
INT	0,6225	0,0347
QB	-0,4217	0,0139
BRT	-0,5201	0,3532
GES	0,1947	0,1644
AMA	-0,134	0,0078
ARM	0,0675	-0,0282
MAC	0,2782	-0,3034
RAJ	-0,3454	-0,002
r	0,8012	0,6783
p	<,0001	0,0152

AG – área gessada total (%); BB - percentual de grãos com barriga branca (%); DC – Defeitos totais de coloração (%); BRT – constante de brancura total; BV – constante de brancura vítrea dos grãos; CC – comprimento da cariopse (mm); LG - largura da cariopse (mm); CL – relação comprimento x largura da cariopse (mm); INT – percentual de grãos inteiros (%) e QB – percentual de grãos quebrados (%); RG – produtividade de grãos (g); NG – número de grãos por amostra de 60g; GES – percentual de grãos totalmente gessados; AMA – percentual de grãos amarelos; ARM - percentual de grãos ardidos e mofados; MAN - percentual de grãos manchados; RAJ – percentual de grãos rajados. r- correlações canônicas; p- probabilidade.

Portanto, a seleção de genótipos superiores para produtividade, pode basear-se na escolha de plantas com elevada produtividade de grãos e número de grãos obviamente, contribuindo, indiretamente, para melhor qualidade dos grãos, principalmente da estruturação das moléculas de amilose e amilopectina, com reflexos positivos pela diminuição das áreas de gesso, além de aumento do rendimento de grãos inteiros.

Os caracteres de tamanho e forma de grãos (grupo 1) demonstraram-se inversamente correlacionados com o percentual de grãos inteiros (grupo 2). Estas correlações corroboram com as afirmações de Farias Filho & Ferraz Júnior (2009) e Maghelly et al. (2020), onde o rendimento de grãos inteiros é afetado pelo tamanho e forma do grão, concluindo que genótipos com maior comprimento e menor largura apresentaram os menores rendimentos de grãos inteiros.

O dendrograma obtido pelas distâncias generalizadas de Mahalanobis (Figura 4) estabeleceu seis grupos distinguíveis entre si quanto às distâncias genéticas presentes, a partir da contribuição relativa dos caracteres avaliados através do método de agrupamento de Toucher, sendo que cada grupo apresentou variações quanto ao número de subgrupos. Pode-se observar que os genótipos foram agrupados principalmente pela característica de tipo de grão, na qual as linhagens com a presença dos genitores com grãos não classificados como longo e fino, BR-IRGA 409 (grãos intermediários) e 86014-TR891-7-2-1 (grãos arredondados), foram agrupadas separadamente dos demais genótipos (agrupamentos preto, amarelo e marrom).

O maior agrupamento conta com nove genótipos (agrupamento azul), sendo composto pelas cultivares e linhagens originadas em sua maioria pelos genitores BRS Pampa, BRS Pampeira, Puitá INTA CL, IRGA 417, bem como outras linhagens elites do programa de melhoramento, que apresentam estas cultivares em suas genealogias. Estas quatro cultivares possuem similaridades no que se refere a estrutura de planta, sendo do tipo moderno filipino, alta capacidade de emitir afilhos, colmos robustos e curtos (porte baixo), folhas eretas, com grãos longo e fino (RANGEL et al., 1992), conhecidas também pelos bons atributos físicos de qualidade de grãos principalmente por baixa incidência de caracteres de gesso. Estes resultados de similaridade deste grupo corroboram com a análise realizada por Streck et al. (2017) na qual estas cultivares foram agrupadas muito próximas, utilizando-se de um experimento com dendrograma obtido a partir da matriz de dissimilaridade através dos caracteres qualitativos de 92 acessos de arroz, pelo método de Ligação Média entre Grupo (UPGMA).

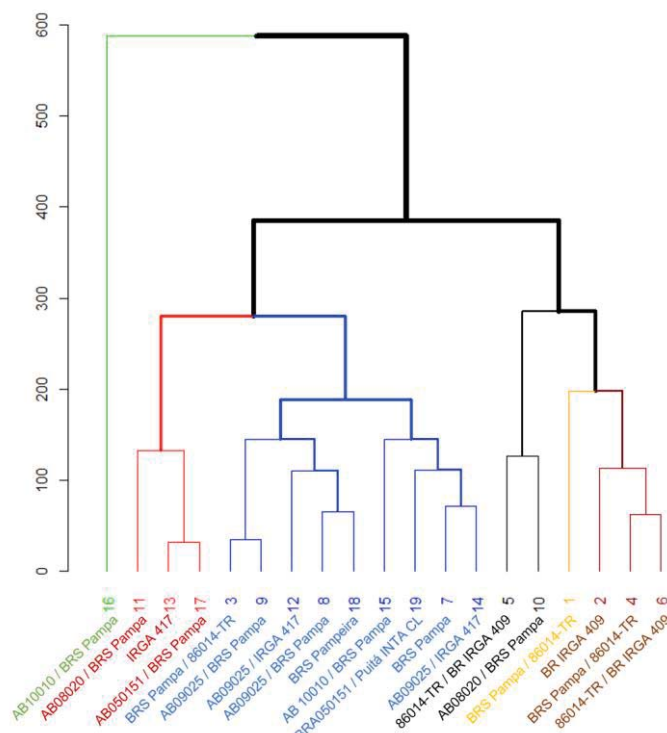


Figura 4. Dendrograma da distância genética dos genótipos de arroz irrigado para os caracteres de estudados em arroz irrigado.

Enquanto o menor agrupamento teve apenas um genótipo (agrupamento verde), sendo a linhagem PH18602, originada do cruzamento da linhagem elite do programa de melhoramento da Embrapa AB10010 e a cultivar BRS Pampa. Seguido por outro agrupamento com três genótipos: as linhagens PH18402, PH18701 e a cultivar IRGA 417 (agrupamento vermelho). Estes dois agrupamentos são os mais distantes geneticamente dos demais genótipos, sendo que o rendimento de grãos foi o caráter que mais colaborou para a diferença, sendo compostos pelos genótipos mais produtivos.

Análise dos Componentes Principais (PCA) é um método estatístico linear que encontra os autovalores e autovetores da matriz de covariância dos dados e, com esse resultado, pode-se realizar a redução dimensional dos dados e analisar os padrões principais de variabilidade presentes (HONGYU et al., 2015). A Figura 5 mostra o gráfico de pesos para os dois primeiros componentes principais. De maneira geométrica, os pesos correspondem aos cossenos dos ângulos que os componentes principais (PC) fazem com os caracteres originais, estes pesos na combinação linear são responsáveis por definir cada Componente Principal (LYRA et al., 2010).

Com base nos resultados obtidos pela técnica dos componentes principais, os respectivos autovalores e porcentagens da variância explicada por cada um, foram previamente testados, os dois primeiros PCs foram responsáveis por explicar 54,40% da variação total, sobre os caracteres de qualidade e rendimento de grãos dos genótipos de arroz irrigado estudados, em que o PC1 foi responsável por 33,50% e o segundo, PC2, por 20,90% das variações dos dados.

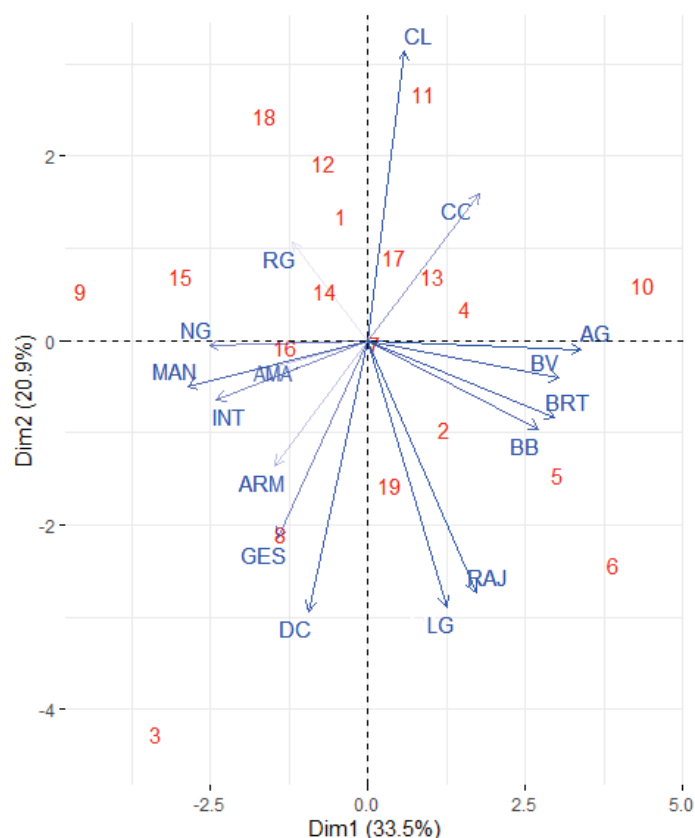


Figura 5. Gráfico dos pesos de PC1 (Dim1) e PC2 (Dim2) para dezesseis propriedades: AG – área gessada total (%); BB - percentual de grãos com barriga branca (%); DC – Defeitos totais de coloração (%); BRT – constante de brancura total; BV – constante de brancura vítrea dos grãos; CC – comprimento da cariopse (mm); LG - largura da cariopse (mm); CL – relação comprimento x largura da cariopse (mm); INT – percentual de grãos inteiros (%) e QB – percentual de grãos quebrados (%); RG – rendimento de grãos (g); NG – número de grãos por amostra de 60g; GES – percentual de grãos totalmente gessados; AAR – percentual de grãos amarelos; ARF - percentual de grãos ardidos e mofados; MAN - percentual de grãos manchados; RAJ – percentual de grãos rajados.

Liu et al. (2021) explicaram a variância do estudo de identificação de *loci* genéticos que controlam a covariância entre os elementos minerais no genoma de arroz, PC1 e PC2 juntos resultaram na proporção da variância de 34% (grãos em casa de vegetação) a 47% (raízes cultivadas em hidroponia). Enquanto Nihad et al.

(2021) observaram em sete componentes de rendimento de arroz, morfológicos e por SSR (Sequência Simples Repetidas), de 44 genótipos suscetíveis e resistentes a vírus tungro do arroz, os PC1, PC2, PC3 e PC4 apresentaram variações de 17,43%, 7,93%, 6,32% e 5,59%, respectivamente e no total implicaram variação de 32,27% entre os genótipos. Desta forma, percebe-se que o valor obtido com os resultados explica um valor considerado elevado na variação deste estudo, mesmo apenas com dois componentes principais.

O gráfico de dispersão entre PC1 e PC2 (Figura 5) com base no biplot demonstrou agrupamento de genótipos de arroz em relação aos caracteres de grãos gessados (AG, BV, BRT e BB) enfatizando a afinidade entre os mesmos. O tratamento 5 (linhagem PH18201) originária do cruzamento entre 86014-TR891-7-2-1 e BR-IRGA 409 apresentou a maior afinidade com este agrupamento dos caracteres gessados. Inversamente a este agrupamento, no quadrante oposto, se encontra apenas o rendimento de grãos, corroborando com as outras análises de correlações deste estudo, que apresentaram maior afinidade com a linhagem PH18502.

Outra afinidade entre caracteres observadas no gráfico de dispersão se refere a relação comprimento x largura e o comprimento de grãos, sendo esta já esperada. Inversamente correlacionado, no quadrante oposto, está o agrupamento de afinidade entre os caracteres de percentual de grãos inteiros, número de grãos, percentual de grãos manchados e percentual de grãos amarelos. Cabe ressaltar também as afinidades dos caracteres em relação aos genótipos, a linhagem PH18301 (tratamento 8) teve grande afinidade com o percentual de grãos totalmente gessados, a linhagem PH18602 (tratamento 16) com o percentual de grãos amarelos e a linhagem PH18402 (tratamento 11) com a relação comprimento x largura dos grãos. Estes resultados podem fornecer uma informação de base para a conservação e uso da variabilidade genotípica destes caracteres nos genótipos de arroz no programa de melhoramento.

5.6 Conclusão

Existe variabilidade fenotípica entre os genótipos de arroz analisados.

As linhagens PH18502 e PH18701 apresentaram melhor desempenho agrônomo, desejável para os caracteres estudados, pela análise univariada, sendo muito promissoras para um futuro lançamento como cultivares.

As correlações lineares e correlações canônicas apresentadas, demonstram-se potenciais na direção de seleção de múltiplos caracteres, além disso, apontam também a possibilidade de seleção indireta entre os caracteres de grande importância agrônoma.

As análises multivariadas constituem uma ferramenta de elevada importância para auxiliar na caracterização e seleção de genótipos de arroz irrigado.

5.7 Referências

- ASANTE, M. D. **Breeding Rice for Improved Grain Quality**. In: Li, J.Q. 2017. *Advances in International Rice Research*. Intech Open. 2017.
- BENITEZ, L. C.; DA SILVA RODRIGUES, I. C.; ARGE, L. W. P.; et al. Análise multivariada da divergência genética de genótipos de arroz sob estresse salino durante a fase vegetativa. **Revista Ciência Agrônoma**, v. 42, n. 2, p. 409–416, 2011.
- BHERING, L. L. Rbio: A tool for biometric and statistical analysis using the R platform. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.17, p.187-190, 2017.
- CALINGACION, M.; LABORTE, A.; NELSON, A.; et al. Diversity of global rice markets and the science required for consumer-targeted rice breeding. **PLoS One**, v.9, n.1, p.1–12, 2014.
- CARVALHO, I. R.; DE SOUZA, V. Q.; NARDINO, M.; et al. Correlações canônicas entre caracteres morfológicos e componentes de produção em trigo de duplo propósito. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 50, n. 8, p. 690–697, 2015.
- CARVALHO, I. R.; NARDINO, M.; DEMARI, G. H.; et al. Biometry and Genetic Breeding of Dual-Purpose Wheat Biometry and Genetic Breeding of Dual-Purpose. **Intern. J. Cur. Res.** v.8, n.7, p.34539-34545, 2016.
- CARVALHO, I. R.; SZARESKEI, V. J.; MAMBRIN, R. B.; et al. Biometric models and maize genetic breeding: A review. **Australian Journal of Crop Science**, v. 12, n. 11, p. 1796–1805, 2018.

CHAMPAGNE, E. T.; BETT-GARBER, K. L.; FITZGERALD, M. A.; et al. Important sensory properties differentiating premium rice varieties. **Rice**, v.3, p.270-281, 2010.

CONAB. **Acompanhamento de Safra Brasileira de Grãos**: Levantamento - Setembro de 2020. Disponível em: www.conab.com.br Acesso em: 25 de nov. 2020.

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2.ed. Viçosa: UFV, 2006. 585p.

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

CUEVAS, R. P.; PEDE, V. O.; MCKINLEY, J.; et al. Rice grain quality and consumer preferences: a case study of two rural towns in the Philippines. **PloSOne**, v.11, n.3, p. 1–17, 2016.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 1981. 279p.

FARIAS FILHO, M. S.; FERRAZ JUNIOR, A. S. L. A cultura do arroz em sistema de vazante na baixada maranhense, periferia do sudeste da Amazônia. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 39, n. 2, p. 82-91, 2009.

FERREIRA, D. F. **Estatística Multivariada**. Lavras, Editora UFLA. 2 ed. 29p. 2011.

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.

HALLAUER AR, CARENA MJ, MIRANDA FILHO JB. **Quantitative Genectic in Maize Breeding**, 2.ed. Iowa State: University Press Ames. 650p. 1988.

HONGYU, K.; SANDANIELO, V. L. M.; OLIVEIRA-JR, G. J. Principal Component Analysis: theory, interpretations and applications. **Engineering and Science**, v.1, p. 83–90, 2015.

HOSAN, S. M.; SULTANA, N.; IFTEKHARUDDUALA, K. M.; AHAMED, N. U.; MIA, S. Genetic divergence in landraces of Bangladesh rice (*Oryza sativa* L.). **The Agriculturists**, v.8, p. 28-34, 2010.

KHATTREE, R.; NAIK, D. N. **Applied Multivariate Statistics with SAS Software**. 2 ed. Cary, NC. United States. 368p. 2018.

LIN, Z.; WANG. Z.; ZHANG, X.; et al. Complementary proteome and transcriptome profiling in developing grains of a notched-belly rice mutant reveals key pathways involved in chalkiness formation. **Plant and Cell Physiology**, v.58, p. 560–573, 2017.

LIU, Q. H. et al. Effects of Chalkiness on Cooking, Eating and Nutritional Qualities of Rice in Two indica Varieties. **Rice Science**, v. 16, n. 2, p. 161–164, 2009.

LIU, H.; LONG, S. X.; PINSON, S. R. M.; et al. Univariate and Multivariate QTL Analyses Reveal Covariance Among Mineral Elements in the Rice Ionome. **Frontiers in Genetics**, v.12, n.1, 2021.

LYRA, W. DA S.; SILVA, E. C. DA; ARAÚJO, M. C. U. DE; et al. Classificação periódica: um exemplo didático para ensinar análise de componentes principais. **Química Nova**, v. 33, n. 7, p. 1594–1597, 2010.

MAGALHÃES JÚNIOR, A.M. de; MORAIS, O.P. de; FAGUNDES, P.R.R.; et al. **BRS Pampa: cultivar de arroz irrigado de alta produtividade e excelência na qualidade de grãos**. Pelotas: Embrapa Clima Temperado, 2012. 8p. (Embrapa Clima Temperado. Comunicado técnico, 282).

MAGALHÃES JR, A.M.; MORAIS, O.P.; FAGUNDES, P.R.R.; et al. BRS Pampeira: new irrigated rice cultivar with high yield potential. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.17, p.78-83, 2017. DOI: 10.1590/1984-70332017v17n1c13.

MAGALHÃES JR., A. M.; STRECK, E. A.; AGUIAR, G. A.; FACCHINELLO, P. H. K. Industrial Quality. In: Oliveira, A. C.; Pegoraro, C.; Viana, V. E. **The Future of Rice Demand: Quality Beyond Productivity**. 1 ed. Springer Nature Switzerland AG, Cap. 3, p. 47-67, 2020.

MAGHELLY, O. R.; OGLIARI, J. B.; DE SOUZA, R.; et al. Milling yield components of local dryland rice varieties. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 50, p. 1–9, 2020.

MASSART, D. L.; VANDEGINSTE, B. G. M.; BUYDENS, L. M. C.; et al. **Handbook of chemometrics and qualimetrics: part A**. Elsevier Science B. V., Amsterdam. 1998.

MOREIRA, R. M. P et al. Potencial agrônômico e divergência genética entre genótipos de feijão-vagem de crescimento determinado. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 30, suplemento 1, p. 1051-1060, 2009.

MORRISON, D.F. **Multivariate statistical methods**. Tokyo, Mc Graw Hill, 85p. 1978.

NIHAD, S. A. I.; MANIDAS, A. C.; HASAN, K.; et al. Genetic variability, heritability, genetic advance and phylogenetic relationship between rice tungro virus resistant and susceptible genotypes revealed by morphological traits and SSR markers. **Current Plant Biology**, v. 25, p. 100194, 2021.

NIKAM, V. S.; TAKLE, S. R.; PATIL, G. B.; et al. Genetic analysis and character association studies of physical and cooking quality traits in rice (*Oryza sativa* L.). **Electronic Journal of Plant Breeding**, v. 5, n. 4, p. 765–770, 2014.

PANDA, D.; SAHU, N.; BEHERA, P. K.; LENKA, K. Genetic variability of panicle architecture in indigenous rice landraces of Koraput region of Eastern Ghats of India for crop improvement. **Physiology and Molecular Biology of Plants**, v. 26, n. 10, p. 1961–1971, 2020.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentation in genetics and plant breeding**. Lavras: UFLA, 2012. 326 p. 2012.

RANGEL, P. H. N.; ZIMMERMANN, F. J. P.; NEVES, P. de C. F. El CNPAF investiga: decrece en Brasil el rendimiento del arroz de riego? Arroz em Las Américas, Cali, v.13, n.1, p.2-4, 1992.

SARTORI, G. M. S.; MARCHESAN, E.; LUZ, D. S.; et al. Fertilizer management in áreas with soil residual of imidazolinone herbicides: effects on alga e growth and irrigated rice yield. **Ciência Rural**, v.41, n.8, p.1323-1330, 2011.

SOSBAI – Sociedade Sul-Brasileira de Arroz Irrigado. **Arroz irrigado: Recomendações Técnicas da Pesquisa para o Sul do Brasil**. Pelotas-RS: SOSBAI, 2016.

SOUZA, J. R.; FERREIRA, E.; CARGNELUTTI FILHO, A.; et al. Divergência genética de cultivares de arroz quanto à resistência a *Tibraca limbativentris* Stål (Hemiptera: Pentatomidae). **Neotropical Entomology**, v. 38, n. 5, p. 671–676, 2009.

STRECK, E. A.; AGUIAR, G. A.; FACCHINELLO, P. H. K.; et al. Desempenho agrônomo de cultivares de arroz sob sistema de irrigação por aspersão e inundação. **Rev. Bras. Cienc. Agrar.**, Recife, v.14, n.3, p. e5661, 2019.

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.; FAGUNDES, P. R. R.; et al. Adaptability and stability of flood-irrigated rice cultivars released to the subtropical region of Brazil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.53, n.10, p.1140-1149, 2018.

SZARESKI, V. J.; CARVALHO, I. R.; KEHL, K.; et al. Genetic and phenotypic multi-character approach applied to multivariate models for wheat industrial quality analysis. **Genetics and Molecular Research**, v. 18, n. 3, p. 1–14, 2019

TAKESHI A (2019) Análise em amostras de arroz através de imagem digital. **S21 rice statistical analyzer**. Disponível em: <https://www.linkedin.com/pulse/an%C3%A1lise-em-amostras-de-arroz-atrav%C3%A9s-imagem-digital-takeshi-suzuki/>. Acesso em 20 Set 2019.

TERRES, L.R. et al. Correlações entre Gerações Segregantes para caracteres de Qualidade de Grãos em Arroz Irrigado. In: Anais XI Congresso Brasileiro de Arroz Irrigado. Balneário Camboriú, SC, Brasil. EPAGRI/SOSBAI. 2019.

VICINI, L. **Análise multivariada da teoria à prática.** Monografia (especialização) – Universidade Federal de Santa Maria, UFSM, CCNE, 2005. 215p.

6. Considerações finais

Para que os programas de melhoramento de arroz irrigado tornem-se cada vez mais eficientes no desenvolvimento de todos os processos e tomadas de decisões é de suma importância o conhecimento e a compreensão da genética dos caracteres agronômicos desejados, isto torna possível a obtenção de genótipos com elevado potencial genético e futuros lançamentos de novas cultivares superiores.

Com isso, acredita-se que os resultados desta tese proporcionaram benefícios técnicos e práticos para futura condução de um programa de melhoramento de arroz, direcionado a obtenção de cultivares com caracteres físicos de qualidade de grãos de arroz desejáveis para o consumidor brasileiro.

De posse do conhecimento das estimativas dos parâmetros genéticos e do modo de ação gênica predominante para os caracteres de área gessada total, percentual de grãos com barriga branca, defeitos totais de coloração, comprimento da cariopse, largura da cariopse, relação comprimento x largura da cariopse, rendimento de grãos inteiros e rendimento de grãos quebrados, percentual de grãos gessados, brancura total e brancura vítrea, estudados irão permitir uma melhor eficiência nos programa de melhoramento genético.

Além disso, os resultados demonstraram que pode ser obtido ganhos nos caracteres de qualidade de grãos de arroz, com seleção em gerações precoces, principalmente com a utilização de novas tecnologias de mensuração destes caracteres. Através da utilização da variabilidade genética já existente nos programas de melhoramento genético de arroz, podem ser obtidos futuros ganhos concisos para a qualidade de grãos.

Esta tese possui informações que podem ser utilizadas como ferramentas, com intuito de auxiliar o melhorista na definição novas estratégias eficientes que proporcionarão o desenvolvimento de genótipos superiores e lançamento de novas cultivares de arroz.